

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

**Avaliação de progênies  $F_{2:4}$  de uma população de soja  
e perspectivas de melhoramento**

**Guilherme José Farias**

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

**Piracicaba  
2008**

**Guilherme José Farias  
Engenheiro Agrônomo**

**Avaliação de progênies  $F_{2:4}$  de uma população de soja  
e perspectivas de melhoramento**

Orientador:  
Prof. Dr. **ISAIAS OLÍVIO GERALDI**

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

**Piracicaba  
2008**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP**

Farias, Guilherme José

Avaliação de progênies  $F_{2:4}$  de uma população de soja e perspectivas de melhoramento /  
Guilherme José Farias. - - Piracicaba, 2008.

61p. : il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.  
Bibliografia.

1. Correlação genética e ambiental 2. Melhoramento genético vegetal 3. Populações  
vegetais 4. Seleção genética 5. Soja 6. Variação genética em plantas I. Título

CDD 633.34

F224a

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

**Aos meus avós**

**DEDICO**

**Aos meus pais**

**OFEREÇO**

## AGRADECIMENTOS

Meus sinceros agradecimentos a todas as pessoas que tornaram possível a realização deste trabalho:

À Universidade de São Paulo e à ESALQ por todas as oportunidades oferecidas desde a minha graduação;

Ao professor Isaias Olívio Geraldi, pelos ensinamentos, orientação e apoio fornecidos durante todos esses anos;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de estudos concedida;

Aos colegas de laboratório José Manoel Colombari Filho, Marco Antonio Acevedo Barona, Larissa Pereira de Castro, Márcia Barreto de Medeiros Nóbrega, Agnaldo Donizete Ferreira de Carvalho e Rosa Maria Alvarez Parra pelo bom convívio e toda ajuda na execução dos experimentos, nas análises e no desenvolvimento da dissertação;

Aos funcionários do laboratório Fernandes de Araújo e Gustavo Alexandre Perina pelo bom convívio e a imprescindível ajuda prestada na condução dos meus experimentos;

Aos funcionários de campo do Departamento de Genética da ESALQ/USP de Piracicaba e da Estação Experimental Anhembi, pelo empenho e cuidado na condução de todas as etapas dos experimentos e sem os quais seria impossível realizá-los;

Aos professores e funcionários do Departamento de Genética e do Departamento de Ciências Exatas pela contribuição à minha formação acadêmica;

A todos os colegas de Pós-Graduação pelo bom convívio, pela valiosa troca de experiências e por toda ajuda prestada durante o curso;

À minha noiva Rafaelle, pelo apoio, paciência e dedicação em todas as horas;

Aos meus pais, Valter e Lourdes, a quem eu devo TUDO o que sou hoje.

**MUITO OBRIGADO!**

***“Sofrer, é só uma vez.  
Vencer, é para a eternidade.”***

***Søren Kierkegaard***

## SUMÁRIO

RESUMO.....	7
ABSTRACT .....	8
LISTA DE TABELAS .....	9
LISTA DE SIGLAS .....	11
1 INTRODUÇÃO .....	12
2 DESENVOLVIMENTO .....	14
2.1 Revisão Bibliográfica.....	14
2.1.1 A Cultura da Soja .....	14
2.1.1.1 Origem e Botânica .....	14
2.1.1.2 Expansão e Evolução Econômica.....	14
2.1.2 Importância da Estimação de Parâmetros.....	16
2.1.2.1 Herdabilidade.....	17
2.1.2.2 Correlações entre Caracteres.....	22
2.1.2.3 Ganho Esperado com Seleção .....	25
2.2 Material e Métodos.....	29
2.2.1 Execução Experimental .....	29
2.2.2 Características do Local .....	30
2.2.3 Delineamento e Características dos Experimentos .....	31
2.2.4 Caracteres Avaliados.....	32
2.2.5 Análises Estatístico-genéticas .....	32
2.2.5.1 Modelo Matemático para Análise de Variância .....	32
2.2.5.2 Médias Ajustadas.....	34
2.2.5.3 Análises de Covariância .....	34
2.2.5.4 Estimação dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos .....	35
2.2.5.5 Estimação dos Erros Associados às Estimativas.....	38
2.3 Resultados e Discussão .....	40
2.3.1 Análises de Variância .....	40
2.3.2 Estimativas de Parâmetros.....	46
2.3.3 Análises de Covariância .....	50
2.3.3.1 Correlação entre Caracteres.....	50
2.3.4 Resposta à Seleção.....	52
2.3.5 Considerações Finais .....	54
3 CONCLUSÕES .....	55
REFERÊNCIAS.....	56

## RESUMO

### **Avaliação de progênies $F_{2:4}$ de uma população de soja e perspectivas de melhoramento**

Os objetivos do presente trabalho compreenderam a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, como variâncias, correlações, herdabilidades e respostas à seleção, em uma população derivada do cruzamento entre as linhagens 14 e 56 de soja, contrastantes para produção de grãos. Os tratamentos consistiram de uma amostra de 89 progênies  $F_{2:4}$  e 11 testemunhas comerciais, que foram avaliadas em experimentos em látice triplo 10 x 10 no ano agrícola 2007/08 na Estação Experimental Anhembi do Departamento de Genética da ESALQ/USP, localizada em Piracicaba, SP. A parcela experimental foi constituída de uma linha de 2 m de comprimento, espaçada de 0,5 m, contendo 35 plantas no estande ideal, após o desbaste. Foram avaliados os seguintes caracteres: dias até a maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM), acamamento (AC) e produção de grãos (PG). As estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de progênies foram: elevada para AM (77,4%), mediana para DM (32,3%) e baixas para AC e PG (18,1% e 19,0%, respectivamente). Entretanto, os coeficientes de variação genética foram muito baixos para DM e AC (0,37% e 1,61%, respectivamente), e mais altos para AM e PG (6,80% e 6,83%, respectivamente), indicando a ocorrência de pouca variabilidade genética para DM e AC e, conseqüentemente, poucas perspectivas de resposta à seleção. O coeficiente de correlação genética entre AM e PG foi alto ( $r_g = 0,67$ ), indicando que a seleção para PG deve resultar em plantas mais altas. A estimativa da resposta com seleção das 20% progênies mais produtivas foi de 4,5%, e a resposta correlacionada em AM foi de 3,8%. Devido à baixa variabilidade genética, as respostas correlacionadas esperadas em DM e AC foram muito pequenas. Os resultados indicam que a população pode ser melhorada somente para os caracteres PG e AM.

Palavras-chave: Soja; Parâmetros genéticos; Herdabilidade; Resposta à seleção

## ABSTRACT

### **Evaluation of F<sub>2:4</sub> progenies of a soybean population and breeding perspectives**

This paper was carried out in order to estimate genetic and phenotypic parameters, such as variances, heritabilities, correlations and expected response to selection in a population derived from the cross between inbred lines 14 and 56 of soybeans, divergent for grain yield. Entries consisted of a sample of 89 F<sub>2:4</sub> progenies and 11 commercial checks, evaluated in a triple 10 x 10 lattice design in the 2007/08 growing season at Anhembi Experimental Station of the Genetics Department (ESALQ/USP), near Piracicaba, SP. Plots were single 2-meter-long rows spaced 0.5 m apart, with 35 plants after thinning. The following traits were evaluated: days to maturity (DM), plant height at maturity (AM), lodging (AC) and grain yield (PG). Heritability estimates on a progeny mean basis were high for AM (77.4%), medium for DM (32.3%) and low for AC and PG (18.1% and 19.0%, respectively). However, genetic coefficients of variation were very low for DM and AC (0.37% and 1.61%, respectively) and higher for AM and PG (6.80% and 6.83%, respectively), which indicates low genetic variability for DM and AC and, consequently, small perspectives of response to selection. Genetic correlation coefficient between AM and PG was high ( $r_g = 0.67$ ), indicating that selection for higher PG will result in taller plants. Expected response based on selection of the 20% high yielding progenies was 4.5%, and the correlated response in AM was 3.8%. The correlated response in DM and AC were very low, due to the low genetic variability. General results have shown that the population can be improved only for the traits PG and AM.

Keywords: Soybean; Genetic parameters; Heritability; Response to selection

## LISTA DE TABELAS

- Tabela 1 – Esquema de análise de variância do látice, com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados, considerando o modelo aleatório ..... 33
- Tabela 2 – Esquema de análise de covariância, com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados, considerando o modelo aleatório ..... 34
- Tabela 3 – Resumo dos dados referentes às quatro variáveis avaliadas: Número de Dias para Maturação (DM), Altura das Plantas (em cm) na Maturação (AM), Nota para Acamamento (AC) e Produção de Grãos (em g.m<sup>-2</sup>), incluindo o número de observações de cada uma, a média geral dos dados e o desvio padrão..... 40
- Tabela 4 – Análise de variância com desdobramento de tratamentos (genótipos) para os caracteres Número de Dias para Maturação (DM), Altura das Plantas (em cm) na Maturação (AM), Nota para Acamamento (AC) e Produção de Grãos (em g.m<sup>-2</sup>), para as progênes F<sub>2:4</sub> e testemunhas, avaliadas na E. E. Anhembi, Piracicaba - SP, no ano agrícola de 2007/08..... 41
- Tabela 5 – Médias ajustadas dos tratamentos (*LSMeans*) para blocos dentro de repetições referentes aos quatro caracteres avaliados no experimento: Dias para maturação (DM) em número de dias, Altura das Plantas na Maturação (AM) em cm, Acamamento (AC) em nota de 1 a 5, e Produção de Grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup> ..... 42
- Tabela 6 – Médias observadas (obs) e ajustadas (ajust) das quatro cultivares comerciais usadas no experimento em 11 tratamentos, referentes aos quatro caracteres avaliados no experimento e mais o estande inicial médio (ST): dias para maturação (DM) em número de dias, altura das plantas na maturação (AM) em cm, acamamento (AC) = nota de 1 a 5, e produtividade de grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup> ..... 45
- Tabela 7 – Estimativas das variâncias genéticas entre progênes ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e seus limites superior (LS) e inferior (LI), das variâncias residuais ( $\hat{\sigma}^2$ ) e seus limites superior (LS) e inferior (LI), da variância fenotípica entre médias de progênes ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), da herdabilidade entre médias de progênes ( $\hat{h}_x^2$ ) com seus limites superior (LS) e inferior (LI) e do coeficiente de variação genética (CV<sub>g</sub>%) para as progênes F<sub>2:4</sub> para os caracteres número de dias para maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) em cm, acamamento (AC) em nota de 1 a 5, e produção de grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup> ..... 47

- Tabela 8 – Análise de covariância com desdobramento de tratamentos (genótipos) para os caracteres AM (altura das plantas na maturação) e PG (produção de grãos) ..... 50
- Tabela 9 – Estimativas da covariância genética entre progênes ( $C\hat{o}v_p$ ), covariância do resíduo ( $C\hat{o}v$ ) e covariância fenotípica entre médias de progênes ( $C\hat{o}v_{\bar{F}}$ ) e das correlações genéticas ( $r_g$ ) e fenotípicas entre médias de progênes ( $r_{\bar{F}}$ ) entre os caracteres AM (altura das plantas na maturação) e PG (produção de grãos) ..... 51
- Tabela 10 – Progênes classificadas em ordem decrescente de Produção de Grãos (PG) em  $g.m^{-2}$ , com as médias das 20% superiores, juntamente com as médias correspondentes dos outros caracteres: Dias para Maturação (DM) em número de dias, Altura das Plantas na Maturação (AM) em cm e Acamamento (AC) em nota de 1 a 5 ..... 52
- Tabela 11 – Estimativas das médias das progênes originais ( $\bar{Y}_0$ ), das médias selecionadas ( $\bar{Y}_s$ ), diferencial de seleção ( $ds$ ), resposta esperada com a seleção ( $Rs$ ) e resposta percentual ( $Rs\%$ ) em relação à média original, para o caráter produção de grãos (PG), considerando a porcentagem de seleção de 20%, e as respostas correlacionadas esperadas em dias para maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC) ..... 53

**LISTA DE SIGLAS**

AC	–	Acamamento
AM	–	Altura das Plantas na Maturação
CV	–	Coefficiente de Variação Experimental
CV <sub>g</sub>	–	Coefficiente de Variação Genética
DM	–	Dias até Maturação
LI	–	Limite Inferior
LS	–	Limite Superior
PG	–	Produção de Grãos
PI	–	<i>Plant Introduction</i>
PM	–	Produto Médio
QM	–	Quadrado Médio
ST	–	Estande Inicial da Parcela

## 1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das mais importantes fontes de vegetal comestível do mundo, devido principalmente ao alto teor de óleo (em torno de 20%) e proteína (em torno de 40%). É a espécie que sofreu a maior expansão de cultivo nos últimos anos, colocando o Brasil como o segundo maior produtor e exportador dessa leguminosa no mundo, com 60,1 milhões de toneladas colhidas e 25,7 milhões exportadas na safra 2007/2008, ficando atrás somente dos EUA (CONAB, 2008).

A contribuição do melhoramento genético para que tais resultados fossem alcançados é inegável, principalmente quanto à adaptação da soja às baixas latitudes. Durante muitas décadas, o cultivo da soja se restringiu à região Sul do Brasil, devido à boa adaptação dos cultivares introduzidos da região Sul dos Estados Unidos. Porém, sua expansão para as demais regiões do país tornou-se possível somente devido aos grandes esforços empenhados pelos programas de melhoramento genético de plantas no desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às condições de baixas latitudes. Isso fez com que a soja se destacasse nos últimos anos, como a cultura agrícola com maior extensão de área plantada e principal responsável pela expansão da fronteira agrícola, principalmente nas regiões Norte e Centro-Oeste do país.

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, que resulta da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente, é de grande importância na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos testes de rendimento, do número de repetições e na predição dos ganhos de seleção. As variações ambientais mascaram as de natureza genética. Portanto, quanto maior a proporção da variabilidade decorrente dos efeitos de ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será a seleção efetiva dos genótipos superiores (BORÉM; MIRANDA, 2005).

A variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação fenotípica, genética e ambiental, das variâncias genéticas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos, que quantificam e distinguem os efeitos de natureza genética e ambiental, permitindo, assim, a predição dos ganhos decorrentes da seleção e a definição das estratégias de melhoramento que devem ser adotadas visando maior sucesso.

Dessa forma, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidades, correlações e ganhos esperados com seleção, têm importância muito grande em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado de condução das populações segregantes, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas do programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto.

Tendo em vista os fatos apresentados, este trabalho tem como objetivo obter estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como: variâncias genéticas e fenotípicas, coeficientes de herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e respostas à seleção, em uma população de soja, visando o melhoramento genético da produção de grãos e de caracteres agronômicos.

## **2 DESENVOLVIMENTO**

### **2.1 Revisão Bibliográfica**

#### **2.1.1 A Cultura da Soja**

##### **2.1.1.1 Origem e Botânica**

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma espécie cujo centro de origem se localiza na região leste da Ásia, centro-sul da China, onde é cultivada há milênios. A Manchúria, região chinesa onde a soja foi domesticada, constitui o centro secundário (XU et al., 1989). É uma planta de ciclo anual (leva de 80 a 200 dias para atingir a maturação), herbácea, ereta, de crescimento morfológico diversificado. Possui hastes e vagens pubescentes. A altura varia de 0,3 a 2,0 metros, de acordo com a região de cultivo, podendo ser muito ou pouco ramificada (SEDIYAMA et al., 1985). A espécie cultivada pertence à família Fabaceae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, sub-classe Rosidae e ordem Fabales, possuindo  $2n=40$  cromossomos (CAPELLARI JÚNIOR; RODRIGUES; SOUZA, 1999).

##### **2.1.1.2 Expansão e Evolução Econômica**

A soja se espalhou para outros países do Oriente, a partir da China, e depois para o Ocidente, sendo cultivada, em ordem cronológica, na Europa, América do Norte, América do Sul, África e Austrália. A primeira referência à soja, no Brasil, data de 1882, na Bahia. Posteriormente, em 1901, há referências em São Paulo e logo após no Rio Grande do Sul; mas o verdadeiro impulso na produção ocorreu a partir do período de 1965 a 1969 (MIYASAKA; MEDINA, 1981). Atualmente, representa o principal produto agrícola da economia nacional, sendo que, em 2006, foram US\$ 9,3 bilhões exportados, o que representou 6,77% do total (CONAB, 2008).

Na safra 1990/1991, a colheita brasileira de soja foi de 15,3 milhões de toneladas, com uma área plantada de 9,5 milhões de hectares, o que equivale a uma produtividade média de  $1,58 \text{ t.ha}^{-1}$ . Já na safra de 2007/2008, a colheita atingiu 60,0 milhões de toneladas (quase quadruplicou em 16 safras), numa área de 21,3 milhões de hectares e com uma produtividade de  $2,82 \text{ t.ha}^{-1}$ , chegando a ultrapassar  $3,00 \text{ t.ha}^{-1}$  no estado de Mato Grosso, o maior produtor brasileiro de soja. (CONAB, 2008). Hoje, o Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, perdendo apenas para os Estados Unidos, que responderam pela produção de 72,8 milhões de toneladas do grão na safra de 2007/2008 (USDA, 2008).

Para se demonstrar o potencial produtivo da soja brasileira e do potencial de crescimento da produção, Arias (2004) menciona alguns resultados, onde genótipos em fase de ensaios finais, na safra 2002/03, atingiram produtividades acima de 6 e  $7 \text{ t.ha}^{-1}$ . O mesmo autor menciona ainda que, se considerados os dez últimos anos, os rendimentos médios mais baixos foram maiores que os rendimentos mais elevados obtidos até a década de 80, demonstrando que tanto o potencial produtivo quanto a estabilidade de produção aumentaram. O fator considerado mais importante para esse aumento na produtividade foi a adoção generalizada de tecnologia pelos produtores, principalmente o uso de cultivares melhorados geneticamente.

Esse fato proporcionou maior competitividade da soja brasileira no mercado internacional em virtude do aumento da produtividade ocorrido por causa do melhoramento genético da cultura, que é cultivada de norte a sul do país, devido à introdução dos genes de período juvenil longo nos materiais e à seleção e obtenção das melhores cultivares (FRANÇA-NETO, 2004). Se não fosse por essa tecnologia, a cultura da soja ainda estaria confinada à região Sul do Brasil, como no início do seu cultivo em escala verdadeiramente comercial, há aproximadamente 30 anos. Em conseqüência, a expansão e o desenvolvimento da cultura no Brasil frente ao cenário mundial estariam limitados.

Com base no histórico apresentado, pode-se notar que o Brasil vem demonstrando participação constante e crescente no complexo mundial da soja. Entretanto, para atender à demanda, há necessidade do desenvolvimento de programas de pesquisa cada vez mais eficientes. A pesquisa com soja se desenvolveu

bastante nos últimos anos, sendo conseqüência da alta competência técnica que garantiu avanços contínuos. Os programas de melhoramento vêm cumprindo as metas de produtividade propostas, com ganhos genéticos anuais que têm beneficiado a todos os setores ligados ao “complexo soja” (farelo, óleo e grãos).

### **2.1.2 Importância da Estimação de Parâmetros**

O conhecimento da magnitude das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação genética e fenotípica e das estimativas de ganho esperado com seleção são de fundamental importância para a condução de um programa de melhoramento e a tomada de decisões (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Existem três principais objetivos na estimação de parâmetros genéticos. Em primeiro lugar, obter informações sobre o tipo de ação gênica que controla os caracteres em estudo. Em segundo lugar, fornecer base para a avaliação dos programas de melhoramento e para a melhoria da população. E, em terceiro lugar, obter informação para o desenvolvimento de novos métodos visando o melhoramento (MEJIA-CONTRERAS, 1990).

Os parâmetros genéticos úteis ao melhorista de plantas podem ser listados da seguinte forma: 1) variância genética aditiva, que resulta predominantemente dos efeitos aditivos dos alelos, ou seja, representa a fração herdável da variância genética; 2) variância genética devida aos desvios da dominância (ou simplesmente variância dominante), que resulta da interação intra-alélica de genes nos locos segregantes, isto é, da combinação dos alelos de cada genótipo; 3) variância genética epistática, que resulta da interação inter-alélica de dois ou mais locos segregantes e que pode ser dividida em aditiva x aditiva, aditiva x dominante e dominante x dominante, para dois locos e em aditiva x aditiva x aditiva, etc., para três ou mais locos; 4) variância da interação genótipo x ambiente, que deve ser dividida em efeitos aditivos e não aditivos por ambiente e 5) correlações genéticas entre caracteres quantitativos de importância para a cultura em particular (GARDNER, 1963; CRUZ, 2005).

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados com a seleção) tem importância muito grande em programas de melhoramento genético, pois possibilita a tomada de decisões relacionadas: (1) à escolha do método mais apropriado; (2) aos caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento e (3) ao peso atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (CRUZ, 2005).

O estudo e o conhecimento dos caracteres quantitativos representam o interesse primário para o melhorista de plantas. Os caracteres quantitativos têm sido estudados desde o início dos estudos genéticos com soja, visando delinear métodos mais eficientes de melhoramento.

Para a implantação de um programa de melhoramento, o melhorista deve conhecer a genética da espécie a ser trabalhada, bem como as potencialidades genéticas do material a partir do qual efetuará o melhoramento. Em soja, vários estudos genéticos dos caracteres agronômicos têm sido realizados com vistas à obtenção de subsídios para a aplicação de estratégias eficientes de seleção.

### **2.1.2.1 Herdabilidade**

A herdabilidade permite uma comparação da importância relativa dos efeitos do genótipo e do ambiente na variação de caracteres dentro e entre populações. O conceito de herdabilidade e sua definição como um parâmetro populacional estimável e adimensional foi introduzido por Sewall Wright e Ronald Fischer há cerca de um século. Apesar de contínuas interpretações erradas e das controvérsias sobre seu uso e sua aplicação, a herdabilidade permanece sendo chave para a predição da resposta à seleção em biologia evolucionária e na agricultura, e também para a predição de risco de doenças em medicina. Informações recentes de alta herdabilidade para expressão gênica e novos métodos de estimação usando dados de marcadores moleculares evidenciam a relevância da herdabilidade na era genômica (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008).

A herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genotípico. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, mas é o valor genotípico que influenciará a próxima geração. Sendo assim, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuído à variação genética e este é medido pela herdabilidade (FALCONER; MACKAY, 1996). Quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo o seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, em consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (FALCONER; MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

Geralmente, a herdabilidade é representada pelo símbolo  $h^2$ . Este símbolo deriva da terminologia de Wright (1921). É possível estimar dois tipos de herdabilidade: uma no sentido amplo e outra no sentido restrito. No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genética pela variância fenotípica, enquanto, no sentido restrito, é a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica. Portanto, a diferença está no numerador da fração (ALLARD, 1971; FALCONER; MACKAY, 1996).

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que é a que determina a resposta à seleção na presença de segregação (BORÉM; MIRANDA, 2005). A herdabilidade no sentido amplo assume maior importância em plantas de propagação vegetativa, nas quais o genótipo é herdado integralmente pelos descendentes. A herdabilidade no sentido amplo pode ser considerada o limite superior da herdabilidade no sentido restrito.

As estimativas de herdabilidade podem variar com a característica, o método de estimação, a variabilidade da população, o seu nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambiente considerados, o tipo de parcela e a precisão na condução do experimento e na coleta dos dados (BORÉM; MIRANDA, 2005).

De maneira geral, a produção de grãos é um caráter que apresenta baixa herdabilidade, e pode ser atribuída ao comportamento puramente quantitativo desse caráter, em função do grande número de locos que o controlam, permitindo maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre as variâncias genética e fenotípica. Diversos autores confirmaram a baixa herdabilidade para este caráter em soja. Backes et al. (2002), avaliando cinco populações de soja, três na geração  $F_6$  e duas na  $F_5$ , utilizaram um esquema experimental de famílias intercaladas de genitores e obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre famílias de 16,4%, 32,9%, 37,8%, 48,6% e 69,7% para produção de grãos em cada cruzamento. Portanto, a maior parte foi de valores baixos e médios, conforme esperado. Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998), Prado (1999) e Toledo et al. (2000) obtiveram valores baixos para esse caráter.

Já a altura das plantas na maturação é um caráter que apresenta, ao contrário da produção de grãos, herdabilidade mais elevada. Backes et al. (2002) obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre famílias variando de 59,4% a 92,2% para esse caráter.

O número de dias para maturação, assim como a altura na maturação, é um caráter de herdabilidade mais elevada. Backes et al. (2002) obtiveram estimativas no sentido restrito entre famílias variando de 44,5% a 77,7% para esse caráter.

Prado (1994) avaliou quatro cruzamentos biparentais de soja na geração  $F_8$ , buscando estabelecer estratégias para o melhoramento conjunto de vários caracteres. Foram obtidas estimativas de herdabilidade no sentido restrito com base em médias de progênies para o caráter produção de grãos, variando de 47,9% a 61,2%. Para a altura da planta na maturação, as estimativas do coeficiente de herdabilidade com base em médias variaram de 58,5% a 94,7%. Para o número de dias para maturação observou variação de 46,6% a 83,7%, e para o caráter acamamento, de 28,6% a 84,9%.

Alguns trabalhos mostram que o caráter produção de grãos é mais influenciado pelo ambiente do que altura da planta e dias para maturação. Santos et al. (1995), avaliaram progênies  $F_6$  de soja, oriundas de seleções realizadas entre médias de famílias  $F_5$ , e obtiveram estimativas de herdabilidade de 89,2% para o caráter dias até a

maturação, 97,6% para altura das plantas na maturação e de 57,7% para produção de grãos.

Outros trabalhos também mostram essa maior influência ambiental na produção de grãos. Pulcinelli (1997) utilizou oito linhagens de soja num esquema dialélico, com o objetivo de avaliar o potencial genético delas e a possibilidade de seleção de genitores para programas de cruzamentos em gerações precoces. Foi observado que as estimativas de herdabilidade variaram de 42,0% a 83,0% nas análises individuais dos quatro anos de experimentação, sendo de 69,0% na análise conjunta, para o caráter produção de grãos. Para altura da planta na maturação, as estimativas, nas análises individuais, variaram de 49,0% a 68,0%, e na conjunta, foi de 63,0%. A análise conjunta dos quatro anos de experimentação fornece estimativas dos coeficientes de herdabilidade livres dos efeitos da interação entre genótipo e anos. Por meio da observação das estimativas obtidas em cada ano e na análise conjunta, pode-se perceber que o caráter produção de grãos é mais influenciado pelo ambiente do que altura da planta. Por se tratarem de materiais homozigóticos (linhagens), as estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram mais elevadas. Como se sabe, isso ocorre porque a variância genética aditiva aumenta com as gerações de homozigose, enquanto a dominante se reduz, tendendo a zero, o que permite a obtenção de herdabilidades mais elevadas.

Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998) avaliaram linhagens experimentais de soja na geração  $F_{7:6}$ , oriundas de 45 cruzamentos dialélicos, em dois locais contrastantes na saturação de alumínio no solo. Eles observaram uma ampla variação entre os coeficientes de herdabilidade para um mesmo caráter, em diferentes cruzamentos, e atribuíram isso à diversidade genética entre os genitores e ao tipo de resposta às variações ambientais. O caráter número de dias para maturação apresentou maior estimativa de herdabilidade no local com baixa saturação de alumínio, enquanto para os caracteres altura da planta na maturação e produção de grãos, os valores foram semelhantes nos dois locais, o que permite inferir que o efeito das condições ambientais (principalmente quanto à saturação de alumínio) sobre a herdabilidade foi dependente do caráter. Foram obtidos coeficientes de herdabilidade de 58,0% e 84,0% para número de dias para a maturação, 64,0% e 62,0% para altura da planta, e de

38,0% e 38,0% (iguais) para produção de grãos, respectivamente para alta e baixa saturação de alumínio. Entretanto, Spehar (1999) obteve estimativas de herdabilidade no sentido restrito para produção de grãos de 35,1% e 61,7%, respectivamente, sob condição de alta e de baixa disponibilidade de alumínio.

Trabalhando com populações homozigóticas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, Prado (1999) obteve estimativas do coeficiente de herdabilidade para produção de grãos variando de 33,5% a 81,1%, que podem ser considerados altos para esse caráter. Entretanto, nas análises conjuntas dos quatro anos os valores variaram de 13,4% a 33,5%. Já para o caráter altura das plantas na maturação foram obtidos valores de 55,8% a 96,1%, que concordaram com os valores das análises conjuntas, cujos valores foram de 70,8% a 88,4%, mostrando que esse caráter realmente sofre menor influência da interação com locais.

Rossmann (2001) obteve estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos em uma população de soja na geração  $F_7$ , avaliada em quatro anos. Para o caráter dias para maturação, foram obtidas estimativas de herdabilidade no sentido restrito entre médias de linhagens variando de 80,8% a 96,5%; para altura de plantas na maturação, entre 79,1% e 97,7%; para acamamento, de 69,0% a 94,7%; e para produção de grãos, entre 61,8% e 86,0%.

No trabalho de Costa et al. (2004), foram comparados diferentes critérios de seleção por meio de ganhos estimados em populações segregantes de soja, determinando os métodos superiores e os mais similares. Em 1.200 plantas  $F_2$  avaliadas, foram obtidos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo de 84,8% para dias até maturação e 80,7% para produção de grãos, que podem ser considerados bastante elevados. Já para acamamento foi obtido o índice de 42,3%.

Carvalho (2008) trabalhou com progênies  $F_{2:4}$  e  $F_{4:6}$  para avaliar a eficiência do teste precoce no melhoramento de soja em dois locais. Para a geração  $F_{2:4}$ , as estimativas de herdabilidade das médias de parcelas em cada local (Depto. Genética e E.E. Anhembi) foram, respectivamente, 63,8% e 65,9% para dias até a maturação; 79,4% e 76,2% para altura das plantas na maturação; e 38,4% e 49,0% para produção de grãos. Para a geração  $F_{4:6}$ , as estimativas de herdabilidade das médias de parcelas

foram 70,4% e 75,6% para dias até a maturação; 82,0% e 87,4% para altura das plantas na maturação; e 39,5% e 69,1% para produção de grãos.

### **2.1.2.2 Correlações entre Caracteres**

A correlação é uma medida da intensidade de associação entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser positiva ou negativa, dependendo do sentido da associação (STEEL; TORRIE, 1980).

O conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento vegetal, principalmente se um dos caracteres apresenta baixa herdabilidade ou problemas para identificação e avaliação. Dessa forma, a seleção correlacionada com um caráter de alta herdabilidade e de fácil mensuração pode ser mais conveniente e conduzir a progressos mais rápidos no melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 2001).

De acordo com Falconer e Mackay (1996), a correlação entre duas variáveis tem duas causas principais: a genética, resultante da ligação gênica (causa temporária) ou da pleiotropia (causa principal), e a ambiental. O ambiente torna-se causa da correlação quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Valores positivos indicam que caracteres correlacionados são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais, e valores negativos indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento de outro. A associação entre dois caracteres diretamente observados é a correlação fenotípica.

Segundo Johnson, Robinson e Comstock (1955), o conhecimento das estimativas das correlações entre caracteres de importância agrônômica e/ou econômica é fundamental tanto nas etapas de planejamento como nas etapas de avaliação de programas de melhoramento, facilitando, dessa forma, a interpretação dos resultados e auxiliando na elaboração de programas mais eficientes no futuro.

Quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro caráter associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar

a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar para um deles, não provocar mudanças indesejáveis em outros (FALCONER; MACKAY, 1996).

A seleção de plantas mais produtivas em soja normalmente leva a uma resposta correlacionada de plantas mais altas. Essa hipótese baseia-se em estimativas de correlação entre produção de grãos e altura apresentada por diversos autores em trabalhos tradicionais como os de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963) e Kaw e Menon (1972) entre outros.

Kamikoga (1989) avaliou diferentes cruzamentos visando estimar parâmetros genéticos e fenotípicos relacionados ao melhoramento da soja para resistência ao acamamento. Foram encontradas estimativas de coeficiente de correlação genética entre acamamento e altura na maturação com valores positivos, porém baixos, variando de +0,09 a +0,26, em populações  $F_3$ . Entre acamamento e produção de grãos, foram encontrados valores variando de -0,07 a +0,41, e entre altura na maturação e produção, variando de +0,09 a +0,17, que também podem ser considerados baixos, apesar de positivos.

Trabalhando com populações endogâmicas ( $F_8$ ) originadas de diferentes cruzamentos, Prado (1994) estimou os coeficientes de correlação genética e fenotípica entre diversos caracteres. Entre produção de grãos e dias para maturação foram obtidas estimativas variando de -0,29 a +0,72 (genéticas) e -0,04 a +0,51 (fenotípicas). Entre produção e altura das plantas na maturação, estas variaram de -0,21 a +0,65 (genéticas) e -0,05 a +0,52 (fenotípicas). Já entre os caracteres acamamento e altura elas variaram de +0,58 a +0,96 (genéticas) e de +0,27 a +0,87 (fenotípicas). Portanto, estes últimos tiveram os maiores valores de correlações em todos os cruzamentos.

Santos et al. (1995), avaliando progênies  $F_6$  de soja, oriundas de seleções realizadas entre famílias  $F_5$  do cruzamento 'FT-Cometa' x 'IAC-8', obtiveram estimativas dos coeficientes de correlações genéticas e fenotípicas entre 10 caracteres. Observaram que as correlações genéticas apresentaram valores superiores às respectivas correlações fenotípicas, indicando interferência do ambiente como fator perturbador na seleção indireta. Obtiveram coeficientes de correlações fenotípicas e

genéticas entre produção de grãos e dias para maturação de +0,58 e +0,86; entre produção e altura de +0,34 e +0,40; e entre dias para maturação e altura na maturação de +0,42 e +0,52, respectivamente. O caráter produção de grãos apresentou também correlação genética positiva com todos os demais caracteres avaliados.

Backes (2000), trabalhando com populações  $F_5$  e  $F_6$  de soja, obteve coeficientes de correlação entre altura na maturação e produção de grãos variando de +0,02 a +0,48 (genético) e +0,03 a +0,33 (fenotípico); e entre dias para maturação e produção variando de -0,23 a +0,74 (genético) e de -0,21 a +0,18 (fenotípico). O autor observou que o caráter dias para maturação apresentou alterações no sinal dos coeficientes de correlação com a produção de grãos entre as diferentes populações, o que comprometeria a seleção de materiais precoces e mais produtivos.

Peluzio et al. (2000) trabalharam com dez cultivares de soja visando obter correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre diversos caracteres. Entre dias para maturação (DM) e altura na maturação (AM) foram obtidas correlações muito altas: +0,92 (fenotípica) e +0,95 (genética). Entre DM e produção de grãos (PG) as correlações foram de +0,41 (fenotípica) e +0,42 (genética), e, portanto, valores médios. Já entre AM e PG os valores foram de +0,59 (fenotípica) e +0,62 (genética), que podem ser considerados altos.

Com o objetivo de verificar o potencial produtivo de grãos e de óleo em soja, Farias Neto e Vello (2001) avaliaram progênies  $F_{4:3}$  e  $F_{5:3}$  obtidos de vários cruzamentos em cadeia em Piracicaba-SP. Os autores descreveram alta variabilidade genética remanescente após a seleção e detectaram correlações genéticas altas e significativas entre dias para maturação, altura de plantas na maturação, produção de grãos e teor de óleo, e não encontraram nenhuma correlação entre esses caracteres e produtividade de óleo.

Rossmann (2001), trabalhando com uma população de soja na geração  $F_7$ , obteve coeficientes de correlação entre altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC) variando de +0,32 a +0,61 (genético) e de +0,32 a +0,53 (fenotípico); entre AM e produção de grãos (PG), variando de -0,42 a +0,46 (genético) e de -0,28 a +0,43 (fenotípico); e, entre os caracteres AC e PG, variando de -0,67 a -0,31 (genético) e de -0,48 a -0,28 (fenotípico).

Alguns trabalhos mostram que vários caracteres possuem correlações positivas com a produtividade. Carvalho et al. (2002) procuraram quantificar as inter-relações entre a produtividade e algumas características de interesse agrônomo da soja e identificar possíveis critérios de seleção indireta em relação à produtividade, avaliando linhas puras derivadas de cruzamentos entre cultivares comerciais. O caráter dias para maturação (DM) apresentou valores de correlações fenotípicas com produção de grãos (PG) variando de +0,34 a +0,86, e genéticas variando de +0,43 a +0,95. Já o caráter altura das plantas na maturação (AM) apresentou valores de correlações fenotípicas com PG variando de +0,20 a +0,84, e genéticas de +0,20 a +0,96.

Carpentieri-Pípolo, Gastaldi e Pípolo (2005) avaliaram 34 linhagens de soja para doze características com o objetivo de identificar parentais a serem incluídos em um programa de melhoramento, quantificando as correlações fenotípicas lineares e identificando possíveis critérios de seleção indireta em relação à produtividade. O caráter altura das plantas apresentou correlação positiva com o peso de sementes da parcela (+0,10), porém foi inferior aos valores encontrados com outros caracteres como número de vagens com dois grãos (+0,17), número de vagens com três grãos (+0,19), número total de vagens por planta (+0,18) e peso da haste mais a casca (+0,20).

A análise dos trabalhos citados mostra que o grau de associação entre os caracteres varia muito de uma população para outra. Esse fato evidencia que as correlações devem ser estimadas dentro de cada população sob melhoramento, para que o melhorista obtenha maior eficiência no processo de seleção.

### **2.1.2.3 Ganho Esperado com Seleção**

A possibilidade de predição dos ganhos por uma determinada estratégia de seleção constitui-se em uma das principais contribuições da Genética Quantitativa para o melhoramento. Com base nestas informações é possível orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizer o sucesso do esquema de seleção adotado e determinar, de forma científica, quais as técnicas que podem ser mais eficazes (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Em geral, os diversos caracteres de importância econômica estão correlacionados entre si, em magnitude e sentidos variados. Tal fato implica que a seleção em um caráter pode proporcionar alterações em outros, podendo ser ou não de interesse para o melhoramento. Assim, a quantificação dos efeitos indiretos da seleção de um caráter sobre outros é fundamental para que se possa orientar programas de melhoramento, no sentido de se obter um material genético que reúna, simultaneamente, um conjunto de atributos favoráveis. Com estes conhecimentos é possível a obtenção de progresso em um caráter por seleção em outro, podendo até mesmo ser mais eficiente do que a seleção direta (CRUZ; REGAZZI, 2001).

Os fatores mais importantes que interferem, direta ou indiretamente, no ganho obtido por seleção, segundo Vencovsky (1987), são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção está diretamente relacionado ao diferencial de seleção, ou seja, depende da diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Sendo assim, já que os caracteres quantitativos, como a produção de grãos, apresentam uma distribuição aproximadamente normal, um maior diferencial de seleção é conseguido quando se seleciona uma menor proporção de unidades superiores (progênies ou indivíduos). Quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial. No entanto, uma pressão de seleção alta implica em risco de redução drástica na variabilidade genética. Quanto mais heterogênea for uma população, maiores são as chances de ganho com seleção, pois tal ganho se baseia em diferenças genéticas.

Conforme foi discutido anteriormente, quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro caráter associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar para um deles, não provocar mudanças indesejáveis em outros (FALCONER; MACKAY, 1996).

A seleção de plantas mais produtivas em soja normalmente leva a uma resposta correlacionada indesejada na altura da planta. Essa hipótese baseia-se em estimativas

de correlações entre produção de grãos e altura da planta apresentada por diversos autores em trabalhos clássicos como os de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963), Kaw e Menon (1972), entre outros.

Trabalhando com populações endogâmicas ( $F_8$ ) de soja originadas de diferentes cruzamentos, Prado (1994) estimou ganhos com seleção para alguns caracteres. Foram obtidos valores variando de 1,4% a 4,9% para o caráter dias para maturação (DM); de 8,8% a 54,4% para altura na maturação (AM); de 4,6% a 25,5% para acamamento (AC); e de 26,7% a 30,0% para produção de grãos (PG). São valores relativamente altos, especialmente para produção de grãos, que é o caráter de maior interesse.

Um trabalho visando comparar ganhos genéticos na cultura da soja foi realizado por Saint-Martin e Xie (2000). Para isso, os autores avaliaram o ganho genético para o caráter produção de grãos e seu coeficiente de correlação entre as gerações  $F_3$ ,  $F_4$  e  $F_6$  com suas gerações completamente endogâmicas. Os ganhos genéticos foram de -1,4% para a geração  $F_3$ , de 3,7% na geração  $F_4$  e de 9,1% entre essas gerações e suas gerações completamente homozigóticas. Essas porcentagens foram baseadas na média de testemunhas comuns nesses experimentos. Com base nesses resultados os autores concluíram que a seleção poderia ser intensa nas gerações  $F_4$  e  $F_6$ , com baixo risco de descartar potenciais cultivares superiores.

Rossmann (2001), trabalhando com uma população de soja na geração  $F_7$ , simulando uma intensidade de seleção de 20%, obteve valores de ganho com seleção esperado em percentual da população original variando de 20,0% a 37,7% para altura das plantas na maturação e entre 15,5% e 39,6% para produção de grãos.

Farias Neto e Vello (2001) avaliaram progênies  $F_{3:4}$  e  $F_{3:5}$  obtidos de vários cruzamentos em cadeia em Piracicaba-SP. Os caracteres que possibilitam os maiores ganhos genéticos foram: produtividade de grãos, com 7,4%, e produção de óleo, com 6,6%. Diante disso, os autores ressaltam os resultados expressivos e semelhantes entre produção de grãos e produção de óleo e a variabilidade expressiva remanescente entre as progênies selecionadas possibilitando ganhos futuros com novos ciclos seletivos.

Carvalho (2008) trabalhou com progênies  $F_{2:4}$  e  $F_{4:6}$  para avaliar a eficiência do teste precoce no melhoramento de soja em dois locais. Na Estação Experimental Anhembi (a mesma do presente trabalho), para a geração  $F_{2:4}$ , as estimativas de respostas à seleção na geração  $F_{2:4}$  variaram de 1,01% a 0,58% para o caráter dias para maturação (DM); de 7,70% a 4,40% para altura na maturação (AM); e de 11,01% a 6,29% para produção de grãos (PG), com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente. Para a geração  $F_{4:6}$ , as estimativas de respostas variaram de 1,53% a 0,87% para o caráter DM; de 10,24% a 5,85% para o caráter AM; e de 19,55% a 11,17% para o caráter PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente. No outro local (E. E. Genética), para a geração  $F_{2:4}$ , as estimativas de respostas à seleção na geração  $F_{2:4}$  variaram de 1,06% a 0,61% para DM; de 10,80% a 6,17% para AM; e de 9,88% a 5,65% para PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente. Para a geração  $F_{4:6}$ , as estimativas de respostas à seleção variaram de 1,37% a 0,78% para o caráter DM; de 11,69% a 6,68% para o caráter AM; e de 10,26% a 5,86% para o caráter PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente.

## 2.2 Material e Métodos

Os materiais básicos desse trabalho compreendem progênies oriundas do cruzamento entre os genitores PI-123439 e PI-239235, de soja, que consistem em linhagens de origem americana fornecidas pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA-CNPSo). Por se tratarem de PI's (*Plant Introduction*), ambas têm baixa adaptação às condições ambientais brasileiras e baixa produtividade. A descrição delas está apresentada a seguir (PIMENTEL, 1991):

- **PI-123439:** possui ciclo aproximado de 51 dias para florescimento e 150 dias para maturidade, hábito de crescimento determinado, flor de cor roxa, semente amarela, pubescência e hilo de cor cinza, tegumento amarelo e alto teor de proteína.

- **PI-239235:** possui ciclo aproximado de 55 dias para florescimento e 160 dias para maturidade, hábito de crescimento indeterminado, flor de cor branca, semente amarela, pubescência e hilo de cor cinza, tegumento amarelo e alto teor de proteína.

Dessa população obteve-se um total de 80 linhagens  $F_8$  através do método SSD (“*Single Seed Descent*” ou “descendente de semente única”), das quais foram utilizadas duas para o cruzamento básico (biparental) do presente trabalho.

### 2.2.1 Execução Experimental

A partir das linhagens oriundas do cruzamento inicial foram selecionadas duas contrastantes com relação à produtividade em experimento avaliado em Piracicaba-SP, sendo designadas como linhagem 14 (alta produtividade) e linhagem 56 (baixa produtividade). Elas foram previamente cruzadas no ano agrícola de 2004/2005 para obter as sementes  $F_1$ . As sementes  $F_1$  foram plantadas em estufa no ano agrícola de 2005/2006, originando plantas  $F_1$ , das quais foram colhidas as sementes  $F_2$ , conforme o esquema mostrado na Figura 1.

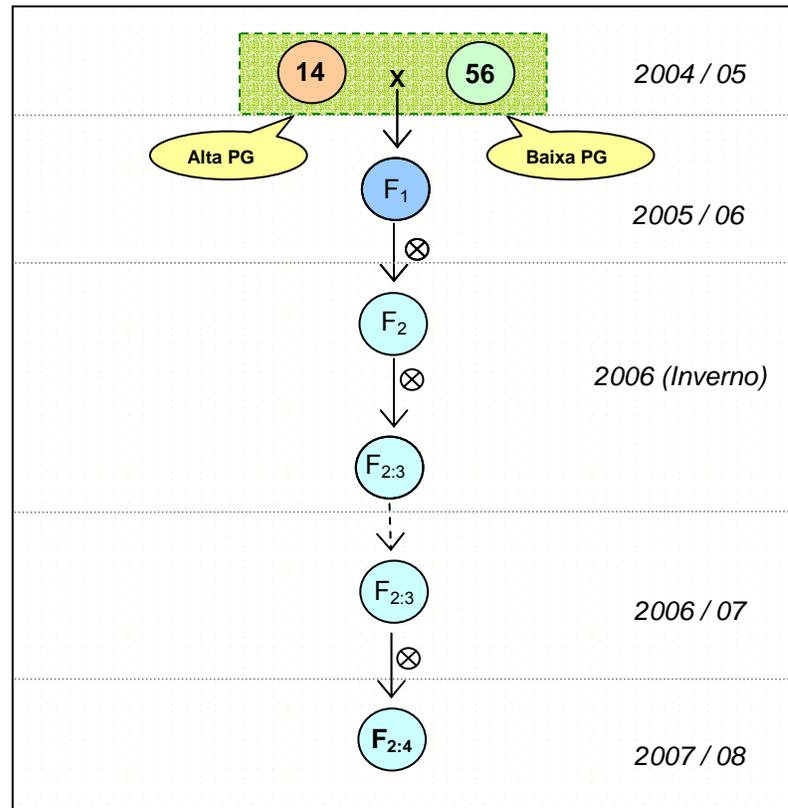


Figura 1 – Esquema de obtenção das populações nas quais se baseia o presente trabalho

As sementes F<sub>2</sub> foram multiplicadas através de plantio em vasos individuais dentro de estufa climatizada no inverno do ano de 2006, obtendo-se, assim, progênies F<sub>2:3</sub>. Foram obtidas 89 progênies F<sub>2:3</sub>, que foram semeadas no campo no ano agrícola 2006/2007. As progênies foram conduzidas no campo até a colheita, quando foram obtidas as sementes F<sub>2:4</sub>. As sementes oriundas desse plantio (89 progênies F<sub>2:4</sub>) foram usadas no experimento do presente trabalho.

### 2.2.2 Características do Local

O experimento foi conduzido na Estação Experimental Anhembi do Departamento de Genética da ESALQ-USP, localizado no distrito de Anhumas,

município de Piracicaba-SP, a uma altitude média de 480 m acima do nível do mar, com um solo do tipo Latossolo Amarelo distrófico (EMBRAPA, 1999), contendo 72% de areia, 20% de argila e 8% de silte e um pH médio de 6,4 (SEGATELLI, 2004, apud ACEVEDO BARONA, 2007). A área localiza-se na margem direita do rio Tietê, próximo à represa de Barra Bonita, entre as coordenadas de 23°45' e 23°50' de latitude sul e 48°00' e 45°05' de longitude oeste.

### **2.2.3 Delineamento e Características dos Experimentos**

No ano agrícola de 2007/08, os tratamentos foram avaliados em um experimento com delineamento em látice triplo 10x10 (três repetições), contendo 89 tratamentos e 11 testemunhas comerciais (totalizando 100 tratamentos). As testemunhas comerciais utilizadas foram as cultivares 'IAC-8', 'IAC-12', 'IAS-5' e 'IAC-FOSCARIN-31', sendo que algumas foram repetidas duas vezes. Foram utilizadas parcelas lineares de 2 m, espaçadas de 0,5 m. Portanto, o experimento teve um total de 300 parcelas e foi instalado no campo visando o estande ideal de 35 plantas e, para garantir isso, a semeadura foi feita com 40% a mais de sementes (50 sementes), com posterior desbaste.

Após a germinação, foi feito o desbaste das parcelas visando obter o estande ideal (35 plantas) quando as plantas estavam aproximadamente no estágio V<sub>3</sub> (FEHR; CAVINESS, 1977). Nessa fase, também foi feita a contagem do estande inicial das parcelas para posterior utilização desses dados na correção para estande.

Os tratos culturais foram semelhantes àqueles realizados comercialmente na produção dessa cultura, incluindo pulverizações com herbicidas e inseticidas. Também houve a prática da irrigação quando necessária.

### 2.2.4 Caracteres Avaliados

A partir do início da maturação começaram as avaliações de campo. Foram avaliados os seguintes caracteres:

**a) Número de dias para maturação (DM):** período que corresponde ao número de dias decorridos entre a sementeira e quando cerca de 95% das vagens das plantas da parcela atingiram a maturação;

**b) Altura das plantas na maturação (AM):** distância (cm) da base ao ápice da haste principal, na época da maturação, avaliadas em cinco plantas aleatórias da parcela;

**c) Acamamento (AC):** avaliado na maturação, através de uma escala de notas visuais que varia de 1 a 5, em que a nota 1 corresponde a uma parcela com todas as plantas eretas e a nota 5 a uma parcela com todas as plantas acamadas;

**d) Produção de grãos (PG):** avaliada na maturidade através do peso de grãos colhidos de cada parcela ( $\text{g.m}^{-2}$ ), após a debulha das plantas em trilhadeira mecânica.

### 2.2.5 Análises Estatístico-genéticas

Para cada caráter foram realizadas as análises de variância individuais, segundo o delineamento em látice, com correção para estande, de acordo com o esquema apresentado na Tabela 1 (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992; BARBIN, 2003). Para isso, foi utilizado o software estatístico SAS para Windows (*Statistical Analysis System - SAS INSTITUTE*, 2003) versão 9.1, módulo “proc GLM”.

#### 2.2.5.1 Modelo Matemático para Análise de Variância

O modelo linear matemático (eq. 1) empregado para as análises de variância, segundo Cochran e Cox (1966) é:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + r_j + b_{k(j)} + \varepsilon_{ijk}, \quad (1)$$

em que:

- $Y_{ijk}$  é o valor observado do tratamento  $i$  na repetição  $j$ , no bloco  $k$ ;
- $\mu$  é a média geral (constante inerente a todas as observações);
- $t_i$  é o efeito aleatório do tratamento  $i$  ( $i = 1, 2, \dots, 100$ );
- $r_j$  é o efeito aleatório da repetição  $j$  ( $j = 1, 2, \dots, 3$ );
- $b_{k(j)}$  é o efeito aleatório do bloco  $k$  ( $k = 1, 2, \dots, 10$ ) dentro da repetição  $j$ ;
- $\varepsilon_{ijk}$  é o erro experimental associado à observação  $Y_{ijk}$ .

De acordo com este modelo, tem-se o esquema de análise de variância descrito na Tabela 1.

Tabela 1 – Esquema de análise de variância do látice, com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados, considerando o modelo aleatório

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>QM</b>	<b>E(QM)</b>
Repetições (R)	2	$QM_R$	
Blocos / R	27	$QM_B$	
Tratamentos (ajust.)	99	$QM_{Tr}$	
Progênieis (P)	88	$QM_P$	$\sigma^2 + r\sigma_p^2$
Testemunhas (T)	10	$QM_T$	
P vs T	1	$QM_G$	
Resíduo Intra-Blocos	171	$QM_\varepsilon$	$\sigma^2$

em que:

- $QM_R$  : Quadrado médio de repetições;
- $QM_B$  : Quadrado médio de blocos dentro de repetições;
- $QM_{Tr}$  : Quadrado médio de tratamentos;
- $QM_P$  : Quadrado médio de progênieis;
- $QM_T$  : Quadrado médio de testemunhas;
- $QM_G$  : Quadrado médio de grupos (P vs T);
- $QM_\varepsilon$  : Quadrado médio do resíduo;

- $r$  : Número de repetições do experimento;
- $\sigma_p^2$  : Variância genética entre progênies;
- $\sigma^2$  : Variância do resíduo entre parcelas.

### 2.2.5.2 Médias Ajustadas

Por se tratar de um experimento em látice, foram obtidas também as médias de produção de grãos (PG) ajustadas para blocos dentro de repetições pelo Método dos Quadrados Mínimos Ordinários (*Least Square Means*) através do módulo “proc GLM” do software SAS (Statistical Analysis Software versão 9.1).

### 2.2.5.3 Análises de Covariância

Seguindo o mesmo raciocínio, foi feita uma análise de covariância entre os caracteres AM (altura das plantas na maturação) e PG (produção de grãos), de acordo com a Tabela 2.

Tabela 2 – Esquema de análise de covariância, com tratamentos ajustados e blocos dentro de repetições não-ajustados, considerando o modelo aleatório

<b>FV</b>	<b>GL</b>	<b>PM</b>	<b>E(PM)</b>
Repetições (R)	2	$PM_R$	
Blocos / R	27	$PM_B$	
Tratamentos (ajust.)	99	$PM_{Tr}$	
Progênies (P)	88	$PM_P$	Cov + r Cov <sub>p</sub>
Testemunhas (T)	10	$PM_T$	
P vs T	1	$PM_G$	
Resíduo Intra-Blocos	171	$PM_\epsilon$	Cov

em que:

- $PM_R$  : Produto médio de repetições;
- $PM_B$  : Produto médio de blocos dentro de repetições;
- $PM_{Tr}$  : Produto médio de tratamentos;
- $PM_P$  : Produto médio de progênies;
- $PM_T$  : Produto médio de testemunhas;
- $PM_G$  : Produto médio de grupos (P vs T);
- $PM_\epsilon$  : Produto médio do resíduo;
- $r$  : Número de repetições do experimento;
- $Cov_p$  : Covariância genética entre progênies;
- $Cov$  : Covariância do resíduo entre parcelas.

#### 2.2.5.4 Estimação dos Parâmetros Genéticos e Fenotípicos

Com base nas esperanças dos quadrados médios das análises de variância foram estimados os componentes de variância, de acordo com as expressões descritas a seguir, obtidas a partir da Tabela 1.

Estimativa da variância residual entre parcelas (eq. 2):

$$\hat{\sigma}^2 = QM_\epsilon \quad (2)$$

Estimativa da variância genética entre progênies (eq. 3):

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QM_P - QM_\epsilon}{r} \quad (3)$$

Em progênies  $F_{2,4}$ , a variância genética entre as progênies contém apenas 1/8 da variância devido aos efeitos de dominância (eq. 4), isto é:

$$\hat{\sigma}_p^2 = \hat{\sigma}_A + (1/8)\hat{\sigma}_D \quad (4)$$

Sendo assim, pode-se considerar que a variância genética entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) corresponde, aproximadamente, a uma estimativa da variância aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ), pois a variância dominante ( $\hat{\sigma}_D^2$ ) fica próxima de zero.

Estimativa da variância fenotípica entre médias de progênies (eq. 5):

$$\hat{\sigma}_F^2 = \frac{QM_P}{r} \quad (5)$$

Também foram estimadas as covariâncias genéticas e fenotípicas, de acordo com o procedimento proposto por Vencovsky e Barriga (1992), conforme apresentado a seguir, a partir da Tabela 2.

Estimativa da covariância do resíduo entre parcelas (eq. 6):

$$C\hat{ov}_\varepsilon = PM_\varepsilon \quad (6)$$

Estimativa da covariância genética entre progênies (eq. 7):

$$C\hat{ov}_p = \frac{PM_P - PM_\varepsilon}{r} \quad (7)$$

De maneira similar à variância genética entre progênies, esta corresponde aproximadamente à covariância genética aditiva ( $C\hat{ov}_A$ ).

Estimativa da covariância fenotípica entre médias de progênies (eq. 8):

$$C\hat{ov}_F = \frac{PM_P}{r} \quad (8)$$

As correlações genéticas e fenotípicas entre os caracteres foram estimadas de acordo com o procedimento relatado por Falconer e Mackay (1996) e Kempthorne (1966), ou seja:

Correlação genética aditiva entre os caracteres X e Y (eq. 9)

$$r_{A(X,Y)} = \frac{C\hat{o}v_{A(X,Y)}}{\hat{\sigma}_{p(X)}\hat{\sigma}_{p(Y)}} \quad (9)$$

Correlação fenotípica entre os caracteres X e Y (eq. 10):

$$r_{\bar{F}(X,Y)} = \frac{C\hat{o}v_{\bar{F}(X,Y)}}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(X)}\hat{\sigma}_{\bar{F}(Y)}} \quad (10)$$

A herdabilidade (sentido amplo) entre médias de progênies foi estimada da seguinte maneira (eq. 11):

$$h_x^2 = \frac{\hat{\sigma}_p^2}{\hat{\sigma}_F^2} \quad (11)$$

Entretanto, pelas razões já discutidas, esta corresponde aproximadamente à herdabilidade no sentido restrito.

Também foram calculados os coeficientes de variação experimental e genética, conforme as expressões abaixo, em que  $\bar{x}$  representa a média geral do caráter.

Coeficiente de variação experimental (eq. 12):

$$CV\% = \left( \frac{\sqrt{\hat{\sigma}^2}}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (12)$$

Coeficiente de variação genética (eq. 13):

$$CV_g \% = \left( \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_p^2}}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (13)$$

As estimativas das respostas à seleção foram calculadas a partir do procedimento descrito por Vencovsky e Barriga (1992), conforme a expressão descrita a seguir (eq. 14):

$$R_s = d_s \cdot h_x^2 \quad (14)$$

em que:

- $R_s$  : Resposta à seleção;
- $d_s$  : Diferencial de seleção, com intensidade de seleção de 20%;
- $h_x^2$  : Estimativa da herdabilidade entre médias de progênies;

### 2.2.5.5 Estimação dos Erros Associados às Estimativas

As estimativas dos desvios-padrão e intervalos de confiança associados às estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas de acordo com os processos relatados por Snedecor e Cochran (1980), Knapp et al. (1985) e Barbin (1993):

Intervalo de confiança associado à estimativa da variância do resíduo (eq. 15):

$$IC = P \left[ \frac{f\hat{\sigma}^2}{\chi_{f,0,975}^2} \leq \sigma^2 \leq \frac{f\hat{\sigma}^2}{\chi_{f,0,025}^2} \right] \quad (15)$$

em que:

- IC : intervalo de confiança;
- f : número de graus de liberdade associado ao resíduo;
- $\sigma^2$  : variância do resíduo;
- $\chi^2$  : qui-quadrado tabelado.

Intervalo de confiança associado à estimativa da variância genética de progênes (eq. 16):

$$IC = P \left[ \frac{f\hat{\sigma}_p^2}{\chi_{nt;0,975}^2} \leq \sigma_p^2 \leq \frac{f\hat{\sigma}_p^2}{\chi_{nt;0,025}^2} \right] \quad (16)$$

em que:

- IC : intervalo de confiança;
- nt : número de graus de liberdade associado à estimativa da variância genética de tratamentos (progênes);
- $\sigma_p^2$  : variância genética entre progênes;
- $\chi^2$  : qui-quadrado tabelado.

## 2.3 Resultados e Discussão

### 2.3.1 Análises de Variância

Para a realização das análises de variância, foram verificadas as pressuposições básicas do modelo matemático (normalidade e independência dos erros e homogeneidade das variâncias) para os quatro caracteres avaliados: dias para maturação (DM), altura da planta na maturação (AM), acamamento (AC) e produção de grãos (PG). O único caráter que não atendeu às pressuposições foi AC, que, dessa forma, foi submetido a uma transformação de escala do tipo  $\sqrt{x+0,5}$ .

Entre as 300 parcelas experimentais, houve a perda de uma por inteiro, resultando em 299 dados observados para cada um dos quatro caracteres, como se verifica na Tabela 3. Alguns caracteres tiveram outras parcelas perdidas: duas para DM e uma para AM e AC. Nessa tabela são apresentados outros valores, como médias (não ajustadas) e desvios-padrão, que podem ser considerados normais e dentro do esperado para o tipo de parcela utilizado. Os valores de desvio padrão mostram que o caráter DM teve pouca variação, especialmente considerando-se que os genótipos mais tardios foram testemunhas. Já os outros caracteres tiveram maiores variações.

Tabela 3 – Resumo dos dados referentes às quatro variáveis avaliadas: Número de Dias para Maturação (DM), Altura das Plantas (em cm) na Maturação (AM), Nota para Acamamento (AC) e Produção de Grãos (em g.m<sup>-2</sup>), incluindo o número de observações de cada uma, a média geral dos dados e o desvio padrão

Variável	Nº Obs	Média	Desvio Padrão
DM	297	142,08	3,23
AM	298	96,54	12,62
AC	298	3,05	0,879
PG	299	322,47	99,31

Na Tabela 4, são apresentados os valores e significâncias dos quadrados médios, as médias gerais, as eficiências do látice e os coeficientes de variação experimental (CV%), obtidos nas análises de variância para todos os caracteres.

Tabela 4 – Análise de variância com desdobramento de tratamentos (genótipos) para os caracteres Número de Dias para Maturação (DM), Altura das Plantas (em cm) na Maturação (AM), Nota para Acamamento (AC) e Produção de Grãos (em g.m<sup>-2</sup>), para as progênes F<sub>2,4</sub> e testemunhas, avaliadas na E. E. Anhembi, Piracicaba - SP, no ano agrícola de 2007/08

Fonte de Variação	GL	QM			
		DM	AM	AC <sup>1</sup>	PG
Repetições (R)	2	1,71 <sup>ns</sup>	684,5 <sup>**</sup>	0,3866 <sup>**</sup>	6.862,1 <sup>ns</sup>
Blocos / R	27	3,65 <sup>**</sup>	141,8 <sup>**</sup>	0,0557 <sup>*</sup>	9.740,9 <sup>*</sup>
Genótipos	99	23,60 <sup>**</sup>	300,9 <sup>**</sup>	0,0741 <sup>**</sup>	10.364,3 <sup>**</sup>
Entre progênes (P)	88	2,54 <sup>*</sup>	170,6 <sup>**</sup>	0,0430 <sup>ns</sup>	7.465,1 <sup>ns</sup>
Entre testemunhas (T)	10	118,15 <sup>**</sup>	1.215,7 <sup>**</sup>	0,1695 <sup>**</sup>	26.149,0 <sup>**</sup>
P vs T	1	931,03 <sup>**</sup>	2.621,3 <sup>**</sup>	1,8521 <sup>**</sup>	107.643,3 <sup>**</sup>
Resíduo	171 <sup>2</sup>	1,72	38,5	0,0352	6.045,0
Média Geral	-	142,1	96,3	3,05	322,3
Média das Progênes	-	141,4	97,6	3,16	318,4
Média das Testemunhas	-	147,4	86,6	2,17	351,2
Eficiência do Látice %	-	107,85	124,74	102,85	103,09
CV%	-	0,92	6,43	10,05	24,11

\* Teste F significativo a 5% de probabilidade; \*\* Significativo a 1% de probabilidade; <sup>ns</sup> Não-significativo;

<sup>1</sup> Dados de acamamento transformados em  $\sqrt{x + 0,5}$  (exceto nos valores de médias);

<sup>2</sup> GL = 168 para DM e 169 para AM, AC e PG (devido à perda de parcelas e à correção para estande em PG).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ( $P \leq 0,01$  ou a 1%) para 'Genótipos' em todos os caracteres avaliados. Isto indica a existência de suficiente variabilidade nesses caracteres para o conjunto de tratamentos avaliados. Entretanto, o desdobramento de progênes mostrou alta significância do teste F (1%) apenas para o caráter AM, e significância a 5% para DM, não sendo significativo para AC e PG. Entretanto deve se considerar que a não significância para PG pode ser em parte devido ao pequeno número de repetições (3), que reduz o poder do teste F. Conforme será visto adiante, houve uma grande variação entre as médias, para PG (Tabela 5), isto é, de 211,7 a 431,2 g.m<sup>-2</sup>. Já o contraste entre progênes e testemunhas também mostrou alta significância (1%) para todos os caracteres, indicando que há diferença entre esses dois grupos, sendo as testemunhas superiores, em média.

Tabela 5 – Médias ajustadas dos tratamentos (*LSMeans*) para blocos dentro de repetições referentes aos quatro caracteres avaliados no experimento: Dias para maturação (DM) em número de dias, Altura das Plantas na Maturação (AM) em cm, Acamamento (AC) em nota de 1 a 5, e Produção de Grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup>

(continua)

Genótipo	DM	AM	AC	PG
1	141,5	103,9	3,66	287,2
2	141,3	97,7	3,72	248,1
3	141,7	98,7	2,95	351,3
4	142,7	98,1	3,05	343,6
5	140,6	96,2	1,98	260,6
6	142,5	84,7	2,37	257,1
7	141,1	93,6	3,53	312,8
8	143,1	90,7	2,79	314,8
9	142,3	95,4	2,80	421,3
10	142,9	96,8	2,77	303,5
11	142,8	101,4	3,01	391,2
12	142,0	98,7	2,88	247,0
13	142,4	105,3	3,12	361,5
14	141,4	104,9	2,88	252,5
15	140,9	104,8	3,18	380,5
16	142,8	93,7	2,88	335,4
17	143,0	93,4	3,31	346,5
18	143,3	93,3	3,20	431,2
19	143,1	93,0	2,77	292,3
20	141,1	102,7	3,88	283,8
21	141,1	89,9	2,93	302,3
22	142,3	91,8	2,70	271,4
23	142,3	92,6	3,75	282,7
24	142,2	95,5	3,19	289,0
25	141,8	106,2	3,49	406,7
26	141,3	98,0	3,55	249,1
27	141,4	89,8	2,95	294,5
28	140,4	87,5	4,53	339,2
29	141,5	88,6	3,65	307,0
30	141,0	89,3	2,99	340,8
31	140,0	91,2	3,24	260,2
32	139,6	89,1	3,17	239,8
33	139,6	84,1	3,12	325,8
34	142,0	99,5	3,37	340,7
35	140,6	86,5	2,67	262,9
36	141,1	95,5	3,07	264,4
37	140,9	97,1	3,17	303,8
38	140,7	90,4	2,97	268,3
39	140,5	93,5	3,11	211,7
40	141,3	87,9	3,75	303,1
41	140,0	93,8	3,34	293,0
42	141,2	91,3	3,15	315,7
43	142,6	96,0	3,25	291,6
44	140,0	91,3	3,07	313,3
45	141,1	88,8	3,52	250,7
46	142,6	94,7	2,92	278,2
47	140,4	91,5	3,35	249,8
48	140,9	94,1	3,19	368,5
49	141,5	94,2	2,63	273,4
50	142,0	99,0	3,21	347,5
51	141,2	110,8	3,25	368,1
52	141,7	96,7	2,70	257,3
53	141,7	88,4	2,35	351,6
54	140,5	93,1	2,98	342,5
55	140,6	100,1	2,67	430,7

Tabela 5 – Médias ajustadas dos tratamentos (*LSMeans*) para blocos dentro de repetições referentes aos quatro caracteres avaliados no experimento: Dias para maturação (DM) em número de dias, Altura das Plantas na Maturação (AM) em cm, Acamamento (AC) em nota de 1 a 5, e Produção de Grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup>

(continuação)				
<b>Genótipo</b>	<b>DM</b>	<b>AM</b>	<b>AC</b>	<b>PG</b>
56	140,6	104,3	2,88	287,0
57	140,4	111,0	3,32	344,9
58	140,9	95,1	3,49	357,2
59	140,2	97,3	3,63	384,5
60	141,6	111,3	2,85	222,3
61	140,0	98,9	2,69	258,7
62	141,2	100,6	3,07	359,8
63	142,5	101,7	3,70	325,1
64	141,9	108,0	3,88	406,3
65	142,4	104,7	3,05	398,8
66	141,4	98,7	3,83	362,3
67	141,7	107,0	2,75	329,5
68	140,2	111,0	3,25	364,6
69	140,5	100,1	3,73	366,0
70	140,5	95,6	3,65	351,2
71	142,1	113,8	4,03	333,2
72	140,2	97,6	2,72	273,7
73	141,1	102,5	3,27	290,6
74	139,8	57,7	1,43	242,8
75	139,9	110,9	3,48	377,3
76	142,3	105,6	3,75	338,0
77	141,6	108,4	3,90	218,3
78	140,6	104,0	3,22	346,8
79	141,9	108,6	3,03	408,7
80	139,9	108,9	3,28	232,8
81	141,2	99,1	3,11	298,5
82	140,9	95,5	2,50	397,5
83	143,7	102,1	2,70	379,7
84	142,1	97,9	2,79	361,4
85	143,5	99,4	3,15	401,4
86	140,5	99,8	3,97	334,3
87	142,2	107,9	3,60	344,2
88	141,2	106,7	3,15	286,1
89	143,0	102,2	3,12	335,8
<b>Média das Progênes</b>	141,4	97,6	3,16	318,4
* 90	155,0	80,5	2,03	403,0
91	142,6	61,6	1,32	209,5
92	142,4	115,3	2,21	312,7
93	155,5	59,7	2,11	262,0
94	155,2	91,4	1,18	517,1
95	155,2	69,0	1,13	377,1
96	142,5	110,9	3,59	438,1
97	141,8	76,3	2,44	228,3
98	155,2	89,4	2,15	518,7
99	139,9	66,1	1,34	247,7
100	142,5	121,3	3,41	381,7
<b>Média das Testemunhas</b>	147,4	86,6	2,17	351,2

\* Os tratamentos de 90 a 100 referem-se às testemunhas comerciais: 90, 94 e 98: IAC-8; 91, 95 e 99: IAC-12; 92, 96 e 100: IAC-FOSCARIN-31; 93 e 97: IAS-5.

Observando-se a fonte de variação de 'Blocos / R' (blocos dentro de repetições), conclui-se que a eficiência do controle local foi altamente significativa (1%) para DM e AM. Foi significativa também para AC e PG, a 5%.

A utilização do delineamento em látice se mostrou, portanto, mais adequada em relação ao delineamento em blocos casualizados para todos os caracteres avaliados. Observa-se, na Tabela 4, que a eficiência do látice (%) variou de 102,85% (baixa) a 124,74% (média) para AC e AM respectivamente. Para os caracteres DM e PG a eficiência também foi baixa: 107,85% e 103,09%, respectivamente. Esses resultados indicam que a variação devida a blocos dentro de repetições, em geral, não foi alta. Pimentel Gomes e Garcia (2002) afirmam que, se o número de tratamentos a serem avaliados é muito grande ou heterogêneo, ou ainda, se outros efeitos restringem excessivamente o tamanho dos blocos, o delineamento em látice é mais adequado. Sendo assim, o látice foi usado no presente trabalho pois foi avaliado um número grande de genótipos em uma área experimental onde não se poderia garantir a homogeneidade do solo.

Os coeficientes de variação experimental foram todos aceitáveis, de acordo com o caráter considerado. Segundo Pimentel Gomes (1990), o CV% depende do tamanho, forma da parcela e do caráter em consideração. Para o caráter DM foi de 0,92%; para AM foi de 6,43%, enquanto para PG foi de 24,11%. Para AC (transformado em  $\sqrt{x+0,5}$ ), o CV% foi de 10,05%. Para PG, o CV% mostrou o valor mais alto, de 24,11%, que é normal para esse caráter nas condições em que é avaliado, por ser quantitativo e bastante influenciado pelo ambiente. De maneira geral, as magnitudes dos CV% encontrados podem ser consideradas aceitáveis e concordantes com os encontrados na literatura recente para esses caracteres, utilizando tamanho de parcela igual à deste trabalho (ROSSMANN, 2001; SILVA, 2005; ARAÚJO, 2006; ACEVEDO BARONA, 2007 e CARVALHO, 2008).

Na Tabela 5 foram apresentadas as médias ajustadas (*LSMeans*) para blocos dentro de repetições dos caracteres DM, AM, AC e PG. Essas médias correspondem às 89 progênies  $F_{2:4}$  e às 11 testemunhas comerciais (IAS-5, IAC-8, IAC-12 e IAC-FOSCARIN-31), conforme indicado na tabela.

Como já foi mencionado, as quatro cultivares comerciais usadas como testemunhas no experimento foram repetidas 2 ou 3 vezes cada para completar os 100 tratamentos do látice (89 progênes com 11 testemunhas). A cultivar 'IAC-8' foi usada nos tratamentos 90, 94 e 98; a cultivar 'IAC-12' foi usada nos tratamentos 91, 95 e 99; a cultivar 'IAC-FOSCARIN-31' foi usada nos tratamentos 92, 96 e 100; e a cultivar IAS-5 foi usada nos tratamentos 93 e 97. Na Tabela 6 são apresentadas as médias observadas (aritméticas) apenas das quatro testemunhas, considerando todos seus tratamentos correspondentes, juntamente com as médias corrigidas (ajustadas pela metodologia do látice e pela correção para estande, cujo valor médio também está indicado na tabela).

Tabela 6 – Médias observadas (obs) e ajustadas (ajust) das quatro cultivares comerciais usadas no experimento em 11 tratamentos, referentes aos quatro caracteres avaliados no experimento e mais o estande inicial médio (ST): dias para maturação (DM) em número de dias, altura das plantas na maturação (AM) em cm, acamamento (AC) = nota de 1 a 5, e produtividade de grãos (PG) em g.m<sup>-2</sup>

Cultivar	ST	DM		AM		AC		PG	
		obs	ajust	obs	ajust	obs	ajust	obs	ajust
IAC-8	17,22	155,0	155,1	86,9	87,1	1,89	1,79	428,9	479,4
IAC-12	6,22	147,7	145,9	61,5	65,6	1,11	1,26	179,9	277,5
IAC-FOSCARIN-31	4,50	142,3	142,5	111,5	115,8	2,89	3,07	252,0	376,2
IAS-5	4,00	146,0	148,6	64,5	68,0	2,17	2,28	124,7	244,5

Como se pode notar, as cultivares IAC-12, IAC-FOSCARIN-31 e IAS-5 apresentaram estandes bastante reduzidos (médias de respectivamente 6,22, 4,50 e 4,00 plantas por parcela). Por ter sido um fenômeno restrito a esses três materiais, é provável que esse problema tenha se dado devido a alguma doença à qual esses genótipos são mais suscetíveis, visto que este problema não ocorreu com a testemunha IAC-8 e com as progênes. Como era de se esperar, a produção de grãos deles também foi reduzida (179,9; 252,0 e 124,7 g.m<sup>-2</sup>, respectivamente), mas esse problema foi amenizado pela correção feita para estande, como se pode perceber também pela Tabela 6 nas médias ajustadas. O ajuste dos dados refere-se à metodologia dos quadrados mínimos inerente ao delineamento em látice, e também à covariável

“estande” usada apenas no caráter PG. A cultivar ‘IAS-5’, por exemplo, que apresentou maior problema com estande (média de 4 plantas por parcela), teve um ajuste que elevou sua produção de grãos de 124,7 para 244,5 g.m<sup>-2</sup>. Em vista desses fatos, pode-se considerar como confiável apenas a média da testemunha IAC-8, isto é, 479,4 g.m<sup>-2</sup>.

Outro fator que contribui para a boa recuperação das parcelas com estande reduzido é a alta plasticidade da cultura da soja (HEIFFIG et al., 2006). Esse fator fica evidente quando se nota que, apesar de alguns tratamentos terem sofrido uma redução de mais de 80% do estande (como no caso das testemunhas ‘IAS-5’ e ‘IAC-FOSCARIN-31’), não foi observada uma redução na produção de maneira proporcional. Geralmente, as parcelas com menor estande possuem plantas maiores e mais ramificadas, que compensam, dessa forma, a menor densidade na linha. Vários trabalhos demonstram essa responsividade da soja à variação no espaçamento e na densidade de plantas através da alteração da morfologia (Gaudêncio et al., 1990; Peixoto et al., 2000).

### 2.3.2 Estimativas de Parâmetros

Na Tabela 7 estão apresentadas as estimativas das variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ), das variâncias do resíduo entre parcelas ( $\hat{\sigma}^2$ ) e das variâncias fenotípicas ( $\hat{\sigma}_F^2$ ) com seus respectivos intervalos de confiança, obtidas a partir das análises de variância. Também são mostradas as estimativas das herdabilidades entre médias de progênies ( $\hat{h}_x^2$ ) e dos coeficientes de variação genética ( $CV_g\%$ ).

Conforme foi explicado anteriormente, considerou-se, neste trabalho, que a estimativa da variância genética na geração F<sub>2:4</sub> corresponde, aproximadamente, à estimativa da variância genética aditiva, pois resulta da soma desta com apenas 1/8 da variância genética dominante. Por isso, considerou-se esta última aproximadamente zero. Dessa forma, as estimativas da herdabilidade nos sentidos amplo e no sentido restrito são aproximadamente as mesmas.

Tabela 7 – Estimativas das variâncias genéticas entre progênies ( $\hat{\sigma}_p^2$ ) e seus limites superior (LS) e inferior (LI), das variâncias residuais ( $\hat{\sigma}^2$ ) e seus limites superior (LS) e inferior (LI), da variância fenotípica entre médias de progênies ( $\hat{\sigma}_F^2$ ), da herdabilidade entre médias de progênies ( $\hat{h}_x^2$ ) com seus limites superior (LS) e inferior (LI) e do coeficiente de variação genética ( $CV_g\%$ ) para as progênies  $F_{2:4}$  para os caracteres número de dias para maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) em cm, acamamento (AC) em nota de 1 a 5, e produção de grãos (PG) em  $g.m^{-2}$

<b>Estimativas</b>	<b>DM</b>	<b>AM</b>	<b>AC</b>	<b>PG</b>
<b>LI</b>	0,234	37,6	0,00222	404,5
$\hat{\sigma}_p^2$	0,273	44,0	0,00260	473,4
<b>LS</b>	0,423	68,2	0,00403	732,9
<b>LI</b>	1,404	31,5	0,02875	4.938,0
$\hat{\sigma}^2$	1,720	38,5	0,03520	6.045,0
<b>LS</b>	2,156	48,3	0,04410	7.573,3
$\hat{\sigma}_F^2$	0,847	56,9	0,01433	2.488,9
<b>LI</b>	24,5	70,0	13,1	13,8
$\hat{h}_x^2$	32,3	77,4	18,1	19,0
<b>LS</b>	47,5	86,7	29,6	30,8
<b><math>CV_g\%</math></b>	0,37	6,80	1,61	6,83

Para o caráter dias para maturação (DM), a estimativa do coeficiente de herdabilidade foi de 32,3%. Esse valor pode ser considerado de médio a baixo, principalmente se comparado a outros valores observados em trabalhos semelhantes. Santos et al. (1995), Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998), Rossmann (2001) e Carvalho (2008) relatam estimativas de médias a muito altas, variando de 58% a 96%. Outros trabalhos também mostram valores dessa magnitude, como o de Backes et al. (2002), que obtiveram estimativas de herdabilidades de 44,5% a 77,7% para o caráter DM, e também Prado (1994), que obteve estimativas de 46,6% a 83,7%. Entretanto, muitos desses autores trabalharam com genótipos em gerações mais avançadas de

endogamia, o que sabidamente aumenta as estimativas do coeficiente de herdabilidade devido ao aumento da variância genética aditiva.

Considerando o intervalo de confiança da herdabilidade para DM obtido no presente trabalho (24,5% a 47,5%), pode-se considerar que os resultados são plausíveis. Vale ressaltar que os materiais utilizados no cruzamento básico deste trabalho não diferiam quanto ao caráter DM, o que explica estes resultados. Desconsiderando-se as testemunhas, a diferença do caráter DM entre as progênies variou apenas em 4 dias, como se pode notar pela Tabela 5, corroborando com essa hipótese de baixa variabilidade.

Para o caráter altura das plantas na maturação (AM), a estimativa do coeficiente de herdabilidade foi de 77,4%, que pode ser considerado alto, e concorda com a maioria dos trabalhos semelhantes, como Prado (1994), Rossmann (2001) e Backes et al. (2002), que obtiveram estimativas entre 58% e 97%. Carvalho (2008) também trabalhou com progênies  $F_{2:4}$  no mesmo local do presente trabalho e obteve uma estimativa de 76,2% para AM, concordando com os resultados atuais.

Para o caráter acamamento (AC), a estimativa do coeficiente de herdabilidade foi de 18,1%, que pode ser considerado baixo, mostrando que o caráter é bastante influenciado pelas condições ambientais. Outros trabalhos que envolvem esse caráter também mostram uma certa disparidade de resultados. Prado (1994) obteve estimativas variando de 28,6% a 84,9%, o que é uma amplitude muito grande. Já Rossmann (2001) obteve valores entre 69,0% e 94,7%, mostrando uma tendência a valores mais elevados ainda.

A estimativa da herdabilidade para o caráter produção de grãos (PG) foi de 19,0%, que pode ser considerada baixa. A produção é um caráter quantitativo, controlado por um grande número de locos, e isso faz com que o efeito do ambiente seja mais pronunciado. Conseqüentemente, a relação entre a variância genética sobre a fenotípica é reduzida. Diversos trabalhos na literatura apresentam estimativas baixas para esse caráter, entre eles os trabalhos tradicionais de Johnson, Robinson e Comstock (1955) e de Kwon e Torrie (1964), que obtiveram valores abaixo de 35%. Além disso, outros trabalhos mais recentes também obtiveram esse tipo de resultado, como: Prado (1994), Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998), Toledo et al. (2000) e Farias

Neto e Vello (2001). O trabalho de Backes et al. (2002), por outro lado, relata estimativas variando de 16,4% a 69,7% para PG.

Segundo Burton (1952), apud Geraldi (1977), um parâmetro auxiliar no sucesso de um processo seletivo seria a utilização do coeficiente de variação genética ( $CV_g\%$ ), uma vez que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade indicam apenas o grau de eficiência da seleção de genótipos com base no comportamento fenotípico, mas não dão uma idéia da quantidade de variação existente e conseqüentemente do progresso esperado com seleção. Assim, através desse parâmetro pode-se comparar a variabilidade genética de diferentes populações e diferentes caracteres, além de se ter uma idéia do ganho com a seleção.

As estimativas de  $CV_g\%$  oscilaram de 0,37% para o caráter DM a 6,83% para o caráter PG. Esses valores podem ser considerados baixos quando comparados a outros trabalhos semelhantes na literatura (PULCINELLI, 1997; PRADO, 1994, 1999; ROSSMANN, 2001). No caso deste último autor, os valores encontrados foram superiores para PG; no entanto, destaca-se que ele avaliou genótipos com maior grau de endogamia e obtidos de cruzamentos mais divergentes do que no presente trabalho. Carvalho (2008) encontrou valores mais semelhantes, porém ainda superiores. Ele obteve estimativas de 1,32% e 1,59% para DM; 8,60% e 9,88% para AM; e 8,64% e 10,07% para PG; portanto, todos os valores foram de 1 a 4 pontos percentuais acima daqueles encontrados neste trabalho. Valores baixos de  $CV_g\%$  indicam que não existem boas perspectivas de sucesso na seleção para os caracteres avaliados.

Os valores muito reduzidos de  $CV_g\%$  para DM (0,37%) e AC (1,61%) podem ser explicados pelo fato do cruzamento básico do trabalho ter envolvido duas linhagens contrastantes para produtividade de grãos, mas que não diferiam para estes caracteres. Eles foram muito inferiores ao  $CV\%$  desses caracteres (respectivamente 0,92% e 10,05%), indicando que a seleção baseada neles não seria eficiente. Já para o caráter AM, o  $CV_g\%$  foi de 6,80% e o  $CV\%$  foi 6,43%, indicando melhores perspectivas de resposta à seleção. E no caráter PG o  $CV_g\%$  foi de 6,83% e o  $CV\%$  de 24,11%; portanto menor, mas ainda assim indicando boas possibilidades de seleção. Devido a isso, nas análises a seguir serão considerados apenas os caracteres AM e PG.

### 2.3.3 Análises de Covariância

Na Tabela 8 são apresentados os produtos médios entre os caracteres produção de grãos (PG) e altura de plantas na maturação (AM), além de seus respectivos graus de liberdade, para todas as fontes de variação. Os valores negativos podem ser considerados normais, por se tratarem de valores de Produtos Médios.

Tabela 8 – Análise de covariância com desdobramento de tratamentos (genótipos) para os caracteres AM (altura das plantas na maturação) e PG (produção de grãos)

Fonte de Variação	GL	PM
		AM e PG
Repetições	2	528,1
Blocos / R	27	156,0
Genótipos	99	589,6
Progênies (P)	88	594,0
Testemunhas (T)	10	865,1
P vs T	1	-2.560,1
Resíduo	171	146,5

#### 2.3.3.1 Correlação entre Caracteres

As estimativas da covariância genética entre progênies ( $Côv_p$ ), da covariância do resíduo entre parcelas ( $Côv$ ), da covariância fenotípica entre médias de progênies ( $Côv_{\bar{F}}$ ) e das correlações genética ( $r_g$ ) e fenotípica entre médias de progênies ( $r_{\bar{F}}$ ) entre os caracteres AM e PG são mostradas na Tabela 9, a seguir.

Tabela 9 – Estimativas da covariância genética entre progênies ( $Côv_p$ ), covariância do resíduo ( $Côv$ ) e covariância fenotípica entre médias de progênies ( $Côv_{\bar{F}}$ ) e das correlações genéticas ( $r_g$ ) e fenotípicas entre médias de progênies ( $r_{\bar{F}}$ ) entre os caracteres AM (altura das plantas na maturação) e PG (produção de grãos)

<b>Caracteres</b>	<b><math>Côv_p</math></b>	<b><math>Côv</math></b>	<b><math>Côv_{\bar{F}}</math></b>	<b><math>r_g</math></b>	<b><math>r_{\bar{F}}</math></b>
<b>AM e PG</b>	149,2	146,5	198,0	0,67	0,46

Como se pode notar, a correlação genética foi superior à fenotípica, o que também foi observado em outros trabalhos (JOHNSON; ROBINSON; COMSTOCK, 1955; ANAND; TORRIE, 1963; KWON; TORRIE, 1964; FARIAS NETO; VELLO, 2001). Isso indica que a expressão fenotípica da associação entre os caracteres é alterada devido às interferências do ambiente, atrapalhando o processo seletivo.

Quando as magnitudes das correlações não são semelhantes, as correlações genéticas são intrinsecamente mais úteis que as correlações fenotípicas para decidir estratégias de seleção (KANG et al., 1983, apud CARVALHO et al., 2002). Entretanto, caracteres geneticamente correlacionados mas não fenotipicamente correlacionados podem não ser de valor prático na seleção, pois esta é geralmente baseada no fenótipo (SHUKLA; SINGH; PUSHPENDRA, 1998). Assim, os dois tipos de correlação podem ser considerados para facilitar a decisão sobre a eficiência de um critério de seleção indireta.

A correlação genética entre AM e PG foi de 0,67, que é um valor médio-alto. Isso indica que, na maior parte dos casos, as plantas mais altas também são mais produtivas, e a seleção dos genótipos mais produtivos leva a uma seleção indireta (correlacionada) de plantas mais altas, o que não é desejável. Essa hipótese também se baseia em estimativas de correlação entre produção e altura apresentada por diversos autores em trabalhos tradicionais como os de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963), Kwon e Torrie (1964), Kaw e Menon (1972), além de vários outros mais recentes, como Santos et al. (1995) e Backes et. al (2002), que ratificam este estudo.

### 2.3.4 Resposta à Seleção

Foi simulada uma intensidade de seleção ( $i$ ) no caráter PG de 20%, correspondendo à seleção das 18 melhores progênies. Os valores médios das progênies selecionadas são mostrados na Tabela 10, a seguir.

Tabela 10 – Progênies classificadas em ordem decrescente de Produção de Grãos (PG) em  $\text{g.m}^{-2}$ , com as médias das 20% superiores, juntamente com as médias correspondentes dos outros caracteres: Dias para Maturação (DM) em número de dias, Altura das Plantas na Maturação (AM) em cm e Acamamento (AC) em nota de 1 a 5

<b>Progênie</b>	<b>DM</b>	<b>AM</b>	<b>AC</b>	<b>PG</b>
<b>18</b>	143,3	93,3	3,20	431,2
<b>55</b>	140,6	100,1	2,67	430,7
<b>9</b>	142,3	95,4	2,80	421,3
<b>79</b>	141,9	108,6	3,03	408,7
<b>25</b>	141,8	106,2	3,49	406,7
<b>64</b>	141,9	108,0	3,88	406,3
<b>85</b>	143,5	99,4	3,15	401,4
<b>65</b>	142,4	104,7	3,05	398,8
<b>82</b>	141,0	95,5	2,50	397,5
<b>11</b>	142,8	101,4	3,01	391,2
<b>59</b>	140,2	97,3	3,63	384,5
<b>15</b>	141,0	104,8	3,18	380,5
<b>83</b>	143,7	102,1	2,70	379,7
<b>75</b>	139,9	110,9	3,48	377,3
<b>48</b>	140,9	94,1	3,19	368,5
<b>51</b>	141,2	110,8	3,25	368,1
<b>69</b>	140,5	100,1	3,73	366,0
<b>68</b>	140,2	111,0	3,25	364,6
<b>Média 20%</b>	<b>141,6</b>	<b>102,4</b>	<b>3,18</b>	<b>393,5</b>
<b>Média Geral</b>	<b>141,4</b>	<b>97,6</b>	<b>3,16</b>	<b>318,4</b>

A Tabela 11 apresenta as estimativas das respostas esperadas com seleção, em porcentagem ( $R_s\%$ ), para o caráter produção de grãos (PG), e as conseqüentes respostas correlacionadas esperadas para os outros três caracteres: dias para maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC).

Observa-se que foi obtido um valor de resposta à seleção no carácter PG de 4,48%. Portanto, quando se aplica uma elevada intensidade de seleção (20%), a resposta chega a quase 5%, o que corresponde a mais de 14 g.m<sup>-2</sup> ou 140 kg.ha<sup>-1</sup>. Isso mostra que na geração F<sub>2:4</sub> já é possível alcançar valores razoáveis de resposta na produtividade. Carvalho (2008), trabalhando com uma população nessa mesma geração, obteve valores resposta de 3,5% a 6,1% para PG, com intensidades de seleção de 50% e 20%, respectivamente, valores que concordam com os do presente trabalho.

Tabela 11 – Estimativas das médias das progênies originais ( $\bar{Y}_0$ ), das médias selecionadas ( $\bar{Y}_s$ ), diferencial de seleção (ds), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%) em relação à média original, para o carácter produção de grãos (PG), considerando a porcentagem de seleção de 20%, e as respostas correlacionadas esperadas em dias para maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC)

	Carácter			
	PG	DM	AM	AC
$\bar{Y}_0$	318,4	141,4	97,6	3,16
$\bar{Y}_s$	393,5	141,6	102,4	3,18
<b>ds</b>	75,1	0,195	4,83	0,0172
<b>Rs</b>	14,27	0,0630	3,74	0,00312
<b>Rs%</b>	4,48	0,0445	3,83	0,0986

A seleção das progênies mais produtivas leva a alterações nas médias dos outros caracteres, conforme pode ser visto na Tabela 11.

Para o carácter DM, pode-se perceber que o valor de resposta foi insignificante, com cerca de 0,04%, o que corresponde a um valor de 0,06 dia, ou seja, bem inferior a 1 dia. Portanto, isso indica que a seleção para produção não teria conseqüências na precocidade das progênies.

O mesmo ocorreu para AC, que apresentou valores irrisórios de resposta esperada, com cerca de 0,1%, o que não chega a 0,01 na nota de acamamento, podendo ser desconsiderado. Isso indica que a seleção dos materiais produtivos não tem conseqüência sobre o acamamento deles. Isso é reflexo da ausência de

variabilidade para estes dois caracteres, evidenciado pelos coeficientes de herdabilidade e de variação genética (Tabela 7).

Já para o caráter AM, o valor de resposta foi mais alto, de 3,83%, correspondendo a um ganho de cerca de 4 cm na altura das plantas. Essa resposta está de acordo com os valores positivos de correlações calculados entre PG e AM. O incremento em altura não é interessante quando se está selecionando materiais mais produtivos, mas não se pode dizer que isso seria um problema na população usada, já que, em termos práticos, esse aumento na altura é de pequena magnitude.

### **2.3.5 Considerações Finais**

Os resultados deste trabalho indicaram que a população em questão tem variabilidade genética somente para os caracteres altura da planta na maturação (AM) e produção de grãos (PG), sendo esta insignificante para os caracteres dias para maturação (DM) e acamamento (AC). Tal fato era em parte esperado, visto que as linhagens que originaram esta população tinham ciclos semelhantes. Quanto ao acamamento, tem-se que considerar que nem sempre as condições ambientais são favoráveis para a discriminação quanto a este caráter, e este experimento foi avaliado em apenas um ano agrícola e em apenas um local.

Os resultados da avaliação desta população indicam que existe variabilidade para a produção de grãos, havendo, portanto, chance de sucesso com seleção. Entretanto, devido à correlação negativa entre PG e AM espera-se um aumento simultâneo na altura das plantas com seleção para PG. De qualquer forma, este aumento da altura aparentemente não será tão grande, como visto anteriormente, de forma que provavelmente este caráter possa ser ignorado na seleção.

Finalmente, tem-se que considerar que pelo fato de ter sido avaliada em apenas um ambiente (um local e um ano), as estimativas devem estar inflacionadas pelos componentes da interação entre genótipos e ambientes. Sendo assim, informações mais seguras sobre as propriedades da população somente poderão ser obtidas após a avaliação em mais de um ambiente.

### 3 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos no presente trabalho permitiram apontar as seguintes conclusões:

- a) A população exibiu variabilidade genética somente para os caracteres produção de grãos (PG) e altura das plantas na maturação (AM) e, assim, existe possibilidade de resposta com seleção para esses dois caracteres na geração  $F_{2:4}$  ;
- b) Devido à correlação positiva entre PG e AM, espera-se que a seleção para PG acarrete um aumento em AM; entretanto, este aumento seria de menos de 4 cm na média da população, o que aparentemente não causaria problemas.

## REFERÊNCIAS

ACEVEDO BARONA, M.A. **Epistasia e interação epistasia por locais para a produção de grãos em soja.** 2007. 81 p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas.** Rio de Janeiro: USAID, 1971. 381p.

ANAND, S.C.;TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in  $F_3$  and  $F_4$  generation of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison, v. 3, n. 6, p. 508-511, Nov. 1963.

ARAÚJO, P.A. **Detecção da epistasia para produção de grãos e caracteres agrônômicos em soja.** 2006. 78 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

ARIAS, C.A.A. Potencial genético da soja: progressos e limitações para alta produtividade. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguaçu. **Proceedings...** Londrina: Embrapa Soja, 2004. p. 1263-1268.

AZEVEDO FILHO, J.A.; VELLO, N.A. ; GOMES, R.L.F. Estimativas de parâmetros genéticos de populações de soja em solos contrastantes na saturação de alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 57, n. 2, p. 227-239, Ago.1998.

BACKES, R.L. ; REIS, M.S. ; SEDIYAMA, T. ; CRUZ, C.D. ; TEIXEIRA, R.C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações  $F_5$  e  $F_6$  de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 49, n. 282, p. 201-216, Fev. 2002.

BACKES, R.L. **Estimativas de parâmetros genéticos, correção do efeito ambiental e predição de ganhos por seleção em populações  $F_5$  e  $F_6$  de soja.** 2000, 77p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

BARBIN, D. **Componentes de variância: teoria e aplicações.** Piracicaba: FEALQ, 1993, 120 p.

BARBIN, D. **Planejamento e análise de experimentos agrônômicos.** Arapongas: Midas, 2003, 208 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas.** 4. ed. Viçosa: UFV, 2005. v.1. 525 p.

CAPELLARI JÚNIOR, L.; RODRIGUES, R.R.; SOUZA, V.C. **Apostila de botânica sistemática**. Piracicaba: Departamento de Botânica, ESALQ/USP, 1999. 95 p.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GASTALDI, L.F.; PÍPOLO, A.E. Correlações Fenotípicas entre caracteres quantitativos em soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 26, n. 1, p. 11-16, Jan. 2005.

CARVALHO, A.D.F. **Avaliação da eficiência do teste precoce no melhoramento genético de soja**. 2008. 102p. Tese (Doutorado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; OLIVEIRA, M.F.; VELLO, N.A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 311-320, Mar. 2002.

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

COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Madison: National Academic of Sciences, 1963. p. 53-94.

CONAB, Companhia Nacional de Abastecimento, Ministério da Agricultura, Disponível em: <[http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/estudo\\_safra.pdf](http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/estudo_safra.pdf)> Acesso em: 10 ago. 2008.

COSTA, M.M.; DI MAURO, A.O.; UNEDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, R.F.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, Nov. 2004.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 2005. 394 p.

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

EMBRAPA, Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**, Rio de Janeiro, 1999. 412 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4<sup>th</sup> ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FARIAS-NETO, J.T.; VELLO, N.A. Avaliação de progênies  $F_{4:3}$  e  $F_{5:3}$  e estimativas de parâmetros genéticos com ênfase para porcentagem de óleo, produtividade de grãos e óleo em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 812-820, Jul. 2001.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987, 536 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 12 p.

FRANÇA-NETO, J.B. Perspectivas futuras da cultura da soja no Brasil: produção, produtividade, expansão da área. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguaçu. **Proceedings...** Londrina: Embrapa Soja, 2004. p. 1203-1209.

GARDNER, C.O. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants breeding. In: HANSON, W. D.; ROBISON, H. F. (Eds), **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science. 1963. p. 225-252.

GAUDÊNCIO, C.A.A. et al. **População de plantas de soja no sistema de semeadura direta para o Centro-Sul do Estado do Paraná**. (Comunicado Técnico, 47). Londrina: Embrapa-CNPSo, 1990. 4 p.

GERALDI, I. O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**. 1977. 103 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1977.

HEIFFIG, L.S.; CÂMARA, G.M.S.; MARQUES, L.A.; PEDROSO, D.B.; PIEDADE, S.M.S. Fechamento e índice de área foliar da cultura da soja em diferentes arranjos espaciais. **Bragantia**, Campinas, v. 65, n. 2, p. 285-295, Abr. 2006.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy Journal**, Madison, v. 47, n. 10, p. 477-483, Oct. 1955.

KAMIKOGA, M.K. **Herança do acamamento e associações com outros caracteres em soja [*Glycine max* (L.) Merrill]**. 1989. 130 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1989.

KAW, R.N.; MENON, P.M. Association between yield and components in soybean. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, Calcutta, v. 32, n. 2, p. 276-280, Jul. 1972.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetical statistics**. New York: John Wiley, 1966. 545 p.

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

KWON, S.H.; TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 2, p.196-198, Mar. 1964.

MEJIA-CONTRERAS, J. A. **Estimation of genetic from generation means analysis in eight parent and related populations of corn**. 1990. 164 p. Dissertação (Doctor of Philosophy) – University of Nebraska, Lincoln, Nebraska, 1990. Disponível em: <<http://digitalcommons.unl.edu/dissertations/AAI9121926/>>. Acesso em: 16 maio 2008.

MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. **A soja no Brasil**. Campinas: ITAL, 1981. 1062 p.

PEIXOTO, C.P.; CÂMARA, G.M.S.; MARTINS, M.C.; MARCHIORI, L.F.S.; GUERZONI, R.A.; MATTIAZZI, P. Épocas de semeadura e densidade de plantas de soja: I. Componentes da produção e rendimentos de grãos. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 1, p. 89-96, Jan. 2000.

PELUZIO, J.M.; SEDIYAMA, C.S.; SEDIYAMA, T.; REIS, M.S. Correlações fenotípicas, genéticas e de ambiente entre alguns caracteres de soja, em Pedro Afonso, Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 45, n. 259, p. 303-308, Maio 1998.

PIMENTEL, A.M. **Cruzamentos dialélicos em soja com ênfase em teor de proteína e produção de grãos**. 1991. 150p. Dissertação (Mestrado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1991.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: Nobel, 1990. 468 p.

PIMENTEL GOMES, F.; GARCIA, C.H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002, 309 p.

PRADO, L.C. **Estratégias de seleção em soja com base na avaliação em vários anos**. 1999. 112 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

PRADO, L.C. **Perspectivas para o melhoramento de linhagens homozigóticas de soja, com ênfase em produção de grãos e teor de proteína**. 1994. 128 p. Dissertação (Mestrado em Genética) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1994.

PULCINELLI, C.E. **Avaliação de cruzamentos dialélicos de soja em gerações avançadas de endogamia**. 1997. 165 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípico de uma população de soja avaliadas em quatro anos**. 2001. 80 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

SAINT-MARTIN, S.K.; XIE, F. Genetic gain in early stages of a soybean breeding program. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 6, p. 1559-1564, Nov. 2000.

SANTOS, C.A.F.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, C.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T. Parâmetros genéticos e seleção indireta de progênies F<sub>6</sub> de um cruzamento de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 42, n. 240, p. 155-166, Mar. 1995.

SAS INSTITUTE, Statistical Analysis Software: **SAS 9.1**. 2003. Cary-NC, EUA.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L. **Cultura da soja**, Minas Gerais: UFV, 1985. 96 p.

SHUKLA, S.; SINGH, K.; PUSHPENDRA. Correlation and path coefficient analysis of yield and its components in soybean (*Glycine max* L. Merrill.). **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 25, p. 67-70, May 1998.

SILVA, V.S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 2005. 104 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

SNEDECOR, G.W.; COCHRAN, W.G. **Statistical methods**. Ames: Iowa State University, 1980. 505 p.

SPEHAR, C.R. Diallel analysis for grain yield and mineral absorption rate of soybeans grown in acid Brazilian Savannah soil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 1003-1009, Jun. 1999.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2.ed. New York: McGraw-Hill, 1980. 631 p.

TOLEDO, J.F.F.; ARIAS, C.A.A.; OLIVEIRA, M.F.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z.F.S. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p.1783-1796, Set. 2000.

USDA, United States Department of Agriculture, Foreign Agricultural Service, **Soybeans: World Supply and Distribution**. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/psdonline>>. Acesso em: 15 set. 2008.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (ed.) **Melhoramento e produção de milho**. Campinas: Fundação Cargill, 1987, v. 1, p. 137-214.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486 p.

VISSCHER, P.M.; HILL, W.G.; WRAY, N.R. Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics**, New York, v. 9, n. 4, p. 255-266, Apr. 2008. Disponível em: <<http://www.nature.com/reviews/genetics>>. Acesso em: 10 out. 2008.

XU, B.; ZHEN, H.; LU, Q.; ZHAO, S. Three new evidences of the original area of soybean. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4., 1989, Buenos Aires. **Proceedings...** Buenos Aires: AASOJA, 1989, p.123-130.