

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

**Avaliação de linhagens de soja derivadas de dois cruzamentos com
diferentes níveis de divergência genética**

Fernando Hoshino Shirahige

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

**Piracicaba
2014**

Fernando Hoshino Shirahige
Engenheiro Agrônomo

Avaliação de linhagens de soja derivadas de dois cruzamentos com diferentes níveis de divergência genética

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

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

**Piracicaba
2014**

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

Shirahige, Fernando Hoshino

Avaliação de linhagens de soja derivadas de dois cruzamentos com diferentes níveis de divergência genética / Fernando Hoshino Shirahige. - - Piracicaba, 2014. 108 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2014.

1. Soja 2. Divergência genética 3. Marcadores AFLP 4. Variabilidade genética I.
Título

CDD 633.34
S558a

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

OFEREÇO

A minha amada e querida família,

Elisângela Matsusato Shirahige (esposa)

... pela paciência, compreensão e amor dedicados ao longo da realização deste trabalho, estando presente nos momentos difíceis como fiel companheira e colaborando sempre que necessário. Digno de todo meu amor, estima e admiração.

“O amor é paciente o amor é bondoso... Tudo sofre, tudo crê, tudo espera, tudo suporta... Assim permanecem estes três: a fé, a esperança e o amor. O maior deles, porém, é o AMOR” I Coríntios 13:4,7 e 13

Caio Matsusato Shirahige (filho)

... por trazer alegria e paz ao meu lar, com seu singelo sorriso e pureza.

*“Eis que os filhos são herança do SENHOR, e o fruto do ventre o seu galardão”.
Salmos 127:3*

DEDICO

Aos meus queridos pais,

Olinda Shigueko Hoshino Shirahige

Mário Hayato Shirahige

... que sempre me apoiaram e acreditaram em mim... Agradeço a todos os seus esforços e por ajudarem a me conduzir para o melhor caminho. A certeza de minha eterna gratidão.

“Honra a teu pai e a tua mãe, como o SENHOR teu DEUS te ordenou, para que se prolonguem os teus dias, e para que te vá bem na terra que te dá, o SENHOR teu DEUS”. Deuteronômio 5:16

*“A coroa dos velhos são os filhos dos filhos; e a glória dos filhos são seus pais”.
Provérbios 17:6*

Ao meu querido irmão e família,

Fábio Hoshino Shirahige (irmão)

Andréia Harumi Kitahara Shirahige (cunhada)

Maria Luiza Kitahara Shirahige (sobrinha)

... pela eterna companhia, amor e carinho.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a **DEUS** por ter me dado força, coragem e determinação para alcançar essa meta tão importante na minha vida;

Ao meu orientador, **Dr. Isaias Olívio Geraldi**, minha imensa gratidão pela preciosa orientação, ensinamentos, amizade, dedicação, confiança, convívio e inestimável apoio e carinho durante todos esses anos;

Ao **Dr. Paulo César Tavares de Melo**, pela confiança e pelo precioso apoio para conclusão desta etapa e, principalmente pela grande amizade e orientações em minha vida profissional;

À **Universidade de São Paulo** e à **Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”** por todas as oportunidades oferecidas desde a minha graduação, que permitiram evoluir em todos esses anos;

Ao **Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico** (CNPq), pela bolsa de doutorado concedida;

Aos colegas de laboratório, **Guilherme José Farias, Larissa Pereira de Castro, Leandro Augusto Andrade Fumes, Rosa Maria Alvarez Parra e Gabriel Lourenço Lopes**, pelo bom convívio e toda ajuda na execução dos experimentos, nas análises e no desenvolvimento da tese;

Aos funcionários do laboratório **Gustavo Alexandre Perina e Fernandes de Araújo** pelo bom convívio e a imprescindível ajuda prestada na condução dos 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 da ESALQ, especialmente aqueles do Departamento de Genética e do Departamento de Produção Vegetal pela contribuição a minha formação acadêmica;

Aos professores que participaram do exame de qualificação: **Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior, Dr. José Baldin Pinheiro e Dr. Antônio Augusto Domingos Coelho**, pelas sugestões que ajudaram a enriquecer este trabalho;

Aos componentes da banca de defesa da tese, por terem aceitado participar desse momento tão importante na minha carreira;

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

Em fim, a todos aqueles que, de alguma forma, colaboraram para a realização deste trabalho, meus sinceros agradecimento.

Muito Obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO.....	9
ABSTRACT	11
LISTA DE TABELAS	13
1 INTRODUÇÃO	17
2 DESENVOLVIMENTO	19
2.1 Revisão Bibliográfica	19
2.1.1 Aspectos econômicos da cultura da soja	19
2.1.2 Divergência genética entre genitores	20
2.1.3 Predição do potencial de cruzamentos a partir de estimativas de variâncias genéticas.....	23
2.1.4 Predição do potencial de cruzamentos a partir de medidas de distâncias genéticas moleculares.....	27
2.1.5 Dinâmica da variância genética entre e dentro de progênies com as gerações de autofecundação	32
2.2 Material e Métodos.....	34
2.2.1 Descrição do material experimental	34
2.2.2 Caracterização do ambiente experimental	36
2.2.3 Execução experimental	36
2.2.3.1 Obtenção das progênies e das linhas puras	36
2.2.3.2 Avaliação experimental das progênies	37
2.2.4 Caracteres avaliados.....	38
2.2.5 Análises estatístico-genéticas	39
2.2.5.1 Análises de variância.....	39
2.2.5.2 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	41
2.2.5.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade	41
2.2.5.4 Cálculos de resposta à seleção.....	42
2.2.5.5 Estimação dos erros associados às estimativas	43
2.3 Resultados e Discussão	46
2.3.1 Análises de variância.....	46
2.3.2 Análise das médias	49
2.3.2.1 Produção de Grãos (PG).....	49
2.3.2.1.1 Distribuição das linhas puras dentro de progênies para o caráter PG	52

2.3.2.2 Altura das Plantas na Maturação (AM)	54
2.3.2.3 Número de Dias para a Maturação (DM)	57
2.3.2.4 Acamamento (AC)	59
2.3.3 Estimativas dos componentes de variância	61
2.3.4 Estimativas do coeficiente de herdabilidade	64
2.3.5 Resposta à seleção	67
2.3.6 Considerações Finais	73
REFERÊNCIAS	77
ANEXOS.....	85

RESUMO

Avaliação de linhagens de soja derivadas de dois cruzamentos com diferentes níveis de divergência genética

Existem poucas informações relacionadas com a comparação de populações de soja derivadas de cruzamentos com diferentes níveis de divergência genética (DG). Os objetivos deste trabalho foram comparar o desempenho de duas populações de soja derivadas de genitores com baixa e alta DG. Foram realizados dois cruzamentos com genitores diferindo quanto à divergência genética baseada em marcadores moleculares AFLP: baixa DG (IAC-12 x IAC-100) e alta DG (EMBRAPA-60 x EMGOPA-315). Para cada cruzamento foram obtidas 100 progênies $F_{2:3}$, que foram avaliadas experimentalmente em três ambientes e, posteriormente, selecionadas as 25 progênies mais produtivas. Em seguida foram obtidas 10 linhas puras $F_{5:7}$ de cada uma das 25 progênies, originando aproximadamente 250 linhas puras de cada cruzamento. No ano agrícola 2012/13 foram conduzidos os experimentos de avaliação, utilizando um delineamento em parcelas subdivididas, onde as progênies foram alocadas nas parcelas e as linhas puras dentro de progênies nas subparcelas, e as parcelas arranjadas em um látice balanceado 5x5 (seis repetições). As subparcelas foram constituídas de linhas de 2 m, espaçadas de 0,5 m, contendo 30 plantas após o desbaste. Os caracteres avaliados foram: número de dias para a maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM), acamamento (AC) e produção de grãos (PG). A partir da análise de variância foram estimados os seguintes parâmetros para cada cruzamento: média geral, amplitude de variação das médias das linhas puras dentro de progênies, variância genética entre linhas puras dentro de progênies ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$), variância fenotípica entre médias de linhas puras dentro de progênies ($\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$), coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras ($\hat{h}_{\bar{x}(l/p)}^2$) e resposta esperada com seleção (Rs). Para todos os caracteres, as médias gerais foram maiores para o cruzamento de maior DG. Para PG, AM e DM as estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ foram maiores no cruzamento de maior DG, bem como as amplitudes de variação das médias das linhas puras. Conseqüentemente, a resposta esperada com seleção entre médias de linhas puras dentro de progênies para PG foi 47,6% maior, em média, bem como a proporção de linhas puras de alta produção, para o cruzamento de maior DG. Os resultados deste trabalho indicam que o uso das medidas de divergência baseada em marcadores moleculares AFLP na escolha de genitores para cruzamentos pode ser uma ferramenta útil para reduzir o número de cruzamentos e, conseqüentemente, aumentar a eficiência da seleção para produção de grãos em soja.

Palavras-chave: Soja; Divergência Genética; Marcadores AFLP; Variabilidade Genética

ABSTRACT

Evaluation of soybean lines derived from two crosses with different levels of genetic divergence

There is limited information in relation to comparison of populations derived from crosses with different levels of genetic divergence (DG) in soybeans. This work was carried out to compare the performance of two soybean populations derived from parents with low and high DG. From two two-way crosses of soybeans with different levels of AFLP molecular marker genetic divergence (DG): low DG (IAC-12 x IAC-100) and high DG (EMBRAPA-60 x EMGOPA-315), one hundred $F_{2:3}$ progenies were evaluated in three environments and then selected the 25 high yielding progenies. Ten inbred lines were derived in the generation $F_{5:7}$ from each of 25 high yielding progeny giving rise to approximately 250 inbred lines for each cross. Evaluation trials were carried out in the 2012/13 growing season, using a split plot design, where progenies were allocated in the plots and inbred lines within progenies in the subplots, and plots arranged according to a 5x5 balanced lattice (six replications). Subplots consisted of 2 m rows spaced by 0.5 m, with 30 plants after thinning. The following traits were recorded: number of days to maturity (DM), plant height at maturity (AM), lodging (AC) and grain yield (PG). The following parameters were estimated: general mean, amplitude of variation of inbred lines within progenies means, genetic variance of inbred lines within progenies ($\hat{\sigma}_{I/P}^2$), phenotypic variance on inbred lines within progenies mean basis ($\hat{\sigma}_{\bar{F}(I/P)}^2$), heritability coefficients on inbred line mean basis ($\hat{h}_{\bar{X}(I/P)}^2$) and expected response to selection (Rs) on inbred line mean basis. For all traits, general means were higher for the high DG cross. For PG, AM and DM, genetic variance among inbred lines within $F_{5:7}$ progenies were higher for the high DG cross, as well as the amplitude of variation of inbred line means. As a result, expected response to selection for grain yield (PG) was 47.6% higher, on average, as well as the proportion of high yielding inbred lines for the high DG cross. General results indicate that the use of genetically divergent parents based on AFLP molecular markers for choosing parents for crossings can be useful to reduce the number of crossings, and thus, to improve the efficiency of selection for grain yield in soybeans.

Keywords: Soybean; Genetic Divergence; AFLP marker; Genetic Variability

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Esquema de análise de variância no delineamento em parcelas subdivididas, com parcelas arranjadas segundo o delineamento em látice	40
Tabela 2 - Análises de variância do caráter produção de grãos (PG), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13.....	46
Tabela 3 - Análises de variância do caráter altura das plantas na maturação (AM), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13.....	47
Tabela 4 - Análises de variância do caráter número de dias para a maturação (DM), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13.....	48
Tabela 5 - Análises de variância do caráter acamamento (AC), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13.....	48
Tabela 6 - Média da progênie (X_p), média da linhagem inferior ($X_{l/p(i)}$) e superior ($X_{l/p(s)}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter produção de grãos (PG), em $g.m^{-2}$, para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{x}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (P_1 , P_2 , P_3 e P_4).....	50
Tabela 7 - Média da progênie (X_p), média da linhagem inferior ($X_{l/p(i)}$) e superior ($X_{l/p(s)}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm, para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{x}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (P_1 , P_2 , P_3 e P_4)	56
Tabela 8 - Média da progênie (X_p), média da linhagem inferior ($X_{l/p(i)}$) e superior ($X_{l/p(s)}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias, para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{x}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (P_1 , P_2 , P_3 e P_4)	58

- Tabela 9 - Média da progênie (X_p), média da linhagem inferior ($X_{l(p(i))}$) e superior ($X_{l(p(s))}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter acamamento (AC), avaliado em notas de 1 a 5 notas (não transformadas), para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{x}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (P_1, P_2, P_3 e P_4)..... 60
- Tabela 10 - Estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$), das variâncias fenotípicas entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{\bar{F}(l/p)}^2$) e das variâncias do erro experimental entre subparcelas ($\hat{\sigma}_{e(b)}^2$) de cada cruzamento (menor e maior DG), com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados 62
- Tabela 11 - Razões entre as variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$) e as variâncias fenotípicas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{\bar{F}(l/p)}^2$) entre cruzamentos de maior e menor DG para todos os caracteres avaliados e a média das razões 62
- Tabela 12 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, no sentido restrito, entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$), proveniente do cruzamento de menor e maior DG, em porcentagem (%), com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados 65
- Tabela 13 - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ para o caráter PG, proveniente do cruzamento de maior DG, juntamente com as médias correspondentes dos demais caracteres (seleção indireta), além das médias das 25 linhas puras superiores (\bar{x}_l), médias originais (\bar{x}_o), diferencial de seleção médio (d_s), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), resposta esperada com a seleção (R_s) e resposta percentual ($R_s\%$) e estimativas das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$) 69

- Tabela 14 - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ para o caráter PG, proveniente do cruzamento de menor DG, juntamente com as médias correspondentes dos demais caracteres (seleção indireta), além das médias das 25 linhas puras superiores (\bar{x}_i), médias originais (\bar{x}_o), diferencial de seleção médio (d_s), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), resposta esperada com a seleção (R_s) e resposta percentual ($R_s\%$) e estimativas das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$) 70
- Tabela 15 - Superioridade percentual da estimativa da média da população melhorada obtida com a seleção das melhores linhas puras dentro de progênies no cruzamento de maior DG em relação ao cruzamento de menor DG, para o caráter PG e os demais caracteres selecionados indiretamente, considerando a porcentagem de seleção de 10% 71
- Tabela 16 - Estimativas das médias das populações originais (menor e maior DG) e de respostas esperadas e observadas com seleção entre progênies $F_{2:4}$ e entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ para a produção de grãos em soja, em $g.m^{-2}$ 73

1 INTRODUÇÃO

A soja é uma espécie originária da Ásia, e vem sendo cultivada há centenas de anos. Graças as suas características nutritivas e industriais e à sua adaptabilidade a diferentes latitudes, solos e condições climáticas, o cultivo se expandiu por todo o mundo, constituindo-se na principal leguminosa cultivada atualmente.

O crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira, sempre estiveram associados aos avanços científicos e à disponibilização de tecnologias ao setor produtivo. Estima-se que metade do incremento da produtividade das principais espécies agrônômicas nos últimos cinquenta anos seja atribuída ao melhoramento genético de plantas (BORÉM; MIRANDA, 2005).

Nos programas de melhoramento genético de soja, como na maioria daqueles de espécies autógamas, têm-se como objetivo desenvolver e identificar genótipos superiores como novos cultivares, sendo que para isso, normalmente, realiza-se hibridações artificiais entre genitores, em geral linhagens elites, para obtenção de populações segregantes de onde são extraídas novas linhagens, após algumas gerações de autofecundação.

Para um determinado caráter métrico, como produção de grãos, a variabilidade genética de uma população será tanto maior quanto maior forem as diferenças entre os genitores quanto aos locos que controlam o caráter. Assim, a possibilidade de se ter um indicativo prévio do comportamento genético de uma população seria fundamental para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético, evitando que populações não promissoras fossem geradas ou, pelo menos, fossem eliminadas em fases iniciais do programa. Com esse intuito, diversos métodos para predizer o comportamento de populações já foram desenvolvidos, os quais se baseiam, principalmente, no desempenho *per se* dos genitores, na avaliação da genealogia dos genitores, no uso de delineamentos genéticos específicos para estimação de parâmetros em gerações precoces e na obtenção de estimativas da diversidade entre os genitores.

Nos últimos anos, com o advento dos marcadores moleculares, tem-se realizado, em diversas espécies, a estimação da diversidade genética entre genótipos por meio das diferenças existentes no DNA. Com isso, surgiu a possibilidade de geração de novas metodologias para predição do comportamento

genético de populações através da divergência genética existentes entre os genitores, por meio de marcadores moleculares.

Estudos já realizados em outras espécies, com esse intuito, evidenciaram que a estimativa de distância genética por marcadores moleculares possui uma maior relação com a variância genética de uma população à medida que diminui a base genética da espécie. Assim, pelo fato de estudos terem revelado que os programas brasileiros de melhoramento de soja possuem uma estreita base genética, ou seja, um pequeno tamanho efetivo populacional, os marcadores moleculares apresentam-se, em relação a outras espécies de base genética mais ampla, como uma técnica com grande potencial para auxiliar na avaliação das relações genéticas entre genitores, com o intuito de prever a variabilidade das populações. Porém, a inclusão desses métodos de predição no planejamento de um programa de melhoramento genético de plantas, somente deve ser realizada caso estes tenham um potencial preditivo igual ou superior aos métodos existentes.

O presente trabalho tem como objetivos avaliar e comparar duas populações de soja com diferentes graus de divergência genética entre genitores baseada em marcadores AFLP (baixa DG e alta DG) quanto ao potencial para a liberação de genótipos superiores.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 Aspectos econômicos da cultura da soja

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, é uma planta oleaginosa originária da China, pertencente a família das leguminosas, de reprodução autógama. Apesar de sua região de origem estar entre 35 a 45 graus de latitudes, é de fácil adaptabilidade para as mais diversas regiões (SHOEMAKER et al., 1992). No continente asiático, a soja é encontrada em países como China, Japão e Coréia. Devido à sua adaptabilidade e importância econômica, a soja expandiu-se do continente asiático para a Europa e Américas do Norte e do Sul (CARVALHO, 1999).

No Brasil, a soja foi introduzida em 1882 na Bahia, chegando a São Paulo em 1892 e no Rio Grande do Sul em 1928. Graças a programas de melhoramento genético, é atualmente cultivada de norte a sul do Brasil, sendo encontrada em todos os Estados da região Sul, Sudeste e Centro-Oeste, além da Bahia, Tocantins, Rondônia e Pará, (SCHUSTER, 1999). No entanto, a primeira grande expansão da soja no Brasil ocorreu na década de 1970, passando de 1,5 milhões de toneladas (1970) para mais de 15 milhões de toneladas (1979). Esse crescimento se deveu, não apenas ao aumento da área cultivada (1,3 para 8,8 milhões de hectares), mas, também, ao expressivo incremento da produtividade ocasionada pelas novas cultivares (1,14 para 1,73 t.ha⁻¹) (DIAS et al., 2009).

De acordo com o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) em seu último levantamento da safra do ano agrícola de 2012/13, a soja apresentou produção mundial de 267,9 milhões de toneladas em uma área correspondente a 108,7 milhões de hectares, sendo os Estados Unidos da América o maior produtor do grão (82,6 milhões toneladas, em 30,8 milhões hectares) (FIESP, 2014). O Brasil foi o 2º maior produtor mundial, com 81,5 milhões toneladas em 27,7 milhões hectares, sendo o estado do Mato Grosso o maior estado produtor do país (23,5 milhões toneladas e 7,8 milhões hectares), seguido pelo Paraná (15,9 milhões toneladas e 4,7 milhões hectares) (CONAB, 2014). Assim, evidencia-se a importância econômica do complexo agroindustrial da soja no país já que a soja tem

aproximadamente 7% de participação no PIB brasileiro e cerca de 30% de participação no PIB agrícola (MAPA, 2013).

A produção mundial de soja prevista para o ano agrícola 2013/14 é de cerca de 284,0 milhões de toneladas, valor 6% superior ao ciclo 2012/13 (267,9 milhões de toneladas), sendo que os Estados Unidos deve produzir 89,5 milhões de toneladas segundo o 12º relatório do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), mantendo-se como o maior produtor mundial, seguido do Brasil com produção estimada em 87,5 milhões de toneladas (FIESP, 2014).

O crescimento da cultura da soja no país esteve sempre associado aos avanços científicos e a disponibilização de tecnologias ao setor produtivo. A mecanização e a criação de cultivares altamente produtivas adaptadas às diversas regiões, o desenvolvimento de pacotes tecnológicos relacionados ao manejo de solos, ao manejo de adubação e calagem, manejo de pragas e doenças, além da identificação e solução para os principais fatores responsáveis por perdas no processo de colheita, são fatores promotores desse avanço. O cenário otimista de um país que tem para onde e como crescer a sua produção, projeta um salto produtivo na cultura de mais de 40% até 2020, enquanto que nos Estados Unidos, atualmente o maior produtor mundial, o crescimento no mesmo período deverá ser no máximo de 15%. Com essa projeção, o Brasil atingirá a produção de mais de 105 milhões de toneladas, quando será isoladamente o maior produtor mundial dessa *commodity* (VENCATO, 2010).

2.1.2 Divergência genética entre genitores

A divergência genética entre genitores tem sido avaliada com o objetivo de identificar cruzamentos de maior efeito heterótico ou vigor híbrido, de forma que, em suas gerações segregantes, tenha maior possibilidade de recuperação de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 2001). No melhoramento genético de milho, a diversidade genética tem proporcionado importantes contribuições, enfatizando a predição de híbridos heteróticos, a partir do cruzamento de populações com maior grau de divergência genética relativa (DUDLEY; SAGHAI MAROOF; RUFENER, 1992). Tais populações são estabelecidas pelo cruzamento de materiais superiores, objetivando-se, frequentemente, a maximização da distância genética com a finalidade de recombinar alelos ou complexos alélicos em novas combinações

favoráveis (MORAIS, 1992). Falconer e Mackay (1996) afirmam que a amplitude da variabilidade genética, em uma população segregante, é função da divergência genética entre os genitores envolvidos nos cruzamentos, correspondendo essa divergência às diferenças nas frequências alélicas das populações.

Apesar da exploração do vigor híbrido não estar entre os objetivos dos programas de melhoramento da maioria das espécies autógamas, como a soja, alguns trabalhos procuraram estudar a possibilidade de predição da heterose pelas distâncias genéticas baseadas em marcadores moleculares, uma vez que em qualquer grau de dominância superior a zero, a heterose é uma função das diferenças nas frequências alélicas entre os genitores, existindo, portanto, uma correlação positiva entre divergência genética e heterose (CHARCOSSET; MOREAU, 2004). A obtenção de estimativas precisas de heterose em soja não é fácil, devido à dificuldade para a obtenção de um número adequado de sementes F_1 . De acordo com Miranda, Costa e Cruz (1988), a divergência genética avaliada com base na distância genética através do uso de marcadores moleculares entre os indivíduos constitui um método de natureza preditiva, o que permite a constatação prévia dos cruzamentos com maior probabilidade de sucesso, ou seja, aqueles que otimizem a heterose, evitando a avaliação dos cruzamentos indesejáveis. Os métodos preditivos da diversidade genética obtida por meio de marcadores moleculares apresentam algumas vantagens sobre outros métodos, pois estes, além de identificar grande polimorfismo, não apresentam interações com ambientes, podendo, ainda, ser avaliados em qualquer estágio de desenvolvimento (WILLIAMS et al., 1990). Outro ponto importante a ser considerado é que a utilidade de marcadores para o melhoramento genético será tanto maior quanto maior for sua capacidade de prever o comportamento dos cruzamentos no campo.

Em soja, o vigor híbrido tem sido observado em diversos caracteres de importância econômica (NELSON; BERNARD, 1984; PASCHAL; WILCOX, 1975). Segundo Janick (2001), os valores de heterose em soja para o caráter produção de grãos (PG), obtidos através da avaliação de plantas individuais F_1 variaram de 14 a 46% para heterose em relação à média dos genitores e de 4 a 34% para a heterose em relação ao genitor superior. Burton e Brownie (2006), avaliando dois cruzamentos biparentais em soja, encontraram valores de heterose de 5% e 16% em relação ao genitor superior, através da avaliação de plantas F_1 . Trabalho mais recente de Colombari Filho, Geraldi e Barona (2010), avaliando seis cruzamentos

biparentais em soja, encontraram valores de heterose para o caráter produção de grãos variando de 6,29% a 56,50% em relação à média dos genitores e de -0,34 a 51,30% em relação ao genitor superior, através da avaliação de plantas F₁.

Alguns estudos em diversas espécies têm revelado uma significativa correlação entre distâncias genéticas por marcadores moleculares e expressão da heterose, como em *Brassica napus* L. (RIAZ et al., 2001) e em milho (BETRÁN et al., 2003). No entanto, em outros estudos têm sido encontradas baixas correlações, como em milho (AJMONE-MARSAN et al., 1998; BENCHIMOL et al., 2000), em arroz *japonica* (KWON et al., 2002), em trigo (MARTIN et al., 1995; LORENCETTI et al., 2006) e em girassol (CHERES et al., 2000).

Manjarrez-Sandoval et al. (1997a), avaliando 24 populações F₂ derivadas de cruzamentos biparentais em soja, observaram correlações negativas e significativas entre os coeficientes de similaridade genética obtidos com o marcador RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) e heterose, para os caracteres peso de 100 sementes e altura das plantas, enquanto que para o caráter produção de grãos a correlação não foi consistente, dependendo do local e do ano em que as avaliações foram realizadas. Cerna et al. (1997), avaliando 48 híbridos F₁, observaram correlações não significativas entre a distância genética por RFLP e a heterose para o caráter produção de grãos em soja.

Colombari Filho, Geraldi e Barona (2010), avaliando seis híbridos F₁ oriundos de cruzamentos com diferentes distâncias genéticas (obtidas com o marcador molecular AFLP) e os respectivos genitores, encontraram correlações elevadas entre as distâncias genéticas e as heteroses ($r = 0,83$ e $0,60$, respectivamente em relação à média dos genitores e ao genitor superior), indicando que as distâncias genéticas podem ser utilizadas como indicativas de cruzamentos mais divergentes e, conseqüentemente, como um dos auxiliares na seleção de genitores mais divergentes em soja.

De acordo com Bernardo (1992), a heterozigosidade observada através dos marcadores moleculares somente será útil para a predição do desempenho de híbridos em espécies cultivadas quando, pelo menos, 30 a 50% dos QTL's (*Quantitative Traits Loci*) que afetam o caráter estiverem ligados aos marcadores moleculares e não mais que 20 a 30% dos marcadores moleculares estiverem dispersos, aleatoriamente, no genoma ou não ligados a algum QTL.

2.1.3 Predição do potencial de cruzamentos a partir de estimativas de variâncias genéticas

De acordo com Falconer (1981), a variabilidade genética de uma população segregante, necessária nos processos seletivos, é resultante da divergência genética entre os genitores envolvidos nos cruzamentos. Ainda, segundo esse autor, a expressão da heterose no híbrido intervarietal é dependente dos efeitos da dominância na manifestação do caráter e da diferença das frequências alélicas nos genitores.

A hibridação representa uma técnica importante para o melhoramento de plantas, uma vez que possibilita a recombinação da variabilidade disponível, permitindo a obtenção de novos materiais geneticamente superiores. A escolha dos genitores a serem utilizados em programas de hibridação e que possibilitem a obtenção de cruzamentos superiores representa uma atividade indispensável que exige critérios e grande esforço do melhorista (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Essa escolha dependerá das características a serem melhoradas, da herança dessas características e do germoplasma disponível (FEHR, 1987). Quando se trata de características de herança quantitativa, como produtividade de grãos, a escolha dos genitores é complexa. Estes devem ser escolhidos de modo a gerar populações segregantes de média alta e grande variabilidade para o caráter desejado (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001). De maneira geral, os melhoristas de plantas escolhem cultivares comerciais ou linhagens elites como genitores, para que as populações geradas pelos programas de melhoramento tenham médias altas. A média de um conjunto de linhagens endogâmicas derivadas de um cruzamento biparental, sem efeito de seleção, é igual à média dos genitores, se não houver epistasia, desequilíbrio de ligação ou efeito de adaptação (THORNE; FEHR, 1970; MOSER; LEE, 1994). Nesse caso, apenas a variância genética permitirá discriminar o potencial das populações (FALCONER; MACKAY, 1996).

Mather (1949) desenvolveu as bases teóricas para predição da resposta esperada com seleção a partir das estimativas das variâncias genéticas e ambientais. No entanto, a teoria para predição de segregantes de cruzamentos de linhas endogâmicas somente foi desenvolvida a partir dos estudos de Mather e Jinks (1971).

Segundo Cockerham (1954), em uma população derivada de um cruzamento biparental, a variância genética (σ_G^2) será composta de $(1+I_g)\sigma_A^2$ mais $(1-I_g^2)\sigma_D^2$, em que: σ_A^2 é a variância genética aditiva; σ_D^2 é a variância genética de dominância; e I_g é o coeficiente de endogamia na geração da descendência, sendo a F_2 a população de referência.

Portanto, durante o processo de homozigose, a variância devida à dominância vai sendo dissipada com a eliminação dos genótipos heterozigotos, e a variância genética entre as linhas puras aleatórias (geração F_n) derivadas desse cruzamento é dada pelo dobro da variância aditiva existente na geração F_2 , isto é, $\sigma_{A(F_n)}^2 = 2\sigma_{A(F_2)}^2$. Em consequência, considerando que para um loco com dois alelos a variância aditiva está dada pela equação: $\sigma_A^2 = 2pq[a+(q-p)d]^2$, em que: “a” é o valor genotípico associado aos homozigotos e “d” é o valor genotípico associado aos heterozigotos.

Sendo assim, em uma população de linhagens puras aleatórias (geração F_n) derivadas de um cruzamento biparental, com frequências alélicas $p=q=0,5$, a variância aditiva será $\sigma_A^2 = 0,5a^2$, e a variância genética será: $\sigma_G^2 = a^2$ ou $\sigma_G^2 = \sum_1^n a^2$ (SOUZA JÚNIOR, 1989). Isso implica que no caso de a variância aditiva apresentar valores mais altos que a epistática e os efeitos aditivos dos n genes que controlam o caráter de interesse forem semelhantes, então, a variância genética entre as linhas puras aleatórias (geração F_n) derivadas desse cruzamento biparental será determinada pelo número de genes segregando na população de linhagens endogâmicas (FALCONER; MACKAY, 1996).

Considerando que o número de genes segregando determina tanto a variância genética quanto a divergência genética entre genótipos, então, na tentativa de prever o potencial das populações, usa-se a estimativa de divergência genética entre genitores como preditor da variância genética da população a ser formada pelo cruzamento entre eles, esperando que genitores mais divergentes gerem as populações com maior potencial devido ao maior número de genes segregando.

Uma alternativa de predição do potencial de dado cruzamento foi proposta por Jinks e Pooni (1976). Essa metodologia baseia-se no fato de que, para características quantitativas, é possível prever em gerações precoces a média e a

variância das linhas puras que serão obtidas. Sabendo que para um caráter quantitativo a distribuição se aproxima de uma distribuição normal, suas propriedades podem ser utilizadas para estimar a probabilidade de ocorrência de linhagens com fenótipo que supere a um determinado padrão. Na maioria dos casos essa metodologia tem sido utilizada para avaliar a proporção de linhagens superiores aos genitores, a uma linhagem de desempenho conhecido ou a um cultivar adaptada à região de interesse do melhorista, sem qualquer alteração do método (POONI; JINKS, 1978).

O método de Jinks e Pooni (1976) é influenciado pela ocorrência de epistasia, interação genótipos x ambientes e de ligação gênica. A ocorrência destes fatores pode afetar a predição; entretanto, somente a epistasia causa mudanças de magnitude considerável, pois ela leva a uma assimetria na distribuição das linhas derivadas com relação à média dos genitores.

De acordo com o interesse do melhorista pode-se obter a distribuição fenotípica ou genotípica das linhagens. A distribuição fenotípica é utilizada quando o interesse é prever o desempenho fenotípico das linhagens para um determinado ambiente, sendo assim considerado o efeito de ambiente como componente da variância. Quando o interesse reside na repetibilidade das propriedades das linhas puras, ou seja, aquelas que seriam observadas em média ao longo de muitos ambientes, esse tipo de efeito pode ser desprezado, reduzindo as diferenças não hereditárias entre as linhas e o meio (JINKS; POONI, 1976).

A obtenção das estimativas da média e da variância aditiva pode ser realizada com a utilização de modelos genéticos envolvendo genitores, F_1 , F_2 e as primeiras gerações de retrocruzamentos e do “*triple test cross*” com a geração F_2 (JINKS; POONI, 1976), sendo que este último permite a obtenção de estimativas mais confiáveis (KEARSEY; JINKS, 1968; SNAPE, 1982). Entretanto, apesar da acurácia destes procedimentos, eles requerem muito trabalho para produzir as gerações que serão utilizadas para obtenção dos componentes, inviabilizando-os nos programas de melhoramento (SNAPE, 1982). Como alternativa, Toledo (1987), propôs a utilização das gerações F_2 ou F_3 , em soja, para a obtenção dos parâmetros genéticos necessários para predição, pois estas gerações estão prontamente disponíveis em todo programa de melhoramento. Essas gerações foram utilizadas para predição do potencial de populações segregantes de feijão (ABREU; RAMALHO; SANTOS, 2002; CARNEIRO et al., 2002; MENDONÇA; SANTOS;

RAMALHO, 2002) e arroz (SANTOS et al., 2001); todavia os autores constataram que a utilização de plantas individuais como unidade básica de avaliação está associada a grandes erros, constituindo assim a grande limitação da metodologia proposta por Jinks e Pooni (1976).

Ao estudar a relação existente entre valores preditos em gerações precoces e os observados em gerações avançadas de endogamia para altura de planta em tabaco, Jinks e Pooni (1976) observaram boa concordância entre as médias dos genitores e das linhas puras e igualdade na proporção estimada e observada de linhagens inferiores e superiores aos genitores. Foi demonstrado por Snape (1982) que a predição da produção de grãos e seus componentes, a partir da avaliação de gerações iniciais de um cruzamento de trigo, pode fornecer, com precisão, o resultado provável deste cruzamento. Em trabalhos com feijão, Abreu, Ramalho e Santos (2002) encontraram resultados consistentes na distinção entre cruzamentos a partir do número previsto e observado de linhagens com produção de grãos superior ao padrão. Entretanto houve diferença entre o número de linhagens superiores previsto e observado. Por outro lado, Mendonça, Santos e Ramalho (2002) não encontraram resultados consistentes quando compararam a porcentagem observada com a estimada de linhas puras superiores em populações de feijão comum e concluíram que o método não foi eficiente para avaliar o potencial das populações para a extração de linhagens superiores.

A aplicabilidade do método de Jinks e Pooni (1976) foi estudada também por Triller e Toledo (1996) na presença de interação genótipos x ambientes (GxA). Os autores concluíram que a metodologia foi eficiente para predizer o potencial genético dos cruzamentos tanto para produção de grãos (baixa herdabilidade) quanto para altura de planta (alta herdabilidade) na ausência de interação GxA. Entretanto, a interação GxA atuou no sentido de diminuir a correlação entre os valores preditos e os observados. Na presença dos efeitos da interação, as predições foram mais eficientes quando foram consideradas as médias dos ambientes.

Com o objetivo de avaliar o potencial genético de populações endogâmicas (geração $F_{2:n}$) e também a possibilidade da seleção de genitores para programas de cruzamento em gerações tão precoces como F_2 , Pulcinelli (1997) utilizou 25 populações de soja que foram avaliadas em quatros anos sucessivos. Essas populações eram provenientes de um dialelo 8 x 8, sendo três genitores não adaptados (linhagens norte-americanas) e cinco genitores adaptados (linhagens

brasileiras). Para os dois caracteres avaliados (produção de grãos e altura das plantas na maturação), foi verificado uma boa correspondência entre as médias dos cruzamentos, através de um modelo reduzido, baseado apenas na capacidade geral de combinação, e as médias observadas dos cruzamentos em $F_{2:n}$, bem como com a frequência observada de linhagens superiores em $F_{2:n}$. Tais resultados indicam que para esses caracteres a seleção de genitores para cruzamentos pode ser feita com base nos efeitos da capacidade geral de combinação estimados na geração F_2 .

2.1.4 Predição do potencial de cruzamentos a partir de medidas de distâncias genéticas moleculares

A ocorrência de genótipos superiores é mais provável em populações com alta variabilidade genética, que em geral são resultantes de cruzamentos envolvendo genitores divergentes para a característica sob seleção (GUMBER et al., 1999). Este parâmetro deve ser considerado na predição do potencial de uma população para aumentar a eficiência de programas de melhoramento na fase de seleção de genitores, evitando-se a formação de populações pouco promissoras. Vários estudos demonstraram haver uma relação positiva entre a média populacional e o desempenho *per se* dos genitores. Entretanto, o potencial de uma população em relação à outra para fins de melhoramento difere principalmente em relação à variância genética (KISHA; SNELLER; DIERS, 1997; GUMBER et al., 1999). Nesse sentido, diversos estudos foram realizados para verificar a possibilidade de predição da variabilidade genética de uma população, a partir de estimativas da distância genética obtidas com marcadores moleculares.

Em trigo, Burkhamer et al. (1998) verificaram que as distâncias genéticas estimadas a partir dos marcadores AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) e STS-PCR (*Sequence Tagged Sites*) não foram boas preditores da variância genética e do número de segregantes transgressivos em 12 populações $F_{3:5}$. Além disso, não obtiveram aumento da capacidade de predição através da combinação das distâncias genéticas reveladas pelos dois marcadores moleculares. Resultados similares foram obtidos por Helms et al. (1997) em soja e Gumber et al. (1999) em *Vicia faba*, com marcadores RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*); assim como Moser e Lee (1994) em aveia e Kisha; Sneller e Diers (1997) em soja, utilizando marcadores RFLP. Em aveia, Moser e Lee (1994) utilizaram

simultaneamente distâncias genéticas baseadas em marcadores moleculares RFLP, coeficiente de parentesco e desempenho dos genitores em caracteres quantitativos, e concluíram que a variância genética para caracteres associados à produção de grãos se mostrou independente ou muito pouco correlacionada com a distância genética. No entanto, alguns trabalhos realizados com marcadores moleculares, detectaram associação entre ambos. Nesse sentido, Manjarrez-Sandoval et al. (1997b) avaliando seis populações endogâmicas de soja obtidas pelo método SSD (*Single Seed Descent*), observaram uma correlação negativa e não significativa, mas de magnitude razoável, entre as medidas de similaridade genética medida por RFLP e a variância genética para produção de grãos ($r = -0,58$); porém, eles acrescentam que essa associação deve ser considerada com cautela, pois foi obtida através da análise de um número reduzido de populações. De maneira semelhante, Colombari Filho (2009) obteve alta correlação entre as distâncias genéticas baseada em marcadores AFLP e variância genética em seis populações de soja para os caracteres produção de grãos, dias para maturação e altura no florescimento; embora altas, as correlações foram não significativas, fato que o autor sugere que possa ser devido ao pequeno número de graus de liberdade associados ao teste t.

Manjarrez-Sandoval et al. (1997a) encontraram correlações significativas entre a distância genética estimada a partir de marcadores RFLP e a heterose dos caracteres peso de 100 sementes e altura das plantas utilizando 24 populações F_2 de soja derivadas do cruzamento biparental entre três testadores ('Young', 'Centennial' e 'Tracy') com oito genitores contrastantes. A existência de correlação entre a heterose para a produção de grãos e a distância genética foi dependente do local e do ano em que as avaliações foram realizadas. Os autores concluíram que o valor preditivo da distância genética foi insuficiente para que possa ser utilizado em programas de melhoramento.

Kisha, Sneller e Diers (1997), utilizando marcadores RFLP, no estudo de três grupos de populações de soja derivadas de cruzamentos biparentais, avaliadas para as características produção de grãos, altura de plantas e número de dias para a maturação. O primeiro grupo incluía oito populações, o segundo grupo, 34 populações e o terceiro grupo outras 34 populações, que foram avaliadas em dois anos. Neste estudo, foi observada correlação significativa entre as estimativas de distância dos genitores e a variância genética para altura de plantas, mas apenas no primeiro grupo de populações ($r = 0,73$; $r = 0,82$, respectivamente para os dois anos).

No segundo grupo, não foi observada correlação significativa. No terceiro grupo, houve correlação significativa para o número de dias para a maturação apenas em um ano. Para a produtividade de grãos, não houve correlação entre as estimativas. Portanto, na maioria das vezes a distância genética não pôde prever a variância genética nestes cruzamentos. Segundo os autores, na prática, os melhoristas poderiam utilizar as estimativas da distância genética para selecionar as populações mais promissoras entre todas as possíveis possibilidades de combinação. Para testar se essa relação poderia proporcionar populações com variâncias genéticas maiores, as populações foram subdivididas em dois grupos: (i) aquelas que apresentavam estimativas da distância genética por RFLP entre os genitores acima da média e (ii) aquelas com estimativas, abaixo da média. A variância genética para o caráter produção de grãos no grupo de populações com valores de estimativas da distância genética acima da média foi 2,3 vezes maior que a do grupo de valores abaixo da média. Portanto, os autores concluíram que essas estimativas de distâncias genéticas por RFLP poderiam ser relevantes para a identificação de grupos de cruzamentos que podem gerar variâncias genéticas acima da média.

Barroso et al. (2003) realizaram um trabalho com objetivo de verificar se as estimativas da distância genética entre genitores, por marcadores RAPD, seriam capazes de prever a média da população, a variância genética e a proporção de linhagens superiores, em gerações avançadas de endogamia. Não foi observada correlação entre as distâncias genéticas dos genitores e as estimativas de variância genética das características produção de grãos e altura de plantas. Para a produção de grãos, os coeficientes de correlação verificados foram de -0,13, -0,20, -0,05 e 0,19 nas quatro gerações avaliadas (gerações $F_{2:8}$, $F_{2:9}$, $F_{2:10}$ e $F_{2:11}$, respectivamente), e de -0,04 para os dados de produção de grãos combinados. Para altura de plantas, os coeficientes de correlação foram de 0,10, 0,35, 0,35 e 0,44, nas quatro gerações ($F_{2:8}$, $F_{2:9}$, $F_{2:10}$ e $F_{2:11}$, respectivamente), e de 0,37 para os dados combinados. Porém foi detectada uma correlação negativa e altamente significativa ($P \leq 0,01$) com a média da população ($r = -0,74$) e com a proporção de linhagens superiores ($r = -0,75$).

Por outro lado, Bonato et al. (2006a), estimaram distâncias genéticas com marcadores AFLP entre os genitores de seis populações segregantes de soja. Estas foram avaliadas nas gerações F_7 , F_8 , F_9 e F_{10} , para sete características agrônômicas (produção de grãos, número de nós, número de dias para o florescimento, altura das

plantas no florescimento, número de dias para a maturação, altura das plantas na maturação e peso de 100 sementes), em quatro épocas de semeadura (setembro, outubro, novembro e dezembro) e em quatro anos. Os resultados mostraram uma correlação baixa ($r = 0,21$) e significativa ($P \leq 0,05$) entre a estimativa da variância genética aditiva do caráter produção de grãos e a estimativa da distância genética entre os genitores, na média dos quatro anos e das quatro épocas de semeadura. Quando os resultados foram separados por época, foram observadas correlações mais altas, sendo a do mês de outubro a mais elevada ($r = 0,41$) e significativa ($P \leq 0,05$). Para os demais caracteres foram observadas correlações maiores em épocas específicas para cada caráter. Os autores obtiveram uma eficiência de predição da variabilidade genética, para o caráter produção de grãos, entre 58,3% a 83,3% nos meses de dezembro e outubro/novembro, respectivamente, concluindo que a estimativa de distância genética por AFLP pode ser uma importante ferramenta na seleção dos genitores em programas de melhoramento de soja.

Entendendo que a correlação entre ambos os parâmetros genéticos é imprescindível para que exista a capacidade preditiva da divergência genética, então, é importante a identificação das causas das falhas na correlação. Segundo Gumber et al. (1999), essas falhas podem ser atribuídas: *i*) à baixa repetibilidade da variância genética estimada, devido ao elevado erro padrão; *ii*) às estimativas de diversidade genética viesadas; e *iii*) ao fato da correlação entre a variância genética real e diversidade genética real ser baixa.

No primeiro caso, para se reduzir o erro padrão das estimativas da variância genética é necessário avaliar um número grande de progênies de cada cruzamento população para minimizar o efeito de deriva genética sob as alterações das frequências alélicas. Também, nos experimentos, deve-se aumentar o número de repetições e locais, além do uso de parcelas com tamanho adequado em relação ao caráter de menor herdabilidade (GUMBER et al., 1999).

Considerando o segundo caso, as distâncias genéticas obtidas com marcadores podem apresentar viés durante a geração dos dados moleculares. Dentre os problemas na geração dos dados podem ser devido à falta de distinção entre dois ou mais fragmentos amplificados por possuírem tamanhos semelhantes, erros na leitura dos géis e a utilização de marcadores sem consistência (GUMBER et al, 1999). Uma melhor estimativa de distância pode ser obtida quando se seleciona *a priori* marcas que estejam igualmente distribuídas por todo o genoma da planta.

Quando ocorre uma concentração de marcas em determinadas regiões maior do que em outras e uma quantidade pequenas de marcadores são utilizados, pode ocorrer erros nas estimativas de distancias genéticas (GUMBER et al, 1999)

Também, a distribuição dos locos dos marcadores moleculares pelo genoma depende da técnica que está sendo utilizada; assim, dentro da região do genoma acessada pela técnica, espera-se que os mesmos estejam igualmente distribuídos. No entanto, pode ocorrer dessas regiões acessadas pelo marcador não estarem sendo amostradas do mesmo modo, ou seja, ocorrem regiões com uma maior concentração de locos que outras. Isto pode ocorrer devido ao número insuficiente de locos usados, ao acaso; aos tipos de sequências do DNA preferencialmente detectadas pelo marcador; e/ou outro fator não conhecido. Contudo, as consequências serão sempre as mesmas, isto é, erros na estimação das distâncias genéticas (GUMBER et al., 1999).

A terceira causa nas falhas da correlação citadas por Gumber et al. (1999), faz referência aos casos em que realmente a correlação entre a variância genética e diversidade genética é baixa. Essa correlação depende do desequilíbrio de ligação entre os QTLs (*Quantitative Traits Loci*) que contribuem para a variância genética do caráter e os locos do marcador utilizado para estimação das distâncias genéticas, e da variação na magnitude dos efeitos gênicos de diferentes QTLs, ou seja, é provável que os diferentes QTLs que controlam um determinado caráter apresentem efeitos diferentes e/ou que os QTLs estejam em desequilíbrio de ligação, fazendo com que regiões do genoma possuam diferentes pesos para a expressão do caráter. Deste modo, os locos amostrados podem não estar ligados aos QTLs, ou parte dos QTLs envolvidos com a variância genética da característica pode não estar ligada aos locos dos marcadores (BERNARDO, 1992). Por fim, Charcosset e Essioux (1994) citam que quanto mais ao acaso for à amostragem dos cromossomos pelos marcadores moleculares e mais desigual for a distribuição dos QTLs da variável ou maiores forem as diferenças de magnitude nos efeitos dos QTLs, menor é a correlação esperada entre a diversidade e a variância genética.

2.1.5 Dinâmica da variância genética entre e dentro de progênies com as gerações de autofecundação

Na soja, a taxa de fecundação cruzada normalmente é inferior a 1% e, por isso, são utilizados os métodos de melhoramento comuns às plantas autógamas. Esses métodos estão detalhados em várias publicações (FEHR, 1987; BORÉM; MIRANDA, 2005; RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001).

Existem vários métodos de condução das populações segregantes. Fouilloux e Bannerot (1988) classificaram esses métodos em duas classes: a primeira, que separa as fases de endogamia da seleção, e a segunda, quando a endogamia e a seleção são realizadas ao mesmo tempo. No primeiro caso estão o método da população (*bulk*), descendência de uma única semente (SSD) e o método do *bulk* dentro de progênies. No segundo estão o método massal e o método genealógico (*pedigree*).

Dentre estes métodos, o que mais interessa para o estudo do comportamento da variância genética entre e dentro de progênies com os avanços das gerações, é o *bulk* dentro de progênies derivadas de plantas F_2 . Por esse procedimento, as plantas da geração F_2 são colhidas individualmente e as progênies $F_{2:3}$ são semeadas em linhas isoladas. Segundo Cockerham (1954), a variância genética entre médias de progênies F_g derivadas de plantas F_2 provenientes de cruzamentos biparentais corresponde à eq. (1),

$$\sigma_{\bar{F}_g:F_2}^2 = \sigma_A^2 + (1-I_g)^2 \sigma_D^2 \quad (1)$$

Em que:

- > σ_A^2 : é a variância genética aditiva;
- > σ_D^2 : é a variância genética de dominância; e
- > I_g : é o coeficiente de endogamia na geração da descendência, sendo a F_2 a população de referência.

Assim, na geração $F_{2:3}$, onde o coeficiente de endogamia $I_{F_3} = \frac{1}{2}$, a variância genética entre progênies é eq. (2),

$$\sigma_{p(F_{2:3})}^2 = \sigma_A^2 + (0,25)\sigma_D^2 \quad (2)$$

Como a σ_D^2 está dividida por quatro, pode-se ignorar esse componente para obter uma estimativa aproximada da variância genética aditiva, isto é, a variância genética entre progênies $F_{2:3}$ contém aproximadamente $1 \sigma_A^2$ ($\sigma_{p(F_{2:3})}^2 \cong \sigma_A^2$).

Posteriormente, cada progênie é colhida individualmente e dará origem as plantas $F_{2:4}$, as quais são novamente semeadas em linha. O processo se repete até a geração $F_{2:5}$ ou $F_{2:6}$. A partir da geração $F_{2:3}$ as progênies são avaliadas em experimentos com repetição. Desse modo, a seleção a ser efetuada nas gerações mais avançadas, por exemplo, na $F_{2:5}$ ou $F_{2:6}$, será fundamentada no desempenho médio das progênies por duas a três gerações, atenuando, desse modo, o efeito da interação genótipos x ambientes e dando maior segurança ao melhorista na decisão de quais progênies deverão ser mantidas (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993; ABREU, 1997; RAPOSO, 1999; ROSAL, 1999; SANTOS, 2000). Por esse método, toda a variação genética entre plantas presente na geração F_2 é mantida. Somente as progênies que apresentarem desempenho excessivamente abaixo das demais serão eliminadas. Dentro das progênies, será mantida a variação advinda da segregação das plantas F_2 . Nesse caso também, a seleção natural poderá atuar apenas dentro das progênies, e a perda por amostragem será restrita apenas a que ocorre dentro das progênies (ROSAL, 1999).

Com o decorrer das sucessivas autofecundações, a variabilidade dentro vai sendo liberada, e para isso, é necessário que o número de indivíduos por progênie seja acrescido a cada geração. Desse modo, são reduzidas também as perdas por amostragem dentro de progênies (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001).

Após a seleção das melhores progênies, pode-se explorar a variação dentro de cada progênie (linha pura dentro de progênie). Considerando que as progênies estão na geração $F_{5:7}$, pode-se considerar que já se encontram muito próximas da homozigose completa e, conseqüentemente, tem-se entre linhas puras dentro de progênies aproximadamente $1 \sigma_{A(F_2)}^2$ ($\sigma_{l/p}^2 \cong \sigma_{A(F_2)}^2$) (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Dessa maneira, esse método permite obter os progressos genéticos de forma acumulada, pois se explora inicialmente a seleção entre progênies com base no desempenho médio das progênies por três gerações e, posteriormente, dentro de progênies, onde se busca selecionar as melhores linhas puras dentro de progênies.

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Descrição do material experimental

No presente trabalho foram utilizadas progênies oriundas de dois cruzamentos biparentais de soja, diferindo pelo grau de divergência genética (DG) entre os genitores: C₁: IAC-12 x IAC-100 (menor DG) e C₂: EMBRAPA-60 x EMGOPA-315 (maior DG). De acordo com Bonato et al. (2006b) a distância genética entre esses cultivares, baseadas em marcadores moleculares AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) é de 0,128 para C₁ e de 0,640 para C₂.

Uma breve descrição desses genitores está apresentada a seguir:

- **P₁ – IAC-12:** Uma linhagem brasileira, proveniente do cruzamento entre Paraná x IAC73-231, com cor de flor branca, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom claro. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), semente com formato esférico, tegumento amarelo, lustro brilhante e hilo amarelo. Possui resistência à pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*), ao fogo selvagem (*Pseudomonas tabaci*), ao cancro da haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à mancha "olho-de-rã" (*Cercospora sojina*), ao oídio (*Microsphaera diffusa*) e ao nematoide de galhas (*Meloidogyne incognita*); e susceptibilidade à mancha alvo (*Corynespora cassicola*), ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* - SMV), ao crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*) e ao nematoide de galhas (*Meloidogyne javanica*).

- **P₂ – IAC-100:** Uma linhagem brasileira, proveniente do cruzamento entre IAC 78- 2318 x IAC 12, com cor de flor branca, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom claro. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), semente com formato esférico, tegumento amarelo, lustro fosco e hilo amarelo. Possui resistência ao cancro da haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à mancha "olho-de-rã" (*Cercospora sojina*) e ao oídio (*Microsphaera diffusa*); susceptibilidade ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* - SMV), ao crestamento bacteriano

(*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*) e aos nematoides de galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*); e alta susceptibilidade à mancha alvo (*Corynespora cassiicola*). Além disso, esse cultivar destaca-se por apresentar resistência a insetos, como percevejos e besouros.

- **P₃ - EMBRAPA-60:** Uma linhagem brasileira, proveniente do cruzamento entre FT Abyara x BR83-147, com cor de flor branca, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom claro. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), semente com formato esférico arredondado, tegumento amarelo, lustro intermediário e hilo marrom. Possui resistência à pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*), ao cancro da haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à mancha "olho-de-rã" (*Cercospora sojina*) e ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* - SMV); moderada resistência ao oídio (*Microsphaera diffusa*); e susceptibilidade ao crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*) e aos nematoides de galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*).

- **P₄ - EMGOPA-315 (Rio Vermelho):** Linhagem brasileira, liberada em 1998 pela extinta EMGOPA (Empresa Goiana de Pesquisa Agropecuária), proveniente do cruzamento entre Dourados(2) x [(Amambaí(2) x Ocepar 9-SSI)], com cor de flor branca, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom escura. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), porte alto, boa ramificação, semente com formato esférico arredondado, tegumento amarelo, lustro intermediário e hilo preto. Possui resistência ao cancro-da-haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à mancha "olho-de-rã" (*Cercospora sojina*), ao oídio (*Microsphaera diffusa*) e ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* – SMV); e suscetibilidade aos nematoides de galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*).

2.2.2 Caracterização do ambiente experimental

As avaliações experimentais foram realizadas na Estação Experimental Anhumas (E. E. Anhumas), pertencente à Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” da Universidade de São Paulo (ESALQ/USP) e localizada no município de Piracicaba, SP, no ano agrícola de 2012/13. A E. E. Anhumas está localizada a uma distância geográfica de 42 km da ESALQ/USP, no distrito de Anhumas, a 465 m de altitude e de acordo com as seguintes coordenadas geográficas: 22°50'45” de latitude Sul e 48°01'15” de longitude Oeste, com solo predominantemente arenoso.

2.2.3 Execução experimental

2.2.3.1 Obtenção das progênes e das linhas puras

As hibridações artificiais entre as quatro linhagens genitoras foram realizadas em casa de vegetação, no ano agrícola 2005/06, e estão descritas em Colombari Filho (2009). Foram obtidas 100 progênes $F_{2:3}$ de cada um dos cruzamentos que foram avaliadas em três ambientes, nos anos agrícolas 2007/08 na E. E. Anhumas e 2008/09 na E. E. Anhumas e em Piracicaba (área experimental localizada dentro das dependências do Departamento de Genética da ESALQ/USP, no município de Piracicaba-SP). Os avanços das gerações $F_{2:3}$ a $F_{2:5}$ foram conduzidas pelo método de *bulk* dentro de progênes.

Com base nas avaliações prévias desses três ambientes, foram selecionadas, as 25 progênes mais produtivas (intensidade de seleção de 25%) de cada cruzamento. Assim, neste trabalho foram utilizadas 50 progênes, sendo 25 derivadas do cruzamento de menor DG ($C_1: P_1 \times P_2$) e 25 daquele de maior DG ($C_2: P_3 \times P_4$).

No ano agrícola de 2010/11, as 50 progênes (agora na geração $F_{2:5}$) foram multiplicadas individualmente em linhas de 6,0 x 0,5 m. Na época da maturação, foram colhidas separadamente 10 plantas individuais aleatórias de cada progênie, totalizando 500 plantas. Cada planta foi trilhada individualmente, formando progênes $F_{5:6}$ e, no ano agrícola 2011/12, estas foram multiplicadas em linhas de 1,0 x 0,5 m. Assim, cada linha colhida corresponde a uma linhagem na geração $F_{5:7}$.

Buscou-se obter, portanto, 250 linhas puras de cada cruzamento (C_1 e C_2); porém, devido às falhas de germinação na multiplicação, no experimento de maior DG foi possível incluir 231 linhas puras, e no de menor DG, 247 linhas puras.

2.2.3.2 Avaliação experimental das progênies

No ano agrícola 2012/13, 25 progênies $F_{5,7}$ de cada população foram avaliadas, experimentalmente utilizando as 10 linhas puras de cada uma (quando possível), totalizando 231 tratamentos do grupo de maior DG e 247 tratamentos do grupo de menor DG. Estas foram avaliadas em dois experimentos separados, um para cada cruzamento. Como esses experimentos possuem dois fatores (progênies e linhas puras/progênies), eles foram dispostos na forma de parcelas subdividas, considerando as progênies (25) como parcelas e as linhas puras (10 por progênie) como subparcelas. Como delineamento experimental, foi usado um esquema de látice 5x5 balanceado, isto é, com 6 repetições. Assim, as 25 progênies foram dispostas de acordo com o delineamento em látice, enquanto as 10 linhas puras de cada uma foram dispostas aleatoriamente dentro de cada progênie.

Nos dois experimentos foram utilizadas subparcelas lineares de 2,0 m de comprimento espaçadas de 0,5 m, contendo, inicialmente, 45 plantas. Os experimentos foram semeados no início de novembro, com desbaste para 30 plantas por parcela, 30 dias após o plantio, quando as plantas atingiram aproximadamente o estágio V_3 (FEHR et al., 1971).

Também foram semeadas linhas dos genitores (P_1 , P_2 , P_3 e P_4) nos respectivos experimentos, repetidas no início, meio e fim de cada repetição. De maneira semelhante às progênies, cada parcela dos genitores foi constituída de 10 subparcelas lineares de 2,0 x 0,5 m.

2.2.4 Caracteres avaliados

Em todos os experimentos, foram avaliados os seguintes caracteres:

a) Número de dias para maturação (DM): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a semeadura e o início da maturação completa, quando cerca de 95% das vagens das plantas da parcela estão maduras (secas);

b) Altura das plantas na maturação (AM): distância (medida em centímetros) do nível do solo ao ápice da haste principal, na época da maturação (estádio R₈), avaliadas através da média de cinco plantas aleatórias e competitivas da parcela;

c) Acamamento (AC): avaliado visualmente na maturação completa (estádio R₈), 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 completamente acamadas;

d) Produção de grãos (PG): avaliada através da pesagem (medida em gramas, através de balança eletrônica) dos grãos colhidos de cada parcela ($\text{g}\cdot\text{m}^{-2}$), após debulha das plantas em trilhadeira mecânica, corrigida para a umidade padrão de 13%;

e) Umidade das sementes (US): avaliada através da utilização do aparelho medidor de umidade Dickey-John®, modelo Multi-Grain. A medição foi feita juntamente com a pesagem das parcelas; e

f) Estande (ST): corresponde ao número de plantas inicial da parcela, avaliado logo após o desbaste para ser usado como covariável da produção.

Devido ao tamanho dos experimentos e da quantidade de tratamentos, bem como a demanda de mão-de-obra, os caracteres AM, DM e AC, foram avaliados em apenas três repetições, enquanto que a produção de grãos foi avaliada em todas (seis) repetições.

2.2.5 Análises estatístico-genéticas

Para cada caráter e para cada experimento (menor e maior DG) foram realizadas as análises de variância segundo o delineamento em látice com parcelas subdividas, com correção para estande (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992). Para isso, foi utilizado o software estatístico SAS[®] para Windows (*Statistical Analysis System*, SAS Institute, 2008) versão 9.2. Para o caráter acamamento (AC), as notas aplicadas na avaliação visual foram transformadas em $\sqrt{x+1}$ para ajustar os dados às exigências do modelo.

2.2.5.1 Análises de variância

O esquema da análise de variância com as respectivas esperanças dos quadrados médios está apresentado na Tabela 1, com base no seguinte modelo matemático (eq. 3) (COCHRAN; COX, 1966):

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk} + s_{l/i} + e_{ijkl} \quad (3)$$

em que:

- Y_{ijkl} : é o valor observado da progênie i , repetição j , bloco k e subparcela l ;
- μ : é a média geral (constante inerente a todas as observações);
- p_i : é o efeito fixo de progênie selecionadas i ($i = 1, 2, \dots, I = K^2$);
- r_j : é o efeito aleatório da repetição j ($j = 1, 2, \dots, J$);
- $b_{k(j)}$: é o efeito aleatório do bloco k ($k = 1, 2, \dots, K$) dentro da repetição j ;
- e_{ijk} : é o erro experimental associado a parcelas (erro a);
- $s_{l/i}$: é o efeito aleatório da linha pura l ($l = 1, 2, \dots, L$) dentro da progênie i ; e
- e_{ijkl} : é o erro experimental associado a subparcelas (erro b).

Com base nesse modelo, o esquema da análise de variância individual está apresentado na Tabela 1.

Tabela 1 - Esquema de análise de variância no delineamento em parcelas subdivididas, com parcelas arranjadas segundo o delineamento em látice

Fonte de Variação	GL	QM	F	E(QM)
Repetições (R)	(J-1)	QM _R	-	-
Blocos/R	J (K-1)	QM _B	-	-
Progênes Ajustadas (P)	(I-1)	QM _P	QM _P / QM _{EA}	$\sigma_{e(a)}^2 + RLV_p$
Erro Intrablocos (Erro a)	(K-1) (JK-K-1)	QM _{EA}	-	$\sigma_{e(a)}^2$
Linhas Puras/Progênes (L/P)	I (L-1)	QM _{L/P}	QM _{L/P} / QM _{EB}	$\sigma_{e(b)}^2 + R\sigma_{I(p)}^2$
Erro (b)	I (L-1) (J-1)	QM _{EB}	-	$\sigma_{e(b)}^2$
Total	(JIL-1)			

em que:

- QM_R : Quadrado médio de repetições;
- QM_B : Quadrado médio de blocos dentro de repetições;
- QM_P : Quadrado médio de progênes ajustadas;
- QM_{EA} : Quadrado médio do erro experimental intrablocos (erro a);
- QM_{L/P} : Quadrado médio de linhas puras dentro de progênes;
- QM_{EB} : Quadrado médio do erro experimental entre subparcelas (erro b);
- V_p : Variância genética entre progênes (efeito fixo);
- $\sigma_{I(p)}^2$: Variância genética entre linhas puras dentro de progênes;
- $\sigma_{e(a)}^2$: Variância do erro experimental intrablocos; e
- $\sigma_{e(b)}^2$: Variância do erro experimental entre subparcelas.

Identificada significância em linhas puras dentro de progênes (L/P), foi realizado o desdobramento do quadrado médio de cada linha pura dentro de progênes, com a finalidade de verificar a variação dentro de cada progênie avaliada.

2.2.5.2 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Com base nas esperanças dos quadrados médios dessas análises foram estimados os componentes de variância fenotípica para os dois experimentos, da seguinte maneira:

- estimativa da variância do erro experimental entre subparcelas, $\hat{\sigma}_{e(b)}^2$ (eq. 4),

$$\hat{\sigma}_{e(b)}^2 = \text{QM}_{EB} \quad (4)$$

- estimativa da variância genética entre linhas puras dentro de progênes, $\hat{\sigma}_{l/p}^2$ (eq. 5),

$$\hat{\sigma}_{l/p}^2 = \frac{\text{QM}_{L/P} - \text{QM}_{EB}}{R} \quad (5)$$

Considerando que as progênes estão na geração $F_{5:7}$, pode-se considerar que já se encontram muito próximas da homozigose completa e, conseqüentemente, de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), tem-se entre linhas puras dentro de progênes 1 $\sigma_{A(F_2)}^2$, ou seja (eq. 6):

$$\hat{\sigma}_{l/p}^2 \cong \hat{\sigma}_{A(F_2)}^2 \quad (6)$$

- estimativa da variância fenotípica entre médias de linhas puras dentro de progênes, $\hat{\sigma}_{\bar{F}(l/p)}^2$ (eq. 7),

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}(l/p)}^2 = \frac{\text{QM}_{L/P}}{R} \quad (7)$$

2.2.5.3 Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

Tendo em vista avaliar a resposta esperada com a seleção entre as linhas puras dentro de progênes (“seleção dentro”), também foram calculadas as

estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de linhagens dentro de progênies no sentido restrito ($\hat{h}_{L/P}^2$ %, eq. 8):

$$\hat{h}_{L/P}^2 \% = 100 \hat{\sigma}_{I/p}^2 / \hat{\sigma}_{F(I/p)}^2 \quad (8)$$

em que:

- $\hat{\sigma}_{I/p}^2$: estimativa da variância genética entre linhas puras dentro de progênies; e
- $\hat{\sigma}_{F(I/p)}^2$: estimativa da variância fenotípica entre médias de linhas puras dentro de progênies.

2.2.5.4 Cálculos de resposta à seleção

A fim de comparar as duas populações (duas origens de progênies) quanto ao potencial para produção de linhas superiores para a produção de grãos, foi estimada a resposta esperada com seleção (intensidade de 10%) dentro das progênies (entre as linhas puras) (resposta unitária, g.m⁻²: eq. 9; resposta percentual, %: eq. 10).

$$Rs = \bar{ds} \cdot \hat{h}_{L/P}^2 \quad (9)$$

$$Rs\% = \left(\frac{Rs}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (10)$$

em que:

- Rs : é a resposta esperada com seleção;
- \bar{ds} : é o diferencial médio de seleção, ou seja, é média dos diferenciais de seleção dentro de cada progênie (diferença entre a média da linha pura mais produtiva e a média geral da progênie correspondente);
- Rs% : é a resposta a seleção em porcentagem; e
- \bar{x} : é a média geral das progênies de cada população.

A média esperada da população melhorada (\bar{x}_m) foi estimada da seguinte forma (eq.11).

$$\bar{x}_m = \bar{x} + R_s \quad (11)$$

Com base nas estimativas de resposta à seleção foi possível determinar se uma população obtida através do cruzamento entre materiais com maior DG é capaz de gerar mais linhagens promissoras dentro de progênes ou maior resposta à seleção.

2.2.5.5 Estimação dos erros associados às estimativas

A precisão das estimativas dos componentes de variância foi aferida pelos intervalos de confiança das mesmas. Para as estimativas da variância do erro experimental entre subparcelas ($\hat{\sigma}_{e(b)}^2$), variância genética entre linhas puras dentro de progênes ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$) e da variância fenotípica entre médias de linhas puras dentro de progênes ($\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$), foram obtidos os intervalos de confiança (IC) com $\alpha = 95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992), e mostrados nas equações 12 a 14, a seguir:

$$IC(\hat{\sigma}_{e(b)}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_1 \hat{\sigma}_{e(b)}^2}{\chi_{n_1;0,975}^2} \leq \sigma_{e(b)}^2 \leq \frac{n_1 \hat{\sigma}_{e(b)}^2}{\chi_{n_1;0,025}^2} \right] \quad (12)$$

$$IC(\hat{\sigma}_{l/p}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_2 \hat{\sigma}_{l/p}^2}{\chi_{n_2;0,975}^2} \leq \sigma_{l/p}^2 \leq \frac{n_2 \hat{\sigma}_{l/p}^2}{\chi_{n_2;0,025}^2} \right] \quad (13)$$

$$IC(\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_3 \hat{\sigma}_{F(l/p)}^2}{\chi_{n_3;0,975}^2} \leq \sigma_{F(l/p)}^2 \leq \frac{n_3 \hat{\sigma}_{F(l/p)}^2}{\chi_{n_3;0,025}^2} \right] \quad (14)$$

em que:

- n_1, n_2 e n_3 : são os números de graus de liberdade associado à estimativa do respectivo componente de variância;
- $X_{n_t;0,975}^2$: é o valor tabelado de X^2 com n_t graus de liberdade e $\alpha = 97,5\%$ de probabilidade; e
- $X_{n_t;0,025}^2$: é o valor tabelado de χ^2 com n_t graus de liberdade e $\alpha = 2,5\%$ de probabilidade.

Os valores de n_2 foram obtidos segundo o procedimento descrito por Satterthwaite (1946) (eq. 15), que é empregado para calcular o número de graus de liberdade associados a uma estimativa de componente de variância resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com números de graus de liberdade conhecidos.

$$n_2 = \frac{(QM_{L/P} - QM_{E_B})^2}{\frac{(QM_{L/P})^2}{f_1} + \frac{(QM_{E_B})^2}{f_2}} \quad (15)$$

em que:

- $QM_{L/P}$: é o quadrado médio de linhas puras dentro de progênies;
- QM_{E_B} : é o quadrado médio do erro experimental entre subparcelas;
- f_1 : é o número de graus de liberdade de linhas puras dentro de progênies; e
- f_2 : é o número de graus de liberdade do erro experimental entre subparcelas.

Para as estimativas do coeficiente de herdabilidade no sentido restrito entre médias de linhagens dentro de progênies ($\hat{h}_{\bar{X}(l/p)}^2$) foram obtidos os intervalos de confiança (IC) com $\alpha = 95\%$ de probabilidade, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992), eq. 16:

$$\text{IC}(\hat{h}_{X(l/p)}^2)_{0,95} = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{\text{QM}_{L/P}}{\text{QM}_{E_B}} \right) F_{0,975:f_1,f_2} \right]^{-1} \leq \hat{h}_{X(l/p)}^2 \leq 1 - \left[\left(\frac{\text{QM}_{L/P}}{\text{QM}_{E_B}} \right) F_{0,025:f_1,f_2} \right]^{-1} \right\} \quad (16)$$

em que:

- $F_{0,975:f_1,f_2}$: é o valor da tabela de F com $\alpha = 97,5\%$ de probabilidade associado a f_1 graus de liberdade de linhas puras dentro de progênies e f_2 graus de liberdade do erro experimental entre subparcelas; e
- $F_{0,025:f_1,f_2}$: é o valor da tabela de F com $\alpha = 2,5\%$ de probabilidade associado a f_1 graus de liberdade de linhas puras dentro de progênies e f_2 graus de liberdade do erro experimental entre subparcelas.

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Análises de variância

As análises de variância individuais das progênies oriundas dos cruzamentos de menor e maior divergência genética (DG), e os coeficientes de variação experimental (CV%) para cada caráter avaliado, estão apresentados nas Tabelas 2 a 5.

Para produção de grãos (PG), os coeficientes de variação experimental (CV%) ficaram abaixo de 22% para os dois tipos de progênies (Tabela 2). Considerando que o caráter PG é de grande complexidade e sujeito a uma ampla gama de interferências na parte experimental, tanto em termos ambientais quanto de metodologia, é de se esperar que as análises tenham CVs% mais elevados. Os valores obtidos foram satisfatórios, comparados a outros trabalhos com o mesmo tipo de parcela (ACEVEDO BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009; ALVAREZ PARRA, 2011; FARIAS, 2013).

Tabela 2 - Análises de variância do caráter produção de grãos (PG), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

FV	GL	QM	
		Progênies F _{5:7} Menor DG	Progênies F _{5:7} Maior DG
Repetições (R)	5	30.522,6 ^{ns}	11.6470,9 [*]
Blocos/R	24	11.664,4 ^{ns}	34.023,2 [*]
Progênies Ajust. (P)	24	30.561,7 ^{ns}	24.974,6 ^{ns}
Erro Intrablocos (a)	95	21.868,6	19.099,1
Linhas Puras/Progênies	222 ⁽¹⁾ / 206 ⁽²⁾	14.840,6 ^{**}	29.387,7 ^{**}
Erro (b)	1.092 ⁽¹⁾ / 1.008 ⁽²⁾	6.760,8	11.651,7
CV%	-	21,0	21,7

^{**} e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Número de graus de liberdade das progênies F_{5:7} menor DG;

⁽²⁾: Número de graus de liberdade das progênies F_{5:7} maior DG.

Pode-se observar que não houve diferença significativa para fonte de variação 'Blocos/R' para a maioria dos caracteres em todos os experimentos, sendo que em 87,5% das análises de variância, os testes F não foram significativos e em

apenas uma análise foi significativa (12,5% do total), indicando a não ocorrência de uma elevada variação devido a blocos dentro de repetições e, portanto, que a área experimental era relativamente homogênea.

Não houve diferenças significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de menor e maior DG para o caráter PG, o que era esperado, já que as 25 progênies foram selecionadas para este caráter, com base em avaliações prévias em três ambientes. Em contrapartida, os quadrados médios de linhas puras dentro de progênies dos dois tipos de cruzamentos, foram altamente significativos pelo teste F ($P \leq 0,01$), indicando que existe diferença significativa entre as linhas puras dentro de progênies e, portanto, variabilidade genética que pode ser explorada, selecionando dentro de progênies (Tabela 2).

Tabela 3 - Análises de variância do caráter altura das plantas na maturação (AM), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{5:7}$ Menor DG	Progênies $F_{5:7}$ Maior DG
Repetições (R)	2	261,45 ^{ns}	30,01 ^{ns}
Blocos/R	12	265,66 ^{ns}	76,22 ^{ns}
Progênies Ajust. (P)	24	891,12 ^{**}	3.233,16 ^{**}
Erro Intrablocos (a)	36	156,53	62,16
Linhas Puras/Progênies	222 ⁽¹⁾ / 206 ⁽²⁾	149,80 ^{**}	180,99 ^{**}
Erro (b)	440 ⁽¹⁾ / 408 ⁽²⁾	31,48	18,61
CV%	-	9,04	5,42

^{**} e ^{ns}: Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Número de graus de liberdade das progênies $F_{5:7}$ menor DG;

⁽²⁾: Número de graus de liberdade das progênies $F_{5:7}$ maior DG.

Os coeficientes de variação experimental, para ambos os tipos de progênies (oriundas do cruzamento de menor e maior DG), para altura das plantas na maturação (9,04 e 5,42%, respectivamente, Tabela 3), número de dias para a maturação (2,07 e 2,90%, respectivamente, Tabela 4) e acamamento (10,02 e 7,36%, respectivamente, Tabela 5) foram satisfatórios e semelhantes àqueles em outros trabalhos, utilizando o mesmo tipo de parcela experimental (ACEVEDO BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009; ALVAREZ PARRA, 2011; FARIAS, 2013).

Tabela 4 - Análises de variância do caráter número de dias para a maturação (DM), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

FV	GL	QM	
		Progênes F _{5:7} Menor DG	Progênes F _{5:7} Maior DG
Repetições (R)	2	12,24 ^{ns}	187,58 ^{ns}
Blocos/R	12	35,57 ^{ns}	63,26 ^{ns}
Progênes Ajust. (P)	24	174,31 ^{**}	746,85 ^{**}
Erro Intrablocos (a)	36	37,55	72,88
Linhas Puras/Progênes	222 ⁽¹⁾ / 206 ⁽²⁾	43,42 ^{**}	90,65 ^{**}
Erro (b)	442 ⁽¹⁾ / 410 ⁽²⁾	8,43	19,66
CV%	-	2,07	2,90

** e ^{ns}: Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

(1): Número de graus de liberdade das progênes F_{5:7} menor DG;

(2): Número de graus de liberdade das progênes F_{5:7} maior DG.

Tabela 5 - Análises de variância do caráter acamamento (AC), referentes aos dois experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

FV	GL	QM	
		Progênes F _{5:7} Menor DG	Progênes F _{5:7} Maior DG
Repetições (R)	2	1,5583 [*]	0,00493 ^{ns}
Blocos/R	12	0,2268 ^{ns}	0,19013 ^{ns}
Progênes Ajust. (P)	24	0,6472 ^{**}	0,87682 ^{**}
Erro Intrablocos (a)	36	0,1141	0,13985
Linhas Puras/Progênes	222 ⁽¹⁾ / 206 ⁽²⁾	0,0608 ^{**}	0,05861 ^{**}
Erro (b)	444 ⁽¹⁾ / 412 ⁽²⁾	0,0337	0,02235
CV%	-	10,02	7,36

** e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

(1): Número de graus de liberdade das progênes F_{5:7} menor DG;

(2): Número de graus de liberdade das progênes F_{5:7} maior DG.

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênes F_{5:7} e entre linhas puras dentro de progênes, para os dois tipos de cruzamentos, para os caracteres AM, DM e AC (Tabelas de 3 a 5), indicando a ocorrência de variabilidade genética tanto entre como dentro de progênes para esses caracteres. A significância do quadrado médio de progênes F_{5:7} pode ser

explicada devido as 25 progênies terem sido selecionadas somente para o caráter PG.

Considerando que ocorre significância para a fonte de variação 'Linhas Puras/Progênies' de todos os experimentos e para os quatro caracteres avaliados, nos Anexos C a F encontram-se o desdobramento do quadrado médio das linhas puras dentro de progênies, facilitando desta forma a identificação do nível de significância dentro de cada progênie.

2.3.2 Análise das médias

Nas Tabelas de 6 a 9 estão apresentadas as médias de cada progênie, média geral das linhas puras dentro de progênies de cada experimento e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias e das linhas puras dentro de progênies (valores inferiores e superiores), tanto para os experimentos de maior DG quanto de menor DG, para os quatro caracteres avaliados. Para os cálculos das médias, amplitudes e intervalo de variação do caráter acamamento (AC) foram considerados os valores não transformados. As tabelas completas com as médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies $F_{5;7}$, para ambos os cruzamentos (maior e menor DG), para todos os caracteres, estão apresentadas nos Anexos A e B.

2.3.2.1 Produção de Grãos (PG)

As médias gerais de ambos os cruzamentos foram elevadas (Tabela 6), sendo elas: $392,0 \text{ g.m}^{-2}$ para o cruzamento de menor DG e $498,6 \text{ g.m}^{-2}$ para o cruzamento de maior DG, que correspondem a produtividades aproximadas de $3,9 \text{ t.ha}^{-1}$ e $5,0 \text{ t.ha}^{-1}$. Esses valores são muito satisfatórios e estão bastante acima das produtividades médias de soja do Brasil ($2,9 \text{ t.ha}^{-1}$), do estado de São Paulo ($3,2 \text{ t.ha}^{-1}$) e do estado do Paraná e Distrito Federal (ambos com $3,4 \text{ t.ha}^{-1}$), que é, atualmente, a maior do país (ano agrícola 2012/13, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB, 2013). Entretanto, vale ressaltar que as médias obtidas nesses experimentos são oriundas de parcelas de um metro quadrado avaliadas em um ambiente, e que o objetivo de compará-las com a média nacional e dos principais estados produtores, foi enfatizar o seu potencial.

Tabela 6 - Média da progênie (\bar{X}_p), média da linhagem inferior ($\bar{X}_{l(p(i))}$) e superior ($\bar{X}_{l(p(s))}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter produção de grãos (PG), em g.m⁻², para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies F_{5:7} ($\bar{X}_{F5:7}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{X}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 e \bar{P}_4)

Prog.	Menor DG					Maior DG				
	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$
1	361,5	300,9	400,0	99,1	8.898,1 ^{ns}	483,8	431,8	565,2	133,4	10.425,0 ^{ns}
2	373,5	328,2	440,5	112,3	7.015,8 ^{ns}	553,4	480,5	690,1	209,6	26.639,0 [*]
3	402,0	336,0	492,3	156,3	14.994,0 [*]	510,9	321,4	597,3	275,9	35.471,0 ^{**}
4	423,5	340,6	508,4	167,8	15.999,0 [*]	526,2	373,4	624,4	251,0	31.750,0 ^{**}
5	389,6	331,2	486,2	155,0	12.352,0 ^{ns}	506,2	398,5	597,6	199,1	24.701,0 [*]
6	411,4	359,8	588,0	228,2	28.924,0 ^{**}	520,6	451,8	636,9	185,1	16.379,0 ^{ns}
7	408,3	354,3	474,7	120,4	8.479,8 ^{ns}	503,0	429,0	569,0	140,0	15.478,0 ^{ns}
8	341,9	298,1	451,7	153,6	13.137,0 [*]	522,8	446,6	679,5	232,9	35.612,0 ^{**}
9	417,5	313,4	597,8	284,4	52.973,0 ^{**}	512,1	428,2	590,8	162,6	14.172,0 ^{ns}
10	456,9	345,7	552,0	206,3	27.365,0 ^{**}	504,7	413,0	661,0	248,0	32.616,0 ^{**}
11	370,7	274,2	402,5	128,3	8.286,4 ^{ns}	495,0	226,9	673,0	446,1	85.658,0 ^{**}
12	402,6	317,2	508,5	191,3	18.299,0 ^{**}	482,5	403,4	541,1	137,7	13.283,0 ^{ns}
13	397,9	346,1	449,8	103,7	8.872,4 ^{ns}	493,2	429,4	575,0	145,6	19.442,0 ^{ns}
14	382,6	337,4	420,5	83,1	5.919,7 ^{ns}	477,5	428,8	533,0	104,2	8.599,6 ^{ns}
15	424,5	351,7	502,8	151,1	9.644,2 ^{ns}	474,3	419,5	585,0	165,5	15.712,0 ^{ns}
16	391,4	321,1	465,5	144,4	13.112,0 [*]	477,0	180,0	615,9	435,9	95.352,0 ^{**}
17	391,6	344,0	471,3	127,3	11.113,0 ^{ns}	462,4	392,8	548,9	156,1	18.385,0 ^{ns}
18	379,2	319,1	439,9	120,8	10.943,0 ^{ns}	495,2	361,5	641,6	280,1	40.830,0 ^{**}
19	372,4	305,9	431,1	125,2	6.895,5 ^{ns}	489,9	435,3	550,0	114,7	11.780,0 ^{ns}
20	404,1	343,2	443,7	100,5	5.729,0 ^{ns}	487,8	326,7	586,7	260,0	35.756,0 ^{**}
21	411,3	366,9	442,7	75,8	4.165,0 ^{ns}	454,2	376,8	659,3	282,5	53.097,0 ^{**}
22	359,5	320,1	407,0	86,9	5.283,3 ^{ns}	492,4	404,7	575,7	171,0	17.819,0 ^{ns}
23	373,6	256,2	530,3	274,1	44.653,0 ^{**}	505,2	368,3	630,3	262,0	34.560,0 ^{**}
24	361,6	315,8	428,3	112,5	8.958,2 ^{ns}	507,5	436,0	587,1	151,1	11.520,0 ^{ns}
25	391,1	309,6	482,4	172,8	19.395,0 ^{**}	505,0	434,2	611,9	177,7	21.605,0 ^{ns}
	$\bar{X}_{F5:7}$		392,0			$\bar{X}_{F5:7}$		498,6		
	$\bar{X}_{l(i)}$		256,2			$\bar{X}_{l(i)}$		180,0		
	$\bar{X}_{l(s)}$		597,8			$\bar{X}_{l(s)}$		690,1		
	$\Delta_{\bar{X}}$		341,6			$\Delta_{\bar{X}}$		510,1		
	\bar{P}_1		363,7			\bar{P}_3		381,5		
	\bar{P}_2		354,3			\bar{P}_4		560,3		

^{**}, ^{*} e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 , \bar{P}_4 : Médias dos genitores IAC-12, IAC-100, EMBRAPA-60 e EMGOPA-315, respectivamente.

Pode-se observar uma superioridade de 27,2% na média geral de PG das progênes $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de maior DG em relação às progênes $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG, devendo refletir nos resultados de resposta à seleção em valor absoluto em que as progênes oriundas do cruzamento de maior DG partem de uma população com maior média. Observando-se os valores obtidos para os genitores do cruzamento de menor DG, a produção média de IAC-12 (P_1) e IAC-100 (P_2), foi de 363,7 e 354,3 $g.m^{-2}$, respectivamente, resultando em uma média geral de 359,0 $g.m^{-2}$. Já a produção média dos genitores do cruzamento de maior DG, EMBRAPA-60 (P_3) foi de 381,5 $g.m^{-2}$ e EMGOPA-315 (P_4) foi de 560,3 $g.m^{-2}$, resultando em uma média geral de 470,9 $g.m^{-2}$, que é 31,2% superior à média obtida para os genitores de menor DG, e isso explica em parte a maior média geral das progênes $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de maior DG. Nota-se que a diferença entre as médias dos genitores de menor divergência genética (IAC-12 e IAC-100) foi pequena, isto é, de 9,4 $g.m^{-2}$, enquanto que para o cruzamento de maior DG (EMBRAPA-60 e EMGOPA-315) foi de 178,8 $g.m^{-2}$. Esses resultados já eram esperados, visto que os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por diferirem quanto à divergência genética. Resultados semelhantes foram obtidos por Colombari Filho (2009), onde as diferenças entre os genitores foram de 41,1 e 191,2 $g.m^{-2}$, respectivamente para os mesmos cruzamentos (menor e maior DG), avaliando progênes $F_{2:3}$.

Entretanto, vale ressaltar que os valores dos caracteres avaliados obtidos para os genitores possuem menor precisão do que a média das progênes, pois estas foram obtidas com base na média de 25 progênes, sendo que cada progênie tinha em média 10 linhas puras repetidas seis vezes (totalizando 1.500 valores), ao passo que os genitores foram distribuídos entre os experimentos e fora do delineamento experimental do látice, compreendendo uma parcela de 10 linhas por genitor no início, meio e fim das repetições, resultando em 60 valores no total de cada genitor. Assim, fica evidente a existência de uma diferença na precisão dessas médias. Essa mesma observação vale para os demais caracteres avaliados, lembrando que para os caracteres AM, DM e AC, foram avaliados apenas em três repetições de cada experimento, e deve ser considerada em todos eles.

A amplitude entre médias de PG das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ no cruzamento de menor DG foi de 341,6 $g.m^{-2}$, enquanto a das linhas puras dentro

progênies no cruzamento de maior DG foi de 510,1 g.m⁻², ou seja, 49,3% superior. Isso indica que a variância de produção de grãos entre médias das linhas puras dentro de progênies oriundas de cruzamento entre genitores mais divergentes foi maior do que as provenientes do cruzamento de menor divergência genética. Como consequência desse fato, o intervalo de variação das médias das linhas puras do cruzamento de maior DG apresentou o valor mais baixo com 76,2 g.m⁻² a menos do que o menor valor das linhas puras do cruzamento de menor DG (180,0 contra 256,2 g.m⁻²); porém, nos valores mais altos, as linhas puras do cruzamento de maior DG superam as do cruzamento de menor DG em 92,3 g.m⁻² (690,1 contra 597,8 g.m⁻²). Essa superioridade também foi verificada por Colombari Filho (2009), avaliando progênies F_{2:3} desses mesmos cruzamentos, sendo que a amplitude das médias individuais das progênies do cruzamento de maior DG (667,1 g.m⁻²) foi 119,1% superior à do cruzamento de menor DG (304,4 g.m⁻²).

Verifica-se na Tabela 6 e Anexo C, a ocorrência de maior número de progênies com diferenças significativas para o teste F ($P \leq 0,05$) para as linhas puras dentro de progênies no cruzamento de maior DG (12 progênies contra 10 progênies, respectivamente para os cruzamentos de maior e menor DG). Isso significa que dentro dessas progênies pode-se explorar a variabilidade genética, visto que teoricamente tem-se entre linhas puras dentro de progênies F_{5:7}, $1 \sigma_{A(F_2)}^2$ (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), possibilitando a seleção das melhores linhas puras dentro de progênie.

2.3.2.1.1 Distribuição das linhas puras dentro de progênies para o caráter PG

A produção de grãos (PG) é o caráter mais importante para o melhoramento genético de soja e, além disso, também é o mais desafiador em função da sua maior complexidade. Em função disso, esse caráter foi analisado em maior profundidade no presente trabalho, a fim de entender melhor o seu comportamento e o resultado em cruzamentos de genitores com diferentes níveis de divergências genéticas.

Na Figura 1, estão apresentados os histogramas dos dois cruzamentos e também de forma sobreposta, de todas as linhagens para o caráter produção de grãos (PG), com as médias gerais das progênies F_{5:7} dos dois tipos de cruzamentos ($\bar{F}_{5:7}$ menor DG e $\bar{F}_{5:7}$ maior DG).

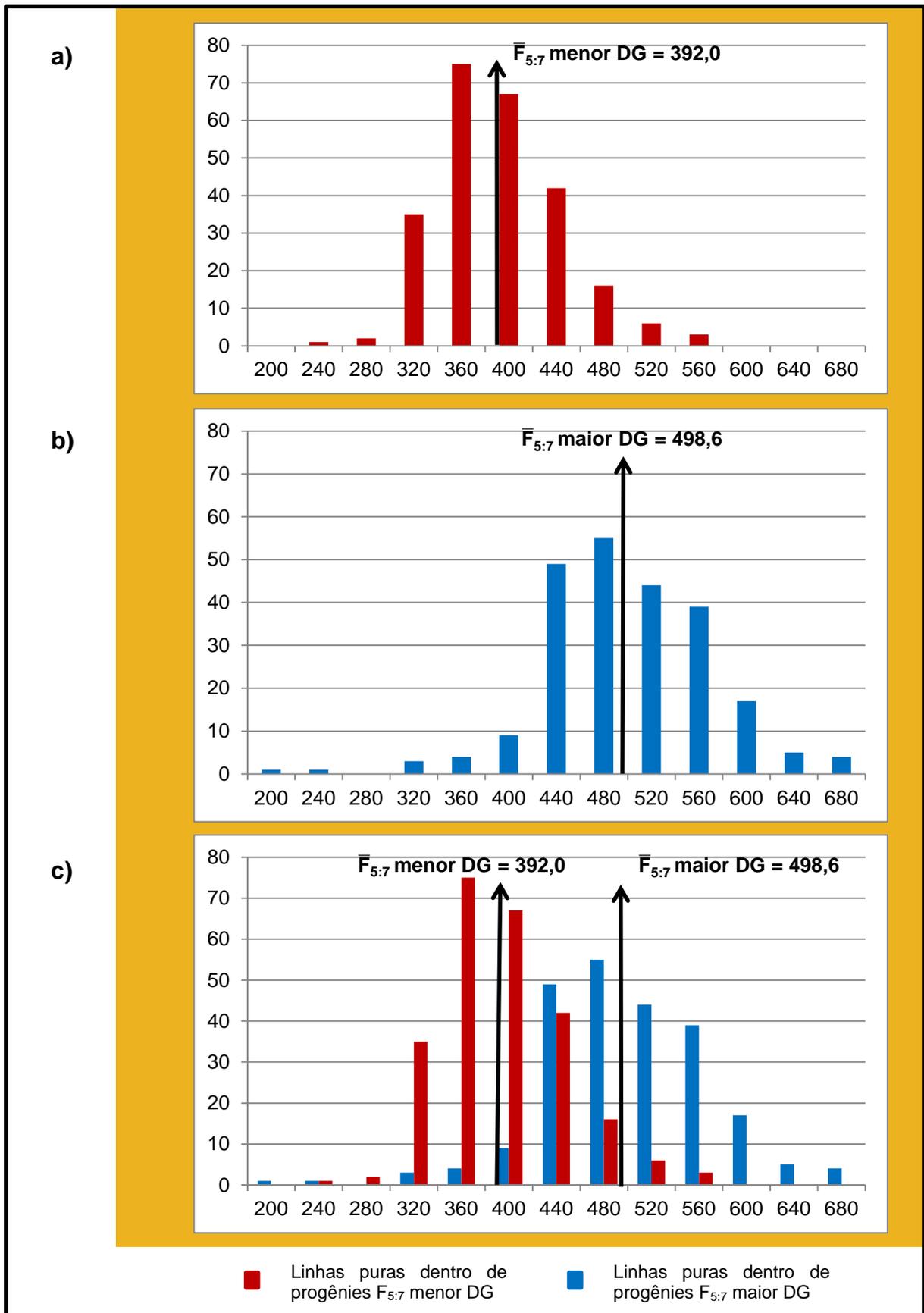


Figura 1 - Histograma do caráter produção de grãos (PG), em g.m⁻²: a) apenas as linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de menor DG; b) apenas as linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de maior DG; c) os dois tipos de linhas puras dentro de progênes

Observando-se os histogramas, é possível visualizar que a distribuição das linhas puras do cruzamento de maior DG possui média superior à do cruzamento de menor DG, o que se evidencia nas classes na cor azul. Assim, o cruzamento entre genitores mais divergentes tem um maior potencial de gerar linhas puras superiores.

Com relação à variabilidade genética, visualizada através do gráfico (Figura 1), pode-se notar que a variabilidade genética é maior nas linhas puras de progênies oriundas do cruzamento de maior DG (em azul) em relação à de menor DG. Esse fato é corroborado pela maior amplitude observada entre linhas puras dentro de progênies do cruzamento de maior DG ($510,1 \text{ g.m}^{-2}$) em comparação com menor DG ($341,6 \text{ g.m}^{-2}$) (Tabela 6), isto é, o intervalo de variação da primeira ($180,0$ a $690,1 \text{ g.m}^{-2}$) é superior àquele do cruzamento de menor DG ($256,2$ a $597,8 \text{ g.m}^{-2}$).

Esses resultados são corroborados por aqueles de Colombari Filho (2009), onde foram avaliadas progênies $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, em que a média e amplitude das médias das progênies no cruzamento de maior DG ($470,0$ e $667,1 \text{ g.m}^{-2}$, respectivamente) foram superiores ao cruzamento de menor DG ($394,7$ e $304,4 \text{ g.m}^{-2}$, respectivamente).

2.3.2.2 Altura das Plantas na Maturação (AM)

A altura das plantas de soja, especialmente na maturação, que é a fase de colheita, é uma característica importante quando se considera a colheita mecanizada, sendo que pode variar de 20 a 150 cm ou mais, conforme o cultivar, a época de plantio, as características do solo, os fatores climáticos etc. A altura mínima desejável para a colheita mecanizada em solos de topografia plana é em torno de 50 a 60 cm, embora, na maioria das condições, as plantas de soja com cerca de 70 a 80 cm permitam uma operação mais eficiente das máquinas. Já as plantas muito acima de 100 cm tendem ao acamamento e dificultam a eficiência dessas colheitadeiras, reduzindo a produção (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

As médias gerais de AM foram de 62,1 cm para progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG e de 79,6 cm para progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de maior DG, isto é, uma superioridade de 28,2% no segundo caso (maior DG). Observando-se os genitores do cruzamento de menor DG, a altura média das plantas na maturação (AM) dos cultivares IAC-12 (P_1) e IAC-100 (P_2), foi de 57,7 e 57,2 cm,

respectivamente, resultando em uma média geral de 57,4 cm. Já a AM dos genitores do cruzamento de maior DG, EMBRAPA-60 (P_3) foi de 75,1 cm e EMGOPA-315 (P_4) foi de 90,3 cm, resultando em uma média geral de 82,7 cm, que é 44,1% superior à média obtida para os genitores de menor DG, e isso explica a maior média geral das progênies $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de maior DG (Tabela 7). Entretanto, apesar de terem plantas mais altas, as progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de maior DG não superaram a média do genitor EMGOPA-315.

Nota-se que a diferença entre as médias dos genitores de menor DG (IAC-12 e IAC-100) foi pequena, isto é, de 0,5 cm, enquanto que para o cruzamento de maior DG (EMBRAPA-60 e EMGOPA-315) foi de 15,2 cm. Resultados semelhantes foram obtidos por Colombari Filho (2009), onde as diferenças entre os mesmos genitores foram de 4,3 e 32,3 cm, respectivamente.

A amplitude entre médias ($\Delta\bar{x}$) de AM das linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG foi de 55,4 cm, enquanto a das linhas puras dentro progênies do cruzamento de maior DG foi de 69,6 cm, ou seja, 25,6% superior. Isso indica que a variância de altura das plantas na maturação entre médias das linhas puras dentro de progênies oriundas de cruzamento entre genitores mais divergentes foi maior do que as provenientes do cruzamento de menor divergência genética. Já os intervalos de variação indicam que as linhas puras no cruzamento de maior DG apresentaram valores mais altos de altura, tanto na média mínima quanto na máxima (39,0 a 108,6 cm). Essa superioridade também foi verificada por Colombari Filho (2009), avaliando progênies $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, sendo que a amplitude das médias individuais das progênies do cruzamento de maior DG (61,0 cm) foi 56,4% superior ao cruzamento de menor DG (39,0 cm).

Verifica-se na Tabela 7 e Anexo D, a ocorrência de maior número de progênies com diferenças significativas para o teste F ($P \leq 0,05$) para as linhas puras dentro de progênies no cruzamento de maior DG (23 progênies contra 21 progênies, respectivamente para os cruzamentos de maior e menor DG). Isso significa que dentro dessas progênies pode-se explorar a variabilidade genética, possibilitando a seleção das melhores linhas puras dentro de progênies.

Tabela 7 - Média da progênie (\bar{X}_p), média da linhagem inferior ($\bar{X}_{l(p(i))}$) e superior ($\bar{X}_{l(p(s))}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm, para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies F_{5:7} ($\bar{X}_{F5:7}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{X}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 e \bar{P}_4)

Prog.	Menor DG					Maior DG				
	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$
1	53,5	48,0	66,0	18,0	85,9 **	85,4	75,0	95,0	20,0	138,1 **
2	66,9	54,7	82,1	27,4	140,6 **	87,3	80,7	91,0	10,3	52,1 **
3	58,2	51,3	71,3	20,0	153,5 **	77,9	60,0	95,3	35,3	230,5 **
4	75,0	62,0	89,7	27,7	187,2 **	86,1	62,3	94,3	32,0	244,0 **
5	64,9	53,3	76,3	23,0	167,3 **	82,1	68,3	100,3	32,0	473,4 **
6	65,1	50,7	79,7	29,0	278,4 **	81,0	75,7	85,7	10,0	36,6 *
7	68,5	51,3	82,0	30,7	277,3 **	77,4	71,7	87,0	15,3	65,0 **
8	48,3	34,3	66,0	31,7	215,7 **	92,3	86,3	95,7	9,4	26,2 ns
9	57,5	44,7	73,7	29,0	323,9 **	80,6	73,3	84,7	11,4	34,4 ns
10	68,2	53,3	83,0	29,7	444,5 **	84,5	72,7	96,7	24,0	160,6 **
11	64,1	53,7	70,0	16,3	90,6 **	89,3	66,0	100,7	34,7	426,1 **
12	60,4	51,7	71,3	19,6	152,3 **	87,4	79,7	94,7	15,0	77,3 **
13	68,0	58,3	79,3	21,0	121,1 **	80,9	72,7	96,0	23,3	166,6 **
14	56,7	52,7	59,3	6,6	19,8 ns	88,0	81,0	97,7	16,7	169,6 **
15	66,6	52,7	78,3	25,6	167,6 **	74,5	65,7	81,7	16,0	89,9 **
16	64,7	53,7	74,0	20,3	137,6 **	70,1	39,0	83,0	44,0	470,2 **
17	60,4	49,7	69,7	20,0	134,5 **	89,1	84,7	97,7	13,0	69,2 **
18	59,1	54,0	65,3	11,3	36,2 ns	76,2	58,3	86,3	28,0	344,2 **
19	63,7	55,3	74,8	19,5	69,1 *	90,4	80,7	96,7	16,0	100,4 **
20	61,5	57,7	68,3	10,6	29,5 ns	60,1	52,7	86,0	33,3	275,1 **
21	62,2	54,0	69,7	15,7	80,4 **	53,5	46,7	77,3	30,6	416,2 **
22	67,4	52,0	73,7	21,7	107,9 **	68,4	55,3	76,3	21,0	147,0 **
23	55,1	45,7	73,3	27,6	228,2 **	93,2	83,0	108,6	25,6	149,2 **
24	56,4	53,3	59,7	6,4	11,7 ns	81,7	74,0	91,0	17,0	124,6 **
25	62,0	51,7	71,7	20,0	129,3 **	51,6	47,0	62,0	15,0	79,0 **
	$\bar{X}_{F5:7}$		62,1			$\bar{X}_{F5:7}$		79,6		
	$\bar{X}_{l(i)}$		34,3			$\bar{X}_{l(i)}$		39,0		
	$\bar{X}_{l(s)}$		89,7			$\bar{X}_{l(s)}$		108,6		
	$\Delta_{\bar{X}}$		55,4			$\Delta_{\bar{X}}$		69,6		
	\bar{P}_1		57,7			\bar{P}_3		75,1		
	\bar{P}_2		57,2			\bar{P}_4		90,3		

** , * e ns: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 , \bar{P}_4 : Médias dos genitores IAC-12, IAC-100, EMBRAPA-60 e EMGOPA-315, respectivamente.

2.3.2.3 Número de Dias para a Maturação (DM)

O número de dias do plantio à maturação das plantas mostra o ciclo daquele genótipo. Na maioria dos cultivares, ele varia entre 75 e 210 dias, embora, dentro de um mesmo cultivar, esse número também pode oscilar, dependendo de fatores como clima, época de semeadura (fotoperíodo), latitude e altitude da região (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

As médias gerais para DM foram de 140,2 dias para progênes $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG e de 153,0 dias para progênes $F_{5:7}$ do cruzamento de maior DG. Observa-se, portanto, uma pequena superioridade de 9,1% na média das progênes $F_{5:7}$ no cruzamento de maior DG. Para o cruzamento de menor DG, o DM dos genitores IAC-12 (P_1) e IAC-100 (P_2), foi de 137,0 e 133,8 dias, respectivamente, resultando em uma média geral de 135,4 dias. Já o DM dos genitores do cruzamento de maior DG foi de 142,7 dias para EMBRAPA-60 (P_3) e de 155,4 dias para EMGOPA-315 (P_4), resultando em uma média geral de 149,0 dias, que é 10,0% superior à média obtida para os genitores de menor DG. Isso explica a maior média geral das progênes $F_{5:7}$ no cruzamento de maior DG (Tabela 8).

Nota-se que a diferença entre as médias dos genitores de menor divergência genética (IAC-12 e IAC-100) foi pequena, isto é, de 3,2 dias, enquanto que para o cruzamento de maior DG (EMBRAPA-60 e EMGOPA-315) foi de 12,7 dias. Resultados semelhantes foram obtidos por Colombari Filho (2009), onde as diferenças entre os mesmos genitores foram de 3,8 e 12,8 dias, respectivamente para menor e maior DG, e, portanto bastante semelhantes às do presente trabalho.

A amplitude entre médias de DM das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG foi de 30,0 dias, enquanto a das linhas puras dentro progênes oriundas do cruzamento de maior DG foi de 29,0 dias, ou seja, praticamente iguais. Em contrapartida, Colombari Filho (2009) obteve amplitude das médias individuais das progênes do cruzamento de maior DG (32,0 dias) superior em relação ao cruzamento de menor DG (15,0 dias). Vale ressaltar que no caráter DM há uma alta dependência de condições ambientais que provoquem a manifestação do caráter de forma diferenciada nos genótipos, sendo uma possível explicação para os diferentes resultados. Já os intervalos de variação indicam que as linhas puras no cruzamento de menor DG apresentaram valores mais altos de dias, tanto na média mínima quanto na máxima (136,0 a 165,0 dias).

Tabela 8 - Média da progênie (\bar{X}_p), média da linhagem inferior ($\bar{X}_{l(p(i))}$) e superior ($\bar{X}_{l(p(s))}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias, para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{X}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 e \bar{P}_4)

Prog.	Menor DG					Maior DG				
	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$
1	141,7	137,0	145,3	8,3	23,91 **	163,5	157,7	165,0	7,3	24,7 ns
2	146,1	141,0	149,0	8,0	22,89 **	152,0	148,0	162,3	14,3	64,9 **
3	140,0	133,3	149,0	15,7	65,85 **	150,2	146,7	157,0	10,3	31,1 ns
4	142,5	139,0	146,6	7,6	20,45 *	155,3	141,7	165,0	23,3	168,9 **
5	138,6	135,0	141,0	6,0	12,80 ns	151,9	141,7	165,0	23,3	209,2 **
6	144,6	141,0	155,6	14,6	62,47 **	157,2	147,7	162,3	14,6	56,8 **
7	140,1	134,6	147,6	13,0	44,25 **	152,2	143,3	157,7	14,4	49,6 **
8	137,7	132,6	141,3	8,7	20,55 *	155,9	149,0	165,0	16,0	78,8 **
9	141,2	135,0	158,0	23,0	120,38 **	153,0	148,7	160,3	11,6	47,0 *
10	143,1	137,0	147,6	10,6	31,67 **	153,2	148,0	161,7	13,7	57,3 **
11	138,2	132,6	143,3	10,7	27,49 **	155,4	149,7	162,3	12,6	50,0 **
12	142,8	137,0	151,0	14,0	72,38 **	155,6	146,7	161,7	15,0	91,4 **
13	135,4	128,0	141,0	13,0	47,92 **	155,1	148,0	165,0	17,0	118,9 **
14	138,0	130,3	141,0	10,7	32,29 **	152,1	148,0	159,0	11,0	53,5 **
15	140,5	139,0	142,0	3,0	4,16 ns	163,2	153,0	165,0	12,0	53,2 **
16	142,8	129,0	153,3	24,3	111,12 **	151,8	139,3	161,7	22,4	173,0 **
17	138,8	134,6	141,3	6,7	14,91 ns	147,6	141,0	151,3	10,3	42,7 *
18	141,0	137,0	143,0	6,0	8,00 ns	156,9	141,0	165,0	24,0	245,4 **
19	135,4	132,3	141,0	8,7	24,87 **	158,1	151,0	165,0	14,0	55,8 **
20	141,5	140,0	143,0	3,0	2,08 ns	142,3	136,0	165,0	29,0	231,8 **
21	140,8	131,3	154,6	23,3	138,75 **	143,4	137,7	162,3	24,6	264,9 **
22	137,9	133,5	143,3	9,8	27,37 **	147,7	141,0	152,7	11,7	42,8 *
23	140,8	132,6	151,9	19,3	68,70 **	159,0	154,7	165,0	10,3	40,6 *
24	136,8	133,6	143,3	9,7	29,27 **	152,1	146,7	159,0	12,3	38,4 *
25	138,4	131,3	144,3	13,0	46,40 **	141,3	137,7	149,0	11,3	48,6 **
	$\bar{X}_{F_{5:7}}$		140,2			$\bar{X}_{F_{5:7}}$		153,0		
	$\bar{X}_{l(i)}$		128,0			$\bar{X}_{l(i)}$		136,0		
	$\bar{X}_{l(s)}$		158,0			$\bar{X}_{l(s)}$		165,0		
	$\Delta_{\bar{X}}$		30,0			$\Delta_{\bar{X}}$		29,0		
	\bar{P}_1		137,0			\bar{P}_3		142,7		
	\bar{P}_2		133,8			\bar{P}_4		155,4		

** , * e ns: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 , \bar{P}_4 : Médias dos genitores IAC-12, IAC-100, EMBRAPA-60 e EMGOPA-315, respectivamente.

Verifica-se na Tabela 8 e Anexo E, a ocorrência de maior número de progênies com diferenças significativas para o teste F ($P \leq 0,05$) para as linhas puras dentro de progênies no cruzamento de maior DG (23 progênies contra 20 progênies, respectivamente para os cruzamentos de maior e menor DG). Isso significa que dentro dessas progênies pode-se explorar a variabilidade genética, possibilitando a seleção das melhores linhas puras.

2.3.2.4 Acamamento (AC)

O acamamento das plantas de soja é uma característica agrônômica indesejável que pode ocasionar perdas de grãos durante a colheita mecanizada. Plantas muito altas e com caule muito fino tendem ao acamamento com relativa facilidade, enquanto aquelas com caule excessivamente grosso, embora muitas vezes apresentem produtividade superior, acabam dificultando o corte e a debulha dentro das máquinas (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

As médias gerais (notas) de AC foram de 2,50 para progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de menor DG e de 3,30 para progênies $F_{5:7}$ do cruzamento de maior DG, isto é, estas foram em média 32,0% superior àquelas. Esse fato pode ser explicado pela maior média geral de altura das plantas na maturação (AM) nas progênies $F_{5:7}$ de maior DG quando comparadas às progênies $F_{5:7}$ de menor DG, visto que os dois caracteres (AC e AM) são positivamente correlacionados. Observando-se os valores obtidos para os genitores do cruzamento de menor DG, as notas de AC dos cultivares IAC-12 (P_1) e IAC-100 (P_2), foram de 2,37 e 2,73, respectivamente, resultando em uma média geral de 2,55. Já o AC dos genitores do cruzamento de maior DG, EMBRAPA-60 (P_3) foi de 2,23 e EMGOPA-315 (P_4) foi de 4,03, resultando em uma média geral de 3,13, que é 22,7% superior à média dos genitores de menor DG, e isso explica a maior média geral das progênies $F_{5:7}$ oriundas do cruzamento de maior DG (Tabela 9).

Nota-se que a diferença entre as médias das notas dos genitores de menor divergência genética (IAC-12 e IAC-100) foi pequena, de 0,36; já para o cruzamento de maior DG (EMBRAPA-60 e EMGOPA-315) esta foi de 1,80. Resultados semelhantes foram obtidos por Colombari Filho (2009), onde as diferenças entre os mesmos genitores foram de 0,21 para o cruzamento de maior DG, e não houve diferença para o cruzamento de menor DG (mesmas notas).

Tabela 9 - Média da progênie (\bar{X}_p), média da linhagem inferior ($\bar{X}_{l(p(i))}$) e superior ($\bar{X}_{l(p(s))}$), amplitude de variação das médias (Δ_x) e quadrado médio entre linhagens dentro de progênies ($QM_{L/P}$) de cada progênie, para o caráter acamamento (AC), avaliado em notas de 1 a 5 notas (não transformadas), para os cruzamentos de menor e de maior DG, bem como média geral das progênies $F_{5:7}$ ($\bar{X}_{F_{5:7}}$), intervalo de variação ($\bar{X}_{l(i)}$ e $\bar{X}_{l(s)}$) e amplitude entre médias das linhagens dentro de progênie ($\Delta_{\bar{X}}$), e médias dos dois genitores de cada cruzamento (\bar{P}_1 , \bar{P}_2 , \bar{P}_3 e \bar{P}_4)

Prog.	Menor DG					Maior DG				
	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$	\bar{X}_p	$\bar{X}_{l(p(i))}$	$\bar{X}_{l(p(s))}$	Δ_x	$QM_{L/P}$
1	2,07	1,67	3,33	1,66	0,0697 *	2,96	2,67	3,33	0,66	0,0152 ns
2	2,10	1,33	2,67	1,34	0,0403 ns	3,33	2,67	4,00	1,33	0,0271 ns
3	2,23	1,33	3,00	1,67	0,0862 **	3,90	1,67	5,00	3,33	0,1607 **
4	2,87	2,33	3,67	1,34	0,0424 ns	3,77	2,33	4,67	2,34	0,0702 **
5	2,87	1,33	4,33	3,00	0,1455 **	2,44	2,00	3,33	1,33	0,0648 **
6	2,17	1,00	3,33	2,33	0,1208 **	4,23	3,67	5,00	1,33	0,0268 ns
7	3,52	3,00	4,33	1,33	0,0300 ns	3,80	3,00	4,33	1,33	0,0350 ns
8	1,87	1,33	4,00	2,67	0,1283 **	3,48	2,67	4,33	1,66	0,0348 ns
9	1,90	1,00	2,33	1,33	0,0603 ns	2,57	1,33	4,00	2,67	0,1236 **
10	2,48	2,00	3,33	1,33	0,0542 ns	3,43	3,00	4,33	1,33	0,0357 ns
11	3,03	2,67	4,00	1,33	0,0344 ns	3,67	2,67	4,33	1,66	0,0317 ns
12	2,37	1,67	3,33	1,66	0,0499 ns	3,86	3,00	4,67	1,67	0,0456 ns
13	3,93	3,67	4,33	0,66	0,0081 ns	4,41	2,67	5,00	2,33	0,0750 **
14	1,87	1,00	2,33	1,33	0,0452 ns	3,29	2,33	3,67	1,34	0,0324 ns
15	2,87	2,00	3,33	1,33	0,0342 ns	3,54	3,00	4,33	1,33	0,0302 ns
16	2,00	1,67	2,67	1,00	0,0474 ns	3,13	1,00	4,67	3,67	0,1763 **
17	2,07	1,33	2,33	1,00	0,0358 ns	4,27	3,67	4,67	1,00	0,0113 ns
18	2,03	1,67	2,33	0,66	0,0163 ns	3,37	2,33	4,33	2,00	0,0773 **
19	3,23	2,00	4,00	2,00	0,0837 **	4,23	3,67	5,00	1,33	0,0239 ns
20	2,47	2,00	3,00	1,00	0,0170 ns	1,97	1,67	2,33	0,66	0,0230 ns
21	2,10	1,00	3,00	2,00	0,0813 *	2,11	1,33	3,67	2,34	0,1529 **
22	2,97	2,00	4,00	2,00	0,0779 *	2,30	1,67	3,00	1,33	0,0520 *
23	1,90	1,33	2,67	1,34	0,0822 *	3,37	3,00	4,00	1,00	0,0244 ns
24	2,90	2,33	3,67	1,34	0,0325 ns	3,13	2,67	4,00	1,33	0,0289 ns
25	2,87	1,67	3,67	2,00	0,0887 **	1,73	1,00	3,00	2,00	0,0972 **
	$\bar{X}_{F_{5:7}}$	2,50				$\bar{X}_{F_{5:7}}$	3,30			
	$\bar{X}_{l(i)}$	1,00				$\bar{X}_{l(i)}$	1,00			
	$\bar{X}_{l(s)}$	4,33				$\bar{X}_{l(s)}$	5,00			
	$\Delta_{\bar{X}}$	3,33				$\Delta_{\bar{X}}$	4,00			
	\bar{P}_1	2,37				\bar{P}_3	2,23			
	\bar{P}_2	2,73				\bar{P}_4	4,03			

**, * e ns: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

$\bar{P}_1, \bar{P}_2, \bar{P}_3, \bar{P}_4$: Médias dos genitores IAC-12, IAC-100, EMBRAPA-60 e EMGOPA-315, respectivamente.

A amplitude entre médias de AC das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ no cruzamento de menor DG foi de 3,33, enquanto a das linhas puras dentro progênes no cruzamento de maior DG foi de 4,00, ou seja, 20,1% superior. Isso mostra que a variância de notas de acamamento entre médias das linhas puras dentro de progênes oriundas de cruzamento entre genitores mais divergentes deve ser maior do que as provenientes do cruzamento de genitores de menor divergência genética. Isso também se refletiu nos intervalos de variação, sendo que, para as linhas puras do cruzamento de maior DG, a média inferior foi semelhante e a média superior foi mais alta, quando comparadas àquelas das linhas puras do cruzamento de menor DG (Tabela 9). Essa superioridade também foi verificada por Colombari Filho (2009), avaliando progênes $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, sendo que a amplitude das médias individuais das progênes do cruzamento de maior DG (0,81) foi 37,3% superior ao cruzamento de menor DG (0,59).

Verifica-se na Tabela 9 e Anexo F, a ocorrência de mesmo número de progênes com diferenças significativas para o teste F ($P \leq 0,05$) para as linhas puras dentro de progênes no cruzamento de maior e menor DG (10 progênes para ambos os cruzamentos). Isso significa que dentro dessas progênes pode-se explorar a variabilidade genética para este caráter.

2.3.3 Estimativas dos componentes de variância

Na Tabela 10 estão apresentadas as estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$), das variâncias fenotípicas entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{\bar{F}(l/p)}^2$) e das variâncias do erro experimental [erro entre subparcelas ($\hat{\sigma}_{e(b)}^2$)] para todos os caracteres avaliados, assim como os intervalos de confiança associadas às mesmas.

As estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ para todos os caracteres avaliados foram todas positivas e estatisticamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) (Tabela 10). Todas as estimativas de variância genética entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ para todos os caracteres avaliados, apresentaram pequenos intervalos de confiança, indicando

boa precisão. Vale ressaltar que as estimativas são consideradas precisas quando são obtidas a partir de um elevado número de progênies (>100) de cada população, utilizando de três a quatro repetições (GUMBER et al., 1999), que é o caso do presente trabalho. Conclui-se, portanto, que houve diferenças significativas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ para todos os caracteres avaliados.

Tabela 10 - Estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$), das variâncias fenotípicas entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$) e das variâncias do erro experimental entre subparcelas ($\hat{\sigma}_{e(b)}^2$) de cada cruzamento (menor e maior DG), com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

	PG		AM		DM		AC	
	C ₁	C ₂						
LS	1.979,7	4.261,3	51,02	68,44	15,00	31,01	0,01504	0,01733
$\hat{\sigma}_{l/p}^2$	1.346,6	2.956,0	39,44	54,12	11,66	23,67	0,00902	0,01209
LI	979,2	2.207,3	31,61	44,33	9,39	18,77	0,00605	0,00902
LS	3.006,7	6.000,7	60,70	73,91	17,59	37,02	0,0246	0,0239
$\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$	2.473,4	4.897,9	49,94	60,33	14,47	30,22	0,0203	0,0195
LI	2.070,8	4.074,3	41,81	50,18	12,12	25,14	0,0170	0,0162
LS	7.365,7	12.739,8	36,1	21,5	9,66	22,65	0,0387	0,0257
$\hat{\sigma}_{e(b)}^2$	6.760,8	11.651,7	31,5	18,6	8,43	19,66	0,0337	0,0223
LI	6.227,7	10.697,8	27,7	16,3	7,42	17,22	0,0297	0,0196

PG: Produção de grãos [(g.m⁻²)²]; AM: Altura das plantas na maturação (cm²); DM: Número de dias para a maturação (dias²); AC: Acamamento [(notas 1-5, transformada em $(\sqrt{x+1})^2$); C₁: Cruzamento entre genitores com menor DG; C₂: Cruzamento entre genitores com maior DG.

Tabela 11 - Razões entre as variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{l/p}^2$) e as variâncias fenotípicas entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$) entre cruzamentos de maior e menor DG para todos os caracteres avaliados e a média das razões

Componente	PG	AM	DM	AC	Média
$\hat{\sigma}_{l/p}^2$	2,19	1,37	2,03	1,34	1,73
$\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$	1,98	1,21	2,09	0,96	1,56

As estimativas apresentadas na Tabela 10 indicam que ocorreu uma superioridade de 119,5% e 103,0% (razão de 2,19 e 2,03, para os caracteres PG e DM, respectivamente, de acordo com a Tabela 11) na variância genética entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ do caráter PG e DM, respectivamente, no cruzamento entre os genitores com maior divergência genética. Além disso, para os caracteres PG e DM nem houve sobreposição entre os intervalos de confiança (Tabela 10), o que demonstra de fato que as variâncias genéticas são estatisticamente diferentes entre os dois cruzamentos. Diferenças mais pronunciadas ainda foram verificadas por Colombari Filho (2009), avaliando progênes $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, sendo que a variância genética entre progênes $F_{2:3}$ foi igual a $4.862,4 (g.m^{-2})^2$ e $38,84 (dias)^2$ para PG e DM, respectivamente, para o cruzamento de maior DG e de $97,0 (g.m^{-2})^2$ e $6,03 (dias)^2$ para PG e DM, respectivamente, para o cruzamento de menor DG. Já para os demais caracteres (AM e AC), os valores das razões entre os cruzamentos de maior e menor DG, para $\hat{\sigma}_{l/p}^2$, foram de magnitudes bem menores, isto é, 1,37 e 1,34 (Tabela 11), respectivamente para AM e AC. Observando-se os intervalos de confiança para o caráter AM, o limite superior da $\hat{\sigma}_{l/p}^2$ do cruzamento de menor DG não inclui a estimativa da variância genética entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ do cruzamento de maior DG, da mesma forma que o limite inferior deste não inclui a estimativa da primeira. Apesar da sobreposição, isso indica que há uma diferença entre as populações, sendo a variância genética maior para aquela de maior DG. Já para o caráter AC, quando analisado conjuntamente com os intervalos de confiança, estes estão sobrepostos, indicando que as variâncias genéticas não diferem entre os dois cruzamentos.

Assim, o cruzamento de maior DG resultou em aumento de razão média de 73% na variância genética entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$, o que é considerável e relevante, podendo dessa forma aumentar a probabilidade do melhorista em obter um genótipo superior ou transgressivo.

As estimativas dos componentes de variância fenotípica entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ ($\hat{\sigma}_{F(l/p)}^2$) para todos os caracteres avaliados foram todas positivas e estatisticamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) (Tabela 10). Conforme se pode observar, estas apresentaram as mesmas tendências observadas para as estimativas das variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ para a maioria dos caracteres, ou seja, foi superior no cruzamento de maior DG

comparado ao cruzamento de menor DG para os caracteres PG, AM e DM, não diferindo estatisticamente para o caráter AC.

As estimativas das variâncias do erro experimental entre subparcelas apresentam valores diferentes entre os dois cruzamentos, para cada caráter avaliado (Tabela 10). Para todos os caracteres os intervalos de confiança calculados indicam que essas estimativas apresentam diferenças significativas quando comparados os dois cruzamentos (maior e menor DG), já que os limites dos intervalos de confiança não se sobrepõem. Sendo assim, é importante salientar que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade obtidas para esses caracteres devem ser observadas com cautela.

2.3.4 Estimativas do coeficiente de herdabilidade

Uma das principais finalidades de se estimar a herdabilidade e os parâmetros genéticos que a compõem é possibilitar a comparação dos ganhos esperados com a seleção baseados em diferentes estratégias (HOLLAND; NYQUIST; CERVANTES-MARTÍNEZ, 2003). Na Tabela 12 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$, no sentido restrito, em percentagem ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos provenientes do cruzamento de menor e maior DG.

Observa-se (Tabela 12) que todas as estimativas dos quatro caracteres foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) nos dois tipos de cruzamentos. Observa-se que os valores não diferiram muito entre os dois tipos para os caracteres PG e DM. Já para AM e AC, os valores foram inferiores para o cruzamento de menor DG. Todos esses comportamentos não refletem as tendências apresentadas anteriormente para as variâncias genéticas entre linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$. A explicação para este fato pode ser observado nas variâncias do erro entre subparcelas que se mostraram estatisticamente diferentes, sendo que para os caracteres PG e DM, as estimativas de $\hat{\sigma}_{e(b)}^2$ do cruzamento de maior DG foram superiores ao de menor DG (em 72,3 % e 133,2% para PG e DM, respectivamente), o que reduziu o coeficiente de herdabilidade do cruzamento de maior DG, apesar de haver uma superioridade na variância genética no cruzamento de maior DG de 119,5% e 103,0%, respectivamente para PG e DM. Comportamento contrário foi

observado nos caracteres AM e AC, onde os valores de $\hat{\sigma}_{e(b)}^2$ no experimento do cruzamento de menor DG foram superiores ao maior DG (em 69,3 % e 51,1% para AM e AC, respectivamente), o que reduziu o coeficiente de herdabilidade do cruzamento de menor DG.

Tabela 12 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, no sentido restrito, entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$), proveniente do cruzamento de menor e maior DG, em porcentagem (%), com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		L/P _{F_{5:7}} menor DG	L/P _{F_{5:7}} maior DG
PG	LS	62,6	67,7
	$\hat{h}_{x(l/p)}^2$	54,4	60,4
	LI	43,7	50,6
AM	LS	83,2	91,9
	$\hat{h}_{x(l/p)}^2$	79,0	89,7
	LI	73,5	86,9
DM	LS	84,5	82,8
	$\hat{h}_{x(l/p)}^2$	80,6	78,3
	LI	75,5	72,4
AC	LS	55,6	69,8
	$\hat{h}_{x(l/p)}^2$	44,5	61,9
	LI	30,0	51,4

PG: Produção de grãos; AM: Altura das plantas na maturação; DM: Número de dias para a maturação; AC: Acamamento.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ para o caráter produção de grãos (PG) foram de 54,4% no cruzamento de menor DG e 60,4% no cruzamento de maior DG, que podem ser consideradas altas (Tabela 12). A produção de grãos é um caráter quantitativo, controlado por um grande número de locos, e isso faz com que o efeito do ambiente

seja mais pronunciado e, conseqüentemente, a herdabilidade seja normalmente mais baixa. Entretanto, no presente trabalho foram utilizados seis repetições, o que causou uma redução considerável das variâncias fenotípicas, resultando em magnitudes mais elevadas dos coeficientes de herdabilidade. Diversos trabalhos na literatura apresentam estimativas do coeficiente de herdabilidade mais baixas para PG, entre eles os trabalhos de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963) e de Kwon e Torrie (1964), que obtiveram valores abaixo de 35%, assim como Toledo et al. (2000), que obtiveram estimativas entre 19 e 33%. Já outros autores relatam valores próximos aos apresentados aqui, como Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998), de zero a 63%; Backes et al. (2002), de 16 a 70%; Brim (1973), de 3 a 58%; Farias Neto e Vello (2001), de 53%; e Reis et al. (2002), de 31 a 77%. Entre os trabalhos realizados no mesmo ambiente, com o mesmo tipo de parcela e envolvendo os mesmos cruzamentos, Colombari Filho (2009) obteve estimativas de 3,3% para cruzamento de menor DG e 41,3% para o cruzamento de maior DG, avaliando progênies $F_{2:3}$, mas com apenas duas repetições. Entretanto, vale ressaltar que nenhum deles utilizou progênies na mesma geração que as do presente trabalho.

Para o caráter altura das plantas na maturação (AM), as estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ foram de 79,0% no cruzamento de menor DG e de 89,7% no cruzamento de maior DG (Tabela 12), valores considerados altos, porém, inferior na primeira, concordando com a maioria dos trabalhos de soja semelhantes, como Backes et al. (2002), com valores de 59 a 92% e Reis et al. (2002), de 86 a 98%. Entre os trabalhos com parcelas semelhantes a este, Carvalho (2008) obteve estimativas de 86% para AM em progênies $F_{2:4}$, enquanto Alvarez Parra (2011), trabalhando com progênies $F_{2:3}$, obteve estimativas variando de 58 a 88%, respectivamente. Colombari Filho (2009) avaliando progênies $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, obteve estimativas de 56,9 e 84,0% para os cruzamentos de menor e maior DG, respectivamente.

Com relação ao caráter número de dias para a maturação (DM), as estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ mais uma vez foram bastante elevadas: 80,6% para o cruzamento de menor DG e 78,3% para o cruzamento de maior DG (Tabela 12), não diferindo estatisticamente entre si. Outros trabalhos com soja também apresentaram

estimativas elevadas de herdabilidade para DM, como Backes et al. (2002), de 47 a 80% e Reis et al. (2002), de 86 a 98%. Colombari Filho (2009) avaliando progênes $F_{2:3}$ desses mesmos cruzamentos, obteve estimativas de 70,9 e 91,9% para os cruzamentos de menor e maior DG, respectivamente.

Finalmente, para o caráter acamamento (AC), as estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ foram de 44,5% para o cruzamento de menor DG e de 61,9% para o cruzamento de maior DG (Tabela 12), valores considerados médios a altos, respectivamente, porém, inferior na primeira. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para acamamento variam muito entre diferentes trabalhos. Isso se deve à forma subjetiva da avaliação (por meio de notas visuais), além da dependência de condições ambientais que permitam a manifestação do caráter de forma diferenciada nos genótipos (por exemplo: fertilidade do solo e incidência de ventos ou chuvas fortes). Brim (1973) apresentou estimativas variando de 43 a 75% em diversos trabalhos, enquanto Farias Neto e Vello (2001) obtiveram valores de 45 e 52%. Colombari Filho (2009) avaliando progênes $F_{2:3}$ no mesmo ambiente e com parcelas iguais às deste estudo, obteve estimativas ainda mais baixas para estes mesmos cruzamentos, sendo 20,2 e 50,9% nos cruzamentos de menor e maior DG, respectivamente.

2.3.5 Resposta à seleção

A estimativa da resposta à seleção permite ao melhorista escolher o método mais promissor para alcançar os objetivos do programa de melhoramento, por meio de critérios técnicos e objetivos (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992), bem como avaliar o potencial da população para fins de melhoramento. Neste sentido, foi estimada a resposta à seleção entre médias de linhas puras dentro das progênes $F_{5:7}$. Foi simulada uma porcentagem de seleção no caráter PG de 10%, isto é, a seleção da melhor linha pura dentro de cada progênie. Este critério foi mantido mesmo quando a progênie não tinha dez linhas puras, ou seja, a porcentagem de seleção foi um pouco maior. Para isso foram ordenadas as linhas puras dentro de cada progênie (Anexos A e B).

Nas Tabelas 13 e 14 estão apresentadas as médias das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ para o caráter PG nos dois cruzamentos (maior e menor DG, respectivamente), juntamente com as médias correspondentes dos

demais caracteres (seleção indireta), além das médias originais (\bar{x}_o), os diferenciais de seleção médios (\bar{d}_s), as estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), as respostas à seleção em valor absoluto (Rs) e percentual (Rs%), além das estimativas das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$).

Para obter o diferencial de seleção médio (\bar{d}_s), nos Anexos de G a N estão apresentados os diferenciais de seleção (ds) de cada progênie (diferença entre a média da linha pura selecionada e a média geral da progênie correspondente). O diferencial de seleção médio (\bar{d}_s) corresponde à média dos diferenciais de seleção dentro de progênies.

Observando-se as linhas puras selecionadas dentro de cada progênie do cruzamento de maior DG, fica evidente a superioridade dos valores de PG, quando comparados às linhas puras selecionadas das progênies oriundas do cruzamento de menor DG, pois as médias das 25 melhores linhas puras dentro de progênie (\bar{x}_i) foram, respectivamente, de 605,0 g.m⁻² contra 472,7 g.m⁻², ou seja, uma diferença de 132,3 g.m⁻² ou 28% (Tabelas 13 e 14). Além dessa grande diferença, nota-se que todas as linhas puras selecionadas dentro de progênies provenientes do cruzamento de maior DG, produziram mais de 500 g.m⁻², que é um valor bastante elevado (equivalente a 5 t.ha⁻¹). Portanto, são genótipos com grande potencial para gerar materiais muito produtivos.

Comparando-se os valores absolutos de resposta à seleção (Rs) para PG dos dois tipos de cruzamentos, observa-se que a superioridade do cruzamento de maior DG em relação às de menor DG é notável. Com porcentagem de seleção de 10%, a Rs (resposta à seleção absoluta) esperada no cruzamento de menor DG foi de 43,9 g.m⁻² contra 64,8 g.m⁻² no cruzamento de maior DG, que representa uma superioridade de 47,6%. Em termos práticos, um aumento de 64,8 g.m⁻² equivale a um aumento de 0,648 t.ha⁻¹ na produção de grãos. A análise da produtividade média de soja no Brasil nos últimos 15 anos mostra que houve um aumento de cerca de 1 t.ha⁻¹ (CONAB, 2013). Já o trabalho de Wilcox (2001) apresenta os avanços de produtividade dos cultivares liberados nos Estados Unidos e Canadá num período de 60 anos, indicando que o aumento médio anual fica na faixa de 20 a 30 kg.ha⁻¹ (2 a 3 g.m⁻²), ou 1% ao ano. Essas informações demonstram que os resultados obtidos

no presente trabalho são significativos; porém deve-se ressaltar que tais resultados são experimentais, resultantes da avaliação em um único ambiente, e, portanto, tais comparações devem ser olhadas com cautela.

Tabela 13 - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ para o caráter PG, proveniente do cruzamento de maior DG, juntamente com as médias correspondentes dos demais caracteres (seleção indireta), além das médias das 25 linhas puras superiores (\bar{x}_1), médias originais (\bar{x}_0), diferencial de seleção médio (\bar{d}_s), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%) e estimativas das médias da população melhorada (\hat{x}_m)

Progênie	Linha Pura	PG	AM	DM	AC
1	6	565,2	94,0	160,3	3,00
2	4	690,1	81,0	162,3	4,00
3	10	597,3	73,7	157,0	3,00
4	5	624,4	94,3	165,0	4,67
5	1	597,6	95,0	158,3	3,00
6	7	636,9	82,0	161,7	4,33
7	1	569,0	78,7	153,7	3,67
8	4	679,5	93,0	159,0	3,33
9	6	590,8	83,7	151,3	3,33
10	6	661,0	80,0	155,7	3,33
11	4	673,0	100,7	155,7	2,67
12	7	541,1	87,3	146,7	3,33
13	3	575,0	75,0	148,0	4,67
14	8	533,0	97,3	154,3	3,33
15	7	585,0	81,7	165,0	3,00
16	8	615,9	72,7	161,7	3,67
17	1	548,9	86,7	151,3	4,00
18	4	641,6	85,7	159,0	2,33
19	2	550,0	95,3	165,0	3,67
20	1	586,7	86,0	165,0	2,33
21	6	659,3	77,3	162,3	3,67
22	7	575,7	76,3	149,0	2,33
23	6	630,3	108,6	158,3	3,00
24	1	587,1	78,0	149,0	2,67
25	4	611,9	59,3	146,7	3,00
\bar{x}_1		605,0	84,93	156,85	3,33
\bar{x}_0		498,6	79,64	153,01	3,30
\bar{d}_s		107,3	5,37	3,82	0,041
$\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %		60,4	89,71	78,33	61,87
Rs		64,8	4,82	2,99	0,026
Rs%		13,0	6,05	1,95	0,77
\hat{x}_m		563,3	84,46	156,00	3,33

PG: Produção de grãos ($g.m^{-2}$); AM: Altura das plantas na maturação (cm); DM: Número de dias para a maturação (dias); AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Tabela 14 - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ para o caráter PG, proveniente do cruzamento de menor DG, juntamente com as médias correspondentes dos demais caracteres (seleção indireta), além das médias das 25 linhas puras superiores (\bar{x}_1), médias originais (\bar{x}_0), diferencial de seleção médio (\bar{d}_s), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ ($\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%) e estimativas das médias da população melhorada (\hat{x}_m)

Progênie	Linha Pura	PG	AM	DM	AC
1	1	400,0	51,3	144,3	1,67
2	4	440,5	67,0	149,0	1,67
3	6	492,3	65,3	149,0	2,00
4	6	508,4	89,7	146,6	3,00
5	7	486,2	76,3	137,0	4,33
6	9	588,0	79,7	144,3	3,33
7	2	474,7	82,0	134,6	3,00
8	9	451,7	66,0	135,0	4,00
9	2	597,8	73,7	141,0	2,33
10	7	552,0	82,7	144,3	2,33
11	7	402,5	57,7	139,0	2,67
12	6	508,5	71,3	147,6	2,67
13	10	449,8	75,3	135,0	4,33
14	4	420,5	59,3	140,0	1,00
15	6	502,8	78,3	140,0	3,00
16	7	465,5	56,0	129,0	1,67
17	5	471,3	60,7	137,0	2,33
18	6	439,9	61,7	143,0	2,00
19	4	431,1	74,8	135,6	3,67
20	3	443,7	62,0	142,0	2,67
21	1	442,7	60,7	139,0	2,33
22	8	407,0	70,0	143,3	3,00
23	6	530,3	73,3	151,9	2,67
24	4	428,3	56,7	134,6	2,67
25	6	482,4	58,7	144,3	3,00
\bar{x}_1		472,7	68,41	141,06	2,69
\bar{x}_0		392,0	62,10	140,20	2,50
\bar{d}_s		80,7	6,24	0,86	0,19
$\hat{h}_{x(l/p)}^2$ %		54,4	78,97	80,58	44,50
Rs		43,9	4,93	0,69	0,08
Rs%		11,2	7,94	0,49	3,32
\hat{x}_m		435,9	67,03	140,89	2,58

PG: Produção de grãos ($g.m^{-2}$); AM: Altura das plantas na maturação (cm); DM: Número de dias para a maturação (dias); AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).

A análise dos outros caracteres apresentados nas Tabelas 13 e 14 também permite algumas observações interessantes quanto à resposta à seleção (Rs). Com relação à DM, as variações foram de baixa magnitude, o que indica que a seleção

para PG não provocou grandes alterações no ciclo. Já sobre a altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC), a magnitude do aumento de altura das plantas na maturação e no acamamento no cruzamento de maior DG foi de apenas 4,82 cm e 0,026 (nota), respectivamente, frente a 64,8 g.m⁻² de aumento na produção, enquanto que no cruzamento de menor DG o aumento em AM e AC foi de 4,93 cm e 0,08 (nota), respectivamente, e 43,9 g.m⁻² em PG.

Além disso, é preciso analisar as estimativas das médias esperadas das populações melhoradas (\hat{x}_m), já que os dois tipos de progênies (cruzamentos de menor e maior DG) partem de médias originais diferentes ($\bar{F}_{5:7}$ menor DG igual a 392,0 g.m⁻² e $\bar{F}_{5:7}$ maior DG igual a 498,6 g.m⁻²), ou seja, já superiores naquelas derivadas do cruzamento de maior DG. De acordo com resultados apresentados nas Tabelas 13 e 14, pode-se observar que a médias esperadas das populações melhoradas para PG foi de 563,3 g.m⁻² e de 435,9 g.m⁻² para os cruzamentos de maior e menor DG, respectivamente, ou seja, a população melhorada derivada do cruzamento de maior DG teria uma produção média 29,2% superior à população derivada do cruzamento de menor DG. Vale ressaltar que os progressos genéticos obtidos no presente trabalho são acumulados, pois se explorou inicialmente a seleção entre progênies com base no desempenho médio das famílias em três ambientes (seleção de 25 progênies mais produtivas) e, posteriormente, dentro de progênies $F_{5:7}$, selecionando-se a melhor linha pura de cada progênie.

A comparação entre os dois tipos de cruzamento relacionado ao caráter PG e aos outros caracteres selecionados indiretamente estão resumidas na Tabela 15.

Tabela 15 - Superioridade percentual da estimativa da média da população melhorada obtida com a seleção das melhores linhas puras dentro de progênies no cruzamento de maior DG em relação ao cruzamento de menor DG, para o caráter PG e os demais caracteres selecionados indiretamente, considerando a porcentagem de seleção de 10%

PG	AM	DM	AC
29,2	28,2	9,1	29,1

Pode ser observar, portanto, que a superioridade da média esperada na população melhorada do cruzamento de maior DG é de 29,2% para o caráter PG, e um pouco menor para a altura das plantas na maturação (28,2%) e para o acamamento (29,1%). Isso significa que a seleção das progênies superiores em produção acarreta em média uma resposta correlacionada na AM e AC, o que não é

desejável. A resposta indireta de altura e acamamento (AM e AC) devida à seleção em produção (PG) era esperada, pois é de amplo conhecimento que as plantas mais altas também costumam ser mais produtivas, devido às correlações positivas entre estes caracteres, conforme demonstraram diversos trabalhos (JOHNSON; ROBINSON; COMSTOCK, 1955; ANAND; TORRIE, 1963; KWON; TORRIE, 1964; BACKES et al., 2002; FARIAS, 2013). Geralmente, a altura mínima das plantas de soja deve ser de 50 a 60 cm, sendo o tamanho ideal entre 70 e 80 cm, enquanto alturas superiores a 100 cm já provocam maior acamamento e perdas na colheita (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005). Unêda-Trevisoli et al. (2010) avaliaram 19 cultivares comerciais de soja no Estado de São Paulo e obtiveram uma média de altura na maturação de 88 cm. Portanto, uma altura de 84,5 cm na estimativa da média da população melhorada do cruzamento de maior DG, ainda pode ser considerada adequada, especialmente quando se leva em conta a produtividade média $563,3 \text{ g.m}^{-2}$, que equivale a $5,6 \text{ t.ha}^{-1}$ (Tabela 13).

As linhas puras mais interessantes para o melhoramento devem reunir características como alta produção, menor altura e menor acamamento. Conforme já foi discutido, o maior problema relacionado com plantas muito altas de soja se deve ao maior acamamento, que aumenta as perdas na colheita. Portanto, a seleção de genótipos com notas menores de acamamento se mostra mais importante do que, necessariamente, os de plantas mais baixas. Assim, observando-se as linhas puras mais produtivas de progênies oriundas de ambos os cruzamentos (Tabelas 13 e 14), é possível identificar algumas com médias de AC menores do que a média dos seus genitores (para o cruzamento de menor DG, a média de AC dos genitores foi de 2,55, e para o cruzamento de maior DG, a média de AC dos genitores foi de 3,13). Para o cruzamento de menor DG, 10 apresentaram AC inferior à média dos genitores, enquanto que para o cruzamento de maior DG, foram encontradas 11. Portanto, é possível encontrar genótipos que reúnam as características de interesse, isto é, genótipos de alta produção de grãos, mas com boas características agronômicas. No cruzamento de menor DG (Tabela 14), observa-se algumas linhas puras com valores de AM elevados, como no caso da progênie 9/Linha pura 2 e da progênie 10/Linha pura 7 (73,7 e 82,7 cm, respectivamente) mas com baixo acamamento (2,33 e 2,33, respectivamente). Já para o cruzamento de maior DG, pode-se verificar os mesmos comportamentos para as linhas puras superiores das progênies 1, 5, 11 e 23 (Tabela 13), entre outras.

2.3.6 Considerações Finais

Os resultados do presente trabalho evidenciaram o potencial de ganhos com seleção entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ para ambas as populações, sendo este, porém, bem superior no cruzamento de maior divergência genética. Porém tornam-se importantes algumas considerações envolvendo conjuntamente a etapa anterior, que é a seleção entre progênies. Como a seleção foi feita entre médias de progênies $F_{2:4}$, cabe lembrar que nesta seleção explora-se $1 \sigma_A^2$ e, posteriormente, $1 \sigma_A^2$ na etapa de seleção entre linhas puras dentro de progênies (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992)

A Tabela 16 apresenta alguns resultados referentes a estas duas populações (maior e menor DG) desde o início das avaliações que permitem comparar a resposta à seleção nas duas populações em diferentes etapas.

Tabela 16 - Estimativas das médias das populações originais (menor e maior DG) e de respostas esperadas e observadas com seleção entre progênies $F_{2:4}$ e entre linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ para a produção de grãos em soja, em $g.m^{-2}$

População	Unidade de Seleção	Ano	Menor DG Média	Maior DG Média	Diferença ($g.m^{-2}$)	Diferença ($kg.ha^{-1}$)
a) Original	-	2007/08 2008/09	448,0	509,3	61,3	613
b) Melhorada (Esperada)	Entre $F_{2:4}$	2007/08 2008/09	458,0	567,2	109,2	1.092
c) Melhorada (Observada)	Entre $F_{2:4}$	2012/13	392,0	498,6	106,6	1.066
d) Melhorada (Esperada)	Dentro $F_{5:7}$	2012/13	435,9	563,3	127,4	1.274

As populações originais (a) correspondem às médias de avaliação de 100 progênies $F_{2:4}$ em três ambientes (COLOMBARI FILHO, 2009; dados parciais). Com base nessas médias foram selecionadas as 25 progênies mais produtivas, ou seja, praticou-se uma percentagem de seleção de 25%. Com base nas estimativas de parâmetros genéticos foram estimadas as respostas à seleção entre médias de progênies $F_{2:4}$ (b). Em seguida estas progênies foram avaliadas, a partir de uma

amostra de 10 linhas puras de cada progênie, obtendo-se uma estimativa da resposta observada com seleção entre progênies (c). Com base nesta avaliação foram estimadas as respostas à seleção com intensidade de 10%, entre médias de linhas puras dentro de progênies (d). Os resultados dos itens c e d referem-se a este trabalho. Em resumo, tem-se a resposta à seleção referente à seleção entre progênies $F_{2:4}$ (esperada e observada) e a resposta à seleção entre linhas puras dentro das progênies selecionadas na etapa anterior.

A evolução das médias das populações permite comparar as respostas nas duas populações. Observa-se que inicialmente as populações diferiam em $613 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, em favor da população de maior DG. Após um ciclo de seleção entre progênies a diferença passou a ser maior, isto é, $1.092 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (média esperada), ou $1.066 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (média observada). Após um ciclo de seleção entre linhas puras dentro de progênies a diferença passou a ser de $1.274 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ (média esperada). Portanto a diferença entre a média das duas populações após duas etapas de seleção passou de $613 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$ a $1.274 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, isto é, um aumento de $661 \text{ kg}\cdot\text{ha}^{-1}$, ou 107,8%. Este valor corresponde a uma diferença considerável, isto é, de $0,66 \text{ t}\cdot\text{ha}^{-1}$. Estes resultados são corroborados por aqueles apresentados por Colombari Filho (2009), nas mesmas populações, que verificou a ocorrência de uma associação bastante forte entre estimativas de divergências genéticas obtidas com marcadores AFLP e variabilidade genética da população e, conseqüentemente, da resposta à seleção.

Finalmente, cabe questionar as diferenças nas respostas à seleção entre e dentro de progênies, visto que a seleção entre progênies $F_{2:4}$ explora $1 \sigma_A^2$ da população, enquanto que a seleção entre linhas puras dentro de progênies também explora $1 \sigma_A^2$ da população (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Os resultados apresentados, porém, mostram que aproximadamente 70% da resposta à seleção ocorreu devido à seleção entre progênies e o restante (cerca de 30%) devido à seleção entre linhas puras dentro de progênies. Tais resultados podem ter ocorrido devido a dois fatores: a) a seleção entre progênies foi baseada na média de três ambientes, que contribui para uma maior precisão devido à redução dos componentes da interação na seleção, ao passo que a seleção entre linhas puras dentro de progênies foi baseada em apenas um ambiente, refletindo em uma seleção com menor precisão; b) pode ter ocorrido também um problema de amostragem dentro de progênies, visto que foram tomadas apenas 10 linhas puras ao acaso de cada progênie selecionada.

Uma amostra maior aumentaria a probabilidade de aparecimento de progênies superiores às obtidas no presente trabalho. Isso, porém, geraria um número muito grande de linhas puras a serem avaliadas, dificultando os trabalhos de experimentação para avaliação.

É importante considerar ainda que na seleção entre linhas puras dentro de progênies foi utilizado um critério único para todas as progênies, isto é seleção da melhor linha pura de cada progênie (10% de intensidade). Entretanto, algumas progênies geraram um número maior de linhas puras superiores, de modo que nestas poderiam ter sido selecionadas mais linhas puras (duas ou três, por exemplo), enquanto que em outras não ter selecionado nenhuma, o que seria mais correto em programas de melhoramento. Isso não foi feito porque no presente trabalho o objetivo era verificar o potencial da seleção entre linhas puras dentro de progênies.

Portanto, os resultados conjuntos deste trabalho e de trabalhos anteriores (COLOMBARI FILHO, 2009) permitem sugerir a utilização de medidas de divergência genética obtidas com marcadores moleculares AFLP na etapa de seleção de genitores para cruzamentos em soja para aumentar a eficiência do melhoramento desta espécie, devido à redução do número de cruzamentos. Isto, evidentemente, após a escolha dos genitores potenciais para cruzamentos, visto que existem outros fatores na seleção de genitores que devem ser considerados, como ciclo, adaptação à região, resistência a doenças, etc.

REFERÊNCIAS

- ABREU, A.F.B. **Predição do potencial genético de populações segregantes do feijoeiro utilizando genitores inter-raciais**. 1997. 79 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1997.
- ABREU, A.F.B.; RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. Prediction of seed-yield potential of common bean populations. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 3, p. 323-327, Jul. 2002.
- ACEVEDO BARONA, M.A. **Epistasia e interação por locais para a produção de grãos em soja**. 2007. 81 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.
- AJMONE-MARSAN, P.; CASTIGLIONI, P.; FUSARI, F.; KUIPER, M.; MOTTO, M. Genetic diversity and its relationship to hybrid performance in maize as revealed by RFLP and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 96, n. 2, p. 219-227, Feb. 1998.
- ALVAREZ PARRA, R.M. **Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos em soja**. 2011. 99 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- ANAND, S.C.; TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison, v. 3, n. 6, p. 508-511, Nov. 1963.
- 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 F₅ e F₆ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 49, n. 282, p. 201-216, Fev. 2002.
- BARROSO, P.A.V.; GERALDI, I.O.; VIEIRA, M.L.C.; PULCINELLI, C.E.; VENCOVSKY, R.; DIAS, C.T.S. Predicting performance of soybean populations using genetic distances estimated with RAPD markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 26, n. 3, p. 343-348, May. 2003.
- BENCHIMOL, L.L.; SOUZA JUNIOR, C.L.; GARCIA, A.A.F.; KONO, P.M.S.; MANGOLIN, C.A.; BARBOSA, A.M. Genetic diversity in tropical maize inbred lines: heterotic group assignment and hybrid performance determined by RFLP markers. **Plant Breeding**, Berlin, v. 119, n. 6, p. 491-497, Dec. 2000.

BERNARDO, R. Relationship between single-cross performance and molecular marker heterozygosity. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 83, n. 5, p. 628-634, Mar. 1992.

BETRÁN, J.; RIBAUT, J.M.; BECK, D.; GONZALEZ DE LEON, D. Genetic diversity, specific combining ability, and heterosis in tropical maize under stress and nonstress environments. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 797-806, May. 2003.

BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.; GERALDI, I.O. Prediction of genetic variability through AFLP-based measure of genetic distance in soybean, **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 6, p. 30-39, Mar. 2006a.

BONATO, A.L.V.; CALVO, E.S.; GERALDI I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil, using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 4, p. 692-704, Sept. 2006b.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 4th ed. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.

BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding in soybeans. In: CALDWELL, B.E. (Ed.) **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, 1973. chap. 5, p.155-186.

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

BURKHAMER, R.L.; LANNING, S.P.; MARTENS, R.J.; MARTIN, J.M.; TALBERT, L.E. Predicting progeny variance from parental divergence in hard red spring wheat. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 1, p. 243-248, Jan. 1998.

BURTON, J.W.; BROWNIE, C. Heterosis and inbreeding depression in two soybean single crosses. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 6, p. 2643-2648, Nov. 2006.

CARNEIRO, J.E.S.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; GONÇALVES, F.M.A. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 4, p. 515-523, Dec. 2002.

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

CARVALHO, V.P. **Identificação de marcadores moleculares para a resistência ao Nematóide de Cisto da Soja [*Heterodera glycines* (Ichinohe)]**. 1999. 75 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 1999.

CERNA, F.J.; CIANZIO, S.R.; RAFALSKI, A.; TINGEY, S. Relationship between seed yield heterosis and molecular marker heterozygosity in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 95, n. 3, p. 460-467, Aug. 1997.

CHARCOSSET A., ESSIUX L. The effect of population structure on the relationship between heterosis and heterozygosity at marker loci. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 89, n. 3, p. 336-343, Oct. 1994.

CHARCOSSET, A.; MOREAU, L. Use of molecular markers for development of new cultivars and the evaluation of genetic diversity. **Euphytica**, Wageningen, v.137, n. 1, p. 81-94, Jul. 2004.

CHERES, M.T.; MILLER, J.F.; CRANE, J.M.; KNAPP, S.J. Genetic distance as a predictor of heterosis and hybrid performance within and between heterotic groups in sunflower. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 100, n. 6, p. 889-894, Apr. 2000.

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

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, Austin, v. 39, n. 6, p. 859-882, Nov. 1954.

COLOMBARI FILHO, J.M. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. 2009. 98 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

COLOMBARI FILHO, J.M.; GERALDI, I.O.; BARONA, M.A.A. Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de grãos em soja. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 940-945, Jul-Aug. 2010.

CONAB. **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, décimo segundo levantamento**. Brasília: Conab, 2013. 30 p.

CONAB. Disponível em:

<http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_12_16_18_25_sojaseri_ehist.xls> Acesso em: 24 jan. 2014.

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

DIAS, W.P.; SILVA, J.F.V.; CARNEIRO, G.E.S.; GARCIA, A.; ARIAS, C.A.A. Nematóides de cisto da soja: biologia e manejo pelo uso da resistência genética. **Nematologia Brasileira**, Piracicaba, v. 33, n. 1, p. 1-16, Mar. 2009.

DUDLEY, J.W.; SAGHAI MAROOF, M.A.; RUFENER, G.K. Molecular marker information and selection of parents in corn breeding programs. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 2, p. 301-304, Mar./Apr. 1992.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279 p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Essex, England: Longman, 1996. 464 p.

FARIAS, G.J. **Retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos em soja**. 2013. 141 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.

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.

FEDERAÇÃO DAS INDÚSTRIAS DO ESTADO DE SÃO PAULO (FIESP). Safra mundial de soja 2013/2014 – **12º Levantamento do USDA**. São Paulo - Departamento do Agronegócio/DEAGRO, 2014

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: MacMillan, 1987. 536 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E.; BURMOOD, D.T.; PENNINGTON, J.S. Stages of development descriptions for soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 6, p. 929-931, Nov. 1971.

FOUILLLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Genetic Resources of Phaseolus beans**. Dordrecht, v. 6, n. 2, p. 503-542. Aug. 1988.

GUMBER, R.K.; SCHILL, B.; LINK, W.; KITTLITZ, E.V.; MELCHINGER, A.E. Mean, genetic variance, and usefulness of selfing progenies from intra- and inter-pool crosses in *faba* beans (*Vicia faba* L.) and their prediction from parental parameters. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 98, n. 4, p. 569-580, Apr. 1999.

HELMS, T.; VALLAD, G.; McCLEAN, P.; ORF, J. Genetic variance, coefficient of parentage, and genetic distance of six soybean populations. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 94, n. 1, p. 20-26, Jan. 1997.

HOLLAND, J.B.; NYQUIST, W.E.; CERVANTES-MARTÍNEZ, C.T. Estimating and Interpreting Heritability for Plant Breeding: An Update. In: Janick, J. (Ed.) **Plant Breeding Reviews**, Hoboken: John Wiley, 2003. V. 22, chap. 2, p. 9-112.

JANICK, J. **Plant breeding reviews**. New York: John Wiley, 2001. 336 p.

JINKS, J.L.; POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. **Heredity**, London, v. 36, n. 2, p. 253-266, Oct. 1976.

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.

KEARSEY, M.J.; JINKS, J.L. A general method of detecting additive, dominance and epistatic variation for metric traits. I. Theory. **Heredity**, London, v. 23, n. 3, p. 403-409, Jan. 1968.

KISHA, T.J.; SNELLER, C.H.; DIERS, B.W. Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 4, p. 1317-1325, Jul. 1997.

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.

KWON, S.J.; AHN, S.N.; JEONG, E.G.; JEON, Y.H.; HWANG, H.G.; CHOI, H.C.; MOON, H.P. Relationship between genetic divergence and hybrid performance in *japonica* rice grown in a cold water-irrigated field. **Euphytica**, Wageningen, v. 128, n. 3, p. 389-396, Apr. 2002.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; BENIN, G.; ZIMMER, P.D.; VIEIRA, E.A. Genetic distance and its association with heterosis and performance of hybrids on oat. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 591-598, Apr. 2006.

MANJARREZ-SANDOVAL, P. CARTER, T.E.; WEBB, D.M.; BURTON, J.W. Heterosis in soybean and its prediction by genetic similarity measures. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 5, p. 1443-1452, Sept. 1997a.

_____. RFLP Genetic similarity and coefficient of parentage as genetic variance predictors for soybean yield. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p. 698-703, May 1997b.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Projeções do Agronegócio: Brasil 2012/2013 a 2022/2023** / Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Assessoria de Gestão Estratégica. Brasília: Mapa/ACS, 2013. 96 p.

MARTIN, J.M.; TALBERT, L.E.; LANNING, S.P.; BLAKE, N.K. Hybrid performance in wheat as related to parental diversity. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 1, p. 104-108, Jan. 1995.

MATHER, K. **Biometrical genetics**. London, Methuen. 1949. 162 p.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical genetics**. 3rd ed. London: Chapman and Hall, 1971. 382p.

MENDONÇA, H.A.; SANTOS, J.B.; RAMALHO, M.A.P. Selection of common bean segregating populations using genetic and phenotypic parameters and RAPD markers. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 2, p. 219-226, May. 2002.

MIRANDA, J.E.C.; COSTA, C.P.; CRUZ, C.D. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 4, p. 929-937, Dec. 1988.

MOSER, H.; LEE, M. RFLP variation and genealogical distance, multivariate distance, heterosis, and genetic variance in oats. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 87, n. 8, p. 947-956, Mar. 1994.

MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índice de seleção combinada numa população de arroz oriunda de inter cruzamentos, usando a macho-esterilidade**. 1992. 251 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

NELSON, R.L.; BERNARD, R.L. Production and performance of hybrid soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 3, p. 549-553, May. 1984.

PASCHAL, E.H.; WILCOX, J.R. Heterosis and combining ability in exotic soybean germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 15, n. 3, p. 344-349, May. 1975.

POONI, H.S.; JINKS, J.L. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent for two or more characters simultaneously. **Heredity**, London, v. 40, n. 3, p. 349-361, Jul. 1978.

PULCINELLI, C.E. **Avaliação de cruzamentos dialélicos de soja em gerações avançadas de endogamia**. 1997. 167 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1997.

RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B.; SANTOS, J.B. Melhoramento de espécies autógamias. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Eds.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamias: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. 1st ed. Goiânia: Editora UFG, 1993. 271 p.

RAPOSO, F.V. **Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro**. 1999. 72 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

REIS, E.F.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 4, p. 749-761, Jul. 2002.

RIAZ, A.; LI, G.; QURESH, Z.; SWATI, M.S.; QUIROS, C.F. Genetic diversity of oilseed *Brassica napus* inbred lines based on sequence-related amplified polymorphism and its relation to hybrid performance. **Plant Breeding**, Berlin, v. 120, n. 5, p. 411-415, Oct. 2001.

ROSAL, C.J.S. **Seleção precoce para a produtividade no feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.)**. 1999. 50 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

SANTOS, P.G. **Escolha de populações segregantes para o programa de seleção de arroz em terras altas**. 2000. 106 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2000.

SANTOS, V.S.; RAMALHO, M.A.P.; CARNEIRO, J.E.S.; ABREU, A.F.B. Consequences of early selection for grain type in common bean breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 4, p. 347-354, Dec. 2001.

SAS INSTITUTE, **SAS/STAT[®] 9.2: user's guide**. Cary, 2008.

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

SCHUSTER, I. **Identificação de QTL para a resistência ao nematóide de cisto da soja e a capacidade de combinação de genitores**. 1999. 85 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1999.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2nd ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-603.

SHOEMAKER, R.C.; GUFFY, R.D.; LORENZEN, L.L.; SPESHT, J.E. Molecular genetic mapping of soybean: map utilization. **Crop Science**, Madison, v. 32, n. 5, p. 1091-1098, Sept. 1992.

SNAPE, J.W. Predicting the frequencies of transgressive segregants for yield and yield components in wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 62, n. 2, p. 127-134, Jun. 1982.

SOUZA JÚNIOR, C. L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134 p.

SOUZA JÚNIOR, C.L. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

THORNE, J.C.; FEHR, W.R. Exotic germplasm for yield improvement in 2-way and 3-way soybean crosses. **Crop Science**, Madison, v. 10, n. 6, p. 677-678, Nov. 1970.

TOLEDO, J.F.F. Predicting the inbreeding and the outcrossing potential of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 3, p. 543-558, Sept. 1987.

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, Sept. 2000.

TRILLER, C.; TOLEDO, J.F.F. Using the F₃ generation for predicting the breeding potential of soybean crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, n. 2, p. 289-294, Sept. 1996.

UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; CARDOSO, G.K.R.; DI MAURO, A.O.; BLAT, S.F.; BARBARO, F.M.; PINHEIRO, J.B.; NASCIMENTO, A.F. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, Apr. 2010.

VENCATO, A.Z. **Anuário Brasileiro da Soja 2010**. Santa Cruz do Sul: Ed. Gazeta Santa Cruz, 2010. 144 p.

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

WILCOX, J.R. Sixty years of improvement in publicly developed elite soybean lines. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1711-1716, Nov. 2001.

WILLIAMS, J.G.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSAKI, L.A.; TINGEY, S.V. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetics markers. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 18, n. 22, p. 6531-6535, Nov. 1990.

ANEXOS

Anexo A - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies F_{5:7} proveniente do cruzamento de maior divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continua)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
1	6	565,2	94,0	160,3	3,00
1	8	498,3	87,0	165,0	3,33
1	7	495,5	84,7	165,0	3,00
1	2	492,9	95,0	165,0	3,00
1	4	484,2	79,7	165,0	2,67
1	3	463,8	75,0	165,0	3,33
1	1	439,1	82,0	165,0	2,67
1	5	431,8	86,0	157,7	2,67
2	4	690,1	81,0	162,3	4,00
2	5	616,6	91,0	150,0	2,67
2	2	552,9	90,7	154,3	3,33
2	3	550,6	87,0	149,0	3,67
2	7	540,8	87,7	151,0	3,00
2	1	509,9	89,7	148,0	3,67
2	8	485,6	80,7	152,3	3,00
2	6	480,5	90,7	149,0	3,33
3	10	597,3	73,7	157,0	3,00
3	9	596,1	80,0	146,7	4,00
3	3	562,8	79,3	150,0	5,00
3	1	538,3	76,3	153,7	4,33
3	7	533,6	78,7	148,7	3,67
3	6	522,2	80,7	147,7	4,33
3	2	505,7	73,7	146,7	4,67
3	5	488,9	95,3	151,0	4,67
3	4	442,5	81,7	151,0	3,67
3	8	321,4	60,0	150,0	1,67
4	5	624,4	94,3	165,0	4,67
4	2	597,0	92,0	160,3	3,33
4	6	573,4	85,7	165,0	4,00
4	9	563,6	89,3	155,3	3,67
4	7	557,0	93,0	152,3	4,00
4	3	537,5	85,7	157,0	4,00
4	10	482,1	87,3	150,0	4,33
4	4	478,4	84,3	147,7	3,67
4	8	475,0	87,3	158,3	3,67
4	1	373,4	62,3	141,7	2,33
5	1	597,6	95,0	158,3	3,00
5	6	589,5	95,7	161,7	3,33
5	2	547,6	100,3	165,0	3,00
5	9	518,0	72,7	142,3	2,00
5	8	501,4	88,8	154,3	2,00
5	5	498,2	74,7	151,0	2,33
5	4	470,9	73,7	149,3	2,33
5	7	434,4	70,0	143,0	2,00
5	3	398,5	68,3	141,7	2,00
6	7	636,9	82,0	161,7	4,33
6	9	555,3	84,0	159,0	4,67
6	2	544,8	85,3	154,7	4,67

Anexo A - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de maior divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continuação)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
6	1	529,1	81,0	160,3	3,67
6	8	525,5	80,7	157,0	4,00
6	4	505,6	79,7	159,0	5,00
6	6	505,6	85,7	147,7	4,33
6	10	477,9	75,7	162,3	3,67
6	5	473,9	80,3	155,7	4,33
6	3	451,8	75,7	154,3	3,67
7	1	569,0	78,7	153,7	3,67
7	7	559,6	73,3	153,0	3,67
7	6	555,8	77,3	157,7	3,00
7	9	529,9	75,3	151,0	3,67
7	4	510,5	87,0	157,7	4,33
7	2	496,8	77,7	152,3	3,00
7	5	481,5	79,3	152,3	4,00
7	3	462,5	72,3	143,3	4,33
7	10	436,0	71,7	151,0	4,00
7	8	429,0	81,7	150,0	4,33
8	4	679,5	93,0	159,0	3,33
8	9	609,2	94,7	165,0	2,67
8	7	549,7	95,7	152,3	3,00
8	8	514,9	94,0	155,7	3,33
8	6	504,9	91,0	157,0	3,33
8	5	478,4	89,3	154,7	3,67
8	2	467,5	94,0	160,3	3,67
8	1	454,9	93,0	150,0	4,33
8	3	446,6	86,3	149,0	4,00
9	6	590,8	83,7	151,3	3,33
9	3	566,5	84,7	155,7	2,67
9	1	540,5	73,3	151,0	2,33
9	8	534,7	81,7	154,7	2,67
9	7	521,2	83,0	155,7	2,00
9	10	518,3	82,0	155,7	2,33
9	4	483,9	77,0	148,7	3,00
9	5	481,0	79,3	160,3	2,00
9	9	455,7	80,0	148,7	1,33
9	2	428,2	81,3	148,7	4,00
10	6	661,0	80,0	155,7	3,33
10	4	587,5	84,3	148,0	3,33
10	7	534,4	79,7	152,3	3,00
10	2	527,5	92,0	149,0	3,00
10	10	501,2	96,7	155,7	3,33
10	3	494,5	81,3	150,0	4,33
10	1	454,0	89,3	161,7	3,00
10	9	452,1	90,0	153,7	3,00
10	5	421,7	72,7	149,0	4,33
10	8	413,0	79,0	157,0	3,67
11	4	673,0	100,7	155,7	2,67
11	3	588,8	98,0	149,7	4,00

Anexo A - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênes F_{5:7} proveniente do cruzamento de maior divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

						(continuação)
Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC	
11	10	563,2	92,0	157,0	3,33	
11	8	542,7	93,7	160,3	4,33	
11	1	518,0	84,7	154,7	4,00	
11	6	489,9	100,3	154,7	3,33	
11	7	483,4	90,7	151,0	3,67	
11	9	454,1	95,3	162,3	3,67	
11	2	410,0	71,3	157,7	4,00	
11	5	226,9	66,0	151,3	3,67	

12	7	541,1	87,3	146,7	3,33	
12	2	519,0	94,7	161,7	4,00	
12	4	511,4	84,7	158,3	4,00	
12	3	489,8	86,0	158,3	3,67	
12	6	459,9	86,3	151,3	3,00	
12	5	453,1	93,0	160,3	4,33	
12	1	403,4	79,7	152,3	4,67	

13	3	575,0	75,0	148,0	4,67	
13	2	566,4	86,3	165,0	2,67	
13	1	550,0	96,0	165,0	4,00	
13	5	498,5	79,7	150,0	4,33	
13	6	472,5	74,0	150,0	4,33	
13	7	464,3	85,0	155,7	5,00	
13	9	445,3	72,7	151,3	4,67	
13	4	437,3	77,0	157,0	5,00	
13	8	429,4	82,7	154,3	5,00	

14	8	533,0	97,3	154,3	3,33	
14	5	532,3	81,3	148,0	3,33	
14	6	479,5	86,3	151,3	3,33	
14	4	475,1	83,0	148,0	3,33	
14	7	471,8	97,7	159,0	2,33	
14	2	451,1	95,3	157,0	3,67	
14	1	448,4	81,7	149,0	3,67	
14	3	428,8	81,0	150,0	3,33	

15	7	585,0	81,7	165,0	3,00	
15	3	503,2	79,0	165,0	3,00	
15	8	477,0	75,0	162,3	4,00	
15	1	471,8	76,0	165,0	3,33	
15	5	452,5	71,3	165,0	3,33	
15	2	446,7	78,7	165,0	4,33	
15	6	439,0	69,0	165,0	3,33	
15	4	419,5	65,7	153,0	4,00	

16	8	615,9	72,7	161,7	3,67	
16	6	597,9	83,0	161,7	2,67	
16	3	570,5	75,7	159,0	3,67	
16	9	537,8	75,3	151,3	4,67	
16	5	519,0	79,5	146,7	3,33	
16	2	512,5	71,0	151,3	3,33	
16	10	470,2	76,7	155,7	2,67	
16	4	434,9	68,3	145,7	3,33	

Anexo A - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de maior divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continuação)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
16	7	331,0	59,7	145,7	3,00
16	1	180,0	39,0	139,3	1,00
17	1	548,9	86,7	151,3	4,00
17	6	547,1	97,7	150,0	4,33
17	5	507,9	86,7	146,7	3,67
17	9	473,4	93,0	150,0	4,33
17	2	446,4	86,3	145,7	4,33
17	7	443,4	84,7	149,0	4,67
17	3	431,6	96,7	141,7	4,33
17	10	425,5	86,3	141,0	4,67
17	4	407,5	85,7	151,0	4,33
17	8	392,8	87,3	150,0	4,00
18	4	641,6	85,7	159,0	2,33
18	6	551,5	82,7	165,0	2,67
18	3	541,8	83,7	153,0	4,33
18	7	516,6	82,7	165,0	3,33
18	8	513,3	58,3	141,7	4,33
18	5	468,9	75,0	160,3	3,33
18	1	437,2	70,3	162,3	4,00
18	9	424,8	86,3	165,0	3,00
18	2	361,5	61,0	141,0	3,00
19	2	550,0	95,3	165,0	3,67
19	5	546,0	87,0	155,7	4,33
19	9	537,4	93,3	165,0	4,33
19	4	501,4	89,7	155,7	4,33
19	3	495,6	80,7	151,0	4,33
19	1	488,2	96,7	157,0	3,67
19	7	462,9	93,0	159,7	3,67
19	8	442,8	96,7	158,3	5,00
19	6	439,2	81,7	157,7	4,33
19	10	435,3	90,3	155,7	4,67
20	1	586,7	86,0	165,0	2,33
20	3	562,3	61,0	147,7	2,33
20	8	550,0	55,7	136,0	1,67
20	6	538,8	57,3	141,0	1,67
20	5	483,1	61,7	142,0	1,67
20	10	479,9	58,0	137,7	2,33
20	2	477,5	58,3	136,0	2,00
20	9	451,6	57,7	142,0	2,00
20	4	421,6	52,7	136,0	2,00
20	7	326,7	52,7	139,3	1,67
21	6	659,3	77,3	162,3	3,67
21	2	438,1	49,3	139,3	1,33
21	3	427,5	46,7	137,7	1,67
21	5	426,7	49,3	139,3	2,00
21	4	396,6	51,0	139,3	2,33
21	1	376,8	47,3	142,7	1,67

Anexo A - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies F_{5:7} proveniente do cruzamento de maior divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(conclusão)					
Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
22	7	575,7	76,3	149,0	2,33
22	2	567,5	73,0	147,7	1,67
22	5	538,8	73,7	142,0	3,00
22	4	498,7	75,7	151,0	2,67
22	3	485,9	67,7	147,3	2,67
22	9	481,0	64,7	149,0	2,00
22	1	469,4	59,0	146,7	1,67
22	10	459,5	70,0	152,7	2,67
22	6	442,5	55,3	141,0	2,33
22	8	404,7	69,0	151,0	2,00
<hr/>					
23	6	630,3	108,6	158,3	3,00
23	7	573,2	90,3	165,0	3,00
23	8	558,6	91,7	154,7	3,00
23	9	545,7	88,7	157,0	3,33
23	1	525,8	91,0	155,7	4,00
23	3	484,1	102,0	157,0	4,00
23	4	458,6	91,0	161,7	3,67
23	5	457,2	99,0	165,0	3,67
23	10	450,5	86,7	158,3	3,00
23	2	368,3	83,0	157,0	3,00
<hr/>					
24	1	587,1	78,0	149,0	2,67
24	6	541,0	91,0	154,3	3,00
24	5	533,9	82,0	155,7	3,00
24	8	525,5	89,0	151,0	3,67
24	7	521,3	74,3	150,0	3,33
24	10	509,9	87,0	153,0	2,67
24	2	477,1	75,0	146,7	3,33
24	3	472,6	87,0	159,0	3,00
24	4	470,8	79,3	150,0	4,00
24	9	436,0	74,0	152,3	2,67
<hr/>					
25	4	611,9	59,3	146,7	3,00
25	5	600,6	62,0	149,0	1,33
25	6	542,0	48,0	141,0	1,00
25	3	508,2	48,3	137,7	1,67
25	8	488,8	53,0	137,7	1,00
25	9	480,8	51,0	137,7	2,33
25	7	471,5	48,0	139,3	1,33
25	2	470,6	51,0	139,3	1,67
25	1	441,8	48,7	144,3	2,00
25	10	434,2	47,0	140,3	2,00

PG: Produção de grãos (g.m⁻²); AM: Altura das plantas na maturação (cm); DM: Número de dias para a maturação (dias); AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continua)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
1	1	400,0	51,3	144,3	1,67
1	2	398,8	52,7	144,3	1,67
1	4	388,9	54,0	139,0	1,67
1	8	388,1	58,7	142,0	1,67
1	5	386,9	53,3	145,3	2,00
1	7	379,6	66,0	144,3	2,67
1	3	337,1	48,0	141,0	2,00
1	6	319,6	51,0	137,0	3,33
1	10	315,3	52,0	141,0	2,33
1	9	300,9	48,0	139,0	1,67
2	4	440,5	67,0	149,0	1,67
2	7	401,5	61,7	143,0	2,00
2	9	400,0	70,7	148,0	2,00
2	1	396,1	82,1	146,6	2,67
2	3	378,2	74,7	147,6	2,33
2	8	354,3	54,7	148,0	2,33
2	5	350,7	70,3	149,0	2,00
2	2	344,2	63,0	144,3	2,33
2	6	341,0	60,0	141,0	2,33
2	10	328,2	64,7	144,3	1,33
3	6	492,3	65,3	149,0	2,00
3	10	462,1	67,0	135,0	3,00
3	3	431,9	71,3	145,6	3,00
3	7	426,0	58,0	137,0	2,67
3	4	399,5	51,7	139,0	1,67
3	9	377,3	51,3	139,0	2,33
3	1	371,2	53,3	133,3	2,67
3	5	369,9	54,0	141,3	1,33
3	8	353,9	53,0	139,3	2,00
3	2	336,0	57,0	141,3	1,67
4	6	508,4	89,7	146,6	3,00
4	9	477,9	71,3	143,3	2,33
4	4	449,1	81,3	145,6	3,00
4	7	439,6	80,0	144,3	3,67
4	10	433,4	74,3	142,0	2,67
4	8	414,7	74,0	139,0	3,00
4	2	413,4	79,3	143,3	3,33
4	1	409,1	70,0	141,0	3,00
4	5	349,0	67,7	141,0	2,33
4	3	340,6	62,0	139,0	2,33
5	7	486,2	76,3	137,0	4,33
5	9	420,0	70,0	139,0	2,33
5	4	418,8	66,3	139,0	3,33
5	6	403,6	67,3	141,0	3,00
5	5	394,9	73,0	137,0	3,67
5	1	376,7	59,0	141,0	3,00
5	3	357,5	67,3	137,0	2,67
5	8	353,6	60,7	141,0	3,00

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies F_{5:7} proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

						(continuação)
Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC	
5	10	353,1	56,0	139,0	1,33	
5	2	331,2	53,3	135,0	2,00	
6	9	588,0	79,7	144,3	3,33	
6	1	466,9	72,0	147,6	2,33	
6	2	407,9	64,0	141,0	2,67	
6	7	405,0	55,3	141,3	1,67	
6	10	397,1	71,7	155,6	2,67	
6	3	382,0	70,7	146,6	2,33	
6	6	372,2	55,0	141,0	1,00	
6	8	371,2	72,7	143,3	2,33	
6	4	364,3	59,0	141,0	2,00	
6	5	359,8	50,7	144,3	1,33	
7	2	474,7	82,0	134,6	3,00	
7	8	438,6	70,0	141,0	4,00	
7	5	435,9	63,7	141,0	3,00	
7	1	418,2	56,7	141,0	3,33	
7	6	408,4	74,7	141,0	3,67	
7	7	388,2	74,3	139,0	4,33	
7	3	380,2	73,0	141,0	3,33	
7	4	376,2	70,7	147,6	3,67	
7	9	354,3	51,3	135,0	3,33	
8	9	451,7	66,0	135,0	4,00	
8	4	384,1	53,7	139,0	1,33	
8	2	355,1	47,3	141,3	2,00	
8	6	349,5	41,0	137,0	1,33	
8	10	334,0	49,7	137,0	2,00	
8	7	323,7	53,7	132,6	1,33	
8	1	314,7	45,3	137,0	1,67	
8	3	306,3	44,3	141,0	1,67	
8	5	301,7	47,7	138,0	1,67	
8	8	298,1	34,3	139,0	1,67	
9	2	597,8	73,7	141,0	2,33	
9	3	496,7	57,3	141,0	2,00	
9	7	495,5	68,3	141,0	2,33	
9	9	440,0	62,3	141,0	2,33	
9	6	439,7	66,0	141,0	2,33	
9	8	410,2	59,7	139,0	2,00	
9	4	342,8	44,7	139,0	1,67	
9	5	324,4	44,7	135,0	1,00	
9	10	314,8	45,7	135,6	1,33	
9	1	313,4	52,7	158,0	1,67	
10	7	552,0	82,7	144,3	2,33	
10	1	529,7	83,0	144,3	3,33	
10	3	498,6	80,3	147,6	2,00	
10	2	480,6	53,3	144,3	2,00	
10	4	472,4	62,7	143,0	2,67	
10	8	434,6	75,7	145,3	2,67	
10	9	406,3	56,7	137,0	3,00	

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênies $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continuação)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
10	5	392,2	63,7	143,3	2,33
10	6	345,7	56,0	139,0	2,00
11	7	402,5	57,7	139,0	2,67
11	9	400,4	67,3	140,0	3,00
11	1	397,0	70,0	135,0	3,33
11	5	382,0	63,0	137,0	4,00
11	10	377,4	69,0	143,3	3,00
11	4	376,8	70,0	139,0	3,00
11	3	374,2	66,7	141,0	3,33
11	6	369,9	61,3	138,0	2,67
11	2	352,8	62,7	137,0	2,67
11	8	274,2	53,7	132,6	2,67
12	6	508,5	71,3	147,6	2,67
12	3	470,2	63,7	141,0	2,67
12	9	423,3	62,3	139,0	2,00
12	10	418,8	62,7	141,0	2,67
12	7	397,0	51,7	141,0	1,67
12	8	392,9	54,7	141,3	2,00
12	5	388,7	53,3	137,0	2,33
12	2	360,2	53,7	139,0	2,33
12	4	348,7	59,3	151,0	2,00
12	1	317,2	71,0	150,0	3,33
13	10	449,8	75,3	135,0	4,33
13	7	445,9	72,0	137,0	3,67
13	5	437,8	71,3	141,0	4,00
13	3	422,4	64,7	139,0	4,00
13	1	408,1	64,3	137,0	3,67
13	9	372,9	63,0	128,0	4,00
13	2	369,7	79,3	132,3	4,00
13	6	365,2	65,3	139,0	3,67
13	8	361,2	66,0	134,6	4,00
13	4	346,1	58,3	131,3	4,00
14	4	420,5	59,3	140,0	1,00
14	8	419,5	55,7	139,0	2,33
14	5	416,4	52,7	139,0	1,67
14	10	393,6	59,0	137,0	1,67
14	6	391,4	57,7	141,0	2,33
14	3	377,1	52,7	139,0	2,00
14	9	375,8	59,3	139,0	1,67
14	2	355,5	57,0	134,6	2,33
14	1	338,7	55,0	141,0	2,00
14	7	337,4	58,3	130,3	1,67
15	6	502,8	78,3	140,0	3,00
15	3	448,6	71,7	142,0	3,33
15	2	446,3	60,7	142,0	2,67
15	7	438,0	61,0	141,0	3,00
15	4	436,2	61,7	141,0	3,00
15	1	415,0	72,0	141,0	2,67

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progêneses F_{5:7} proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continuação)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
15	8	409,9	70,0	139,0	3,33
15	5	399,0	69,7	139,0	2,67
15	9	397,8	68,7	141,0	3,00
15	10	351,7	52,7	139,0	2,00
16	7	465,5	56,0	129,0	1,67
16	8	436,2	60,7	141,0	2,67
16	4	429,7	74,0	146,6	2,00
16	3	424,0	64,7	141,0	1,67
16	2	401,7	65,7	144,3	2,67
16	6	373,7	68,3	144,3	2,67
16	1	365,5	73,7	153,3	1,67
16	10	359,3	68,0	144,3	1,67
16	9	337,6	53,7	141,0	1,67
16	5	321,1	62,0	143,3	1,67
17	5	471,3	60,7	137,0	2,33
17	4	449,5	61,0	141,0	2,33
17	1	399,7	69,7	139,0	2,00
17	6	392,2	69,3	139,0	2,33
17	7	378,8	58,3	141,3	2,33
17	8	373,4	52,0	137,0	1,67
17	2	360,6	60,7	141,0	2,00
17	9	355,3	49,7	134,6	1,33
17	3	344,0	62,0	139,0	2,33
18	6	439,9	61,7	143,0	2,00
18	1	430,9	60,3	141,0	2,33
18	4	422,6	65,3	143,0	2,33
18	8	400,1	62,7	141,0	2,00
18	9	380,3	56,7	141,0	2,00
18	5	359,4	59,3	141,0	2,33
18	3	358,4	57,7	141,0	1,67
18	10	353,8	55,7	141,0	1,67
18	7	327,6	57,3	141,0	2,00
18	2	319,1	54,0	137,0	2,00
19	4	431,1	74,8	135,6	3,67
19	6	418,9	60,7	141,0	3,00
19	1	383,5	67,0	135,0	4,00
19	10	379,1	61,0	132,3	3,00
19	5	371,1	55,3	139,0	2,00
19	3	365,1	65,0	133,6	3,33
19	7	362,7	61,7	137,0	3,33
19	2	359,7	68,0	135,0	4,00
19	9	346,6	61,0	132,6	2,33
19	8	305,9	63,0	132,6	3,67
20	3	443,7	62,0	142,0	2,67
20	6	438,1	68,3	143,0	3,00
20	1	424,9	60,0	142,0	2,67
20	5	418,0	65,3	141,3	2,33
20	7	411,4	61,0	141,0	2,67

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progênes $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(continuação)

Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
20	2	405,4	60,3	142,0	2,33
20	4	396,8	60,3	141,0	2,00
20	9	391,2	59,0	141,0	2,33
20	8	368,5	60,7	140,0	2,33
20	10	343,2	57,7	142,0	2,33
21	1	442,7	60,7	139,0	2,33
21	2	434,8	61,7	141,0	2,00
21	9	433,3	66,0	154,6	2,33
21	8	423,6	54,0	131,3	2,33
21	4	422,8	69,7	143,3	2,33
21	3	422,2	69,7	132,6	3,00
21	5	403,0	61,0	139,0	2,00
21	10	386,8	63,3	146,6	2,33
21	6	376,8	59,3	143,3	1,00
21	7	366,9	56,3	137,0	1,33
22	8	407,0	70,0	143,3	3,00
22	4	404,8	70,0	139,0	2,00
22	2	371,7	52,0	137,0	2,00
22	5	364,8	73,7	139,0	3,33
22	9	364,5	71,0	142,0	2,33
22	3	357,4	70,0	137,0	3,00
22	1	350,5	69,3	133,5	4,00
22	10	333,8	68,0	139,0	3,00
22	7	320,5	65,3	135,0	3,33
22	6	320,1	65,0	134,6	3,67
23	6	530,3	73,3	151,9	2,67
23	1	506,4	62,0	144,3	2,33
23	4	410,7	52,3	142,0	1,67
23	10	396,3	67,0	141,0	2,00
23	2	353,3	45,7	137,0	1,33
23	5	346,4	57,3	144,3	2,67
23	3	318,2	50,3	132,6	2,33
23	7	311,2	46,7	139,0	1,33
23	8	306,7	48,3	139,0	1,33
23	9	256,2	48,3	137,0	1,33
24	4	428,3	56,7	134,6	2,67
24	3	410,2	58,3	143,3	2,67
24	1	381,3	56,3	134,6	2,67
24	10	373,9	59,7	141,0	2,33
24	6	367,7	55,7	135,0	3,00
24	9	365,9	58,7	137,0	2,67
24	7	332,7	53,3	137,0	3,33
24	2	320,4	56,0	137,6	3,33
24	8	319,6	54,3	134,6	2,67
24	5	315,8	55,3	133,6	3,67
25	6	482,4	58,7	144,3	3,00
25	2	467,2	71,3	141,0	2,67
25	8	396,8	59,7	137,0	3,33

Anexo B - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das linhas puras dentro de progêneses F_{5:7} proveniente do cruzamento de menor divergência genética, para todos os caracteres (PG, AM, DM e AC) referentes às análises individuais

(conclusão)					
Progênie	Planta	PG	AM	DM	AC
25	3	390,0	71,7	135,0	3,67
25	3	390,0	71,7	135,0	3,67
25	1	383,8	62,0	141,0	1,67
25	9	362,9	56,7	141,0	2,67
25	10	354,1	57,0	131,3	3,33
25	7	327,7	67,0	135,0	3,33
25	4	309,6	51,7	137,0	2,00

PG: Produção de grãos (g.m⁻²); AM: Altura das plantas na maturação (cm); DM: Número de dias para a maturação (dias); AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Anexo C – Desdobramento do quadrado médio (QM_{L/P}) de cada linha pura dentro de progêneses, para o caráter produção de grãos (PG), referentes aos experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

Progênie	GL	QM _{L/P}	
		Menor DG	Maior DG
1	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	8.898,1 ^{ns}	10.425,0 ^{ns}
2	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	7.015,8 ^{ns}	26.639,0 [*]
3	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	14.994,0 [*]	35.471,0 ^{**}
4	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	15.999,0 [*]	31.750,0 ^{**}
5	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	12.352,0 ^{ns}	24.701,0 [*]
6	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	28.924,0 ^{**}	16.379,0 ^{ns}
7	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	8.479,8 ^{ns}	15.478,0 ^{ns}
8	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	13.137,0 [*]	35.612,0 ^{**}
9	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	52.973,0 ^{**}	14.172,0 ^{ns}
10	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	27.365,0 ^{**}	32.616,0 ^{**}
11	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	8.286,4 ^{ns}	85.658,0 ^{**}
12	9 ⁽¹⁾ / 6 ⁽²⁾	18.299,0 ^{**}	13.283,0 ^{ns}
13	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	8.872,4 ^{ns}	19.442,0 ^{ns}
14	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	5.919,7 ^{ns}	8.599,6 ^{ns}
15	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	9.644,2 ^{ns}	15.712,0 ^{ns}
16	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	13.112,0 [*]	95.352,0 ^{**}
17	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	11.113,0 ^{ns}	18.385,0 ^{ns}
18	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	10.943,0 ^{ns}	40.830,0 ^{**}
19	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	6.895,5 ^{ns}	11.780,0 ^{ns}
20	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	5.729,0 ^{ns}	35.756,0 ^{**}
21	9 ⁽¹⁾ / 5 ⁽²⁾	4.165,0 ^{ns}	53.097,0 ^{**}
22	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	5.283,3 ^{ns}	17.819,0 ^{ns}
23	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	44.653,0 ^{**}	34.560,0 ^{**}
24	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	8.958,2 ^{ns}	11.520,0 ^{ns}
25	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	19.395,0 ^{**}	21.605,0 ^{ns}

^{**}, ^{*} e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Número de graus de liberdade das progêneses F_{5:7} menor DG;

⁽²⁾: Número de graus de liberdade das progêneses F_{5:7} maior DG.

Anexo D – Desdobramento do quadrado médio ($QM_{L/P}$) de cada linha pura dentro de progênies, para o caráter altura das plantas na maturação (AM), referentes aos experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

Progênie	GL	$QM_{L/P}$	
		Menor DG	Maior DG
1	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	85,9 **	138,1 **
2	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	140,6 **	52,1 **
3	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	153,5 **	230,5 **
4	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	187,2 **	244,0 **
5	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	167,3 **	473,4 **
6	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	278,4 **	36,6 *
7	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	277,3 **	65,0 **
8	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	215,7 **	26,2 ns
9	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	323,9 **	34,4 ns
10	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	444,5 **	160,6 **
11	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	90,6 **	426,1 **
12	9 ⁽¹⁾ / 6 ⁽²⁾	152,3 **	77,3 **
13	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	121,1 **	166,6 **
14	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	19,8 ns	169,6 **
15	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	167,6 **	89,9 **
16	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	137,6 **	470,2 **
17	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	134,5 **	69,2 **
18	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	36,2 ns	344,2 **
19	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	69,1 *	100,4 **
20	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	29,5 ns	275,1 **
21	9 ⁽¹⁾ / 5 ⁽²⁾	80,4 **	416,2 **
22	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	107,9 **	147,0 **
23	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	228,2 **	149,2 **
24	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	11,7 ns	124,6 **
25	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	129,3 **	79,0 **

** , * e ns: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

(1): Número de graus de liberdade das progênies $F_{5,7}$ menor DG;

(2): Número de graus de liberdade das progênies $F_{5,7}$ maior DG.

Anexo E – Desdobramento do quadrado médio (QM_{LP}) de cada linha pura dentro de progênies, para o caráter número de dias para a maturação (DM), referentes aos experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

Progênie	GL	QM_{LP}	
		Menor DG	Maior DG
1	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	23,91 **	24,7 ^{ns}
2	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	22,89 **	64,9 **
3	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	65,85 **	31,1 ^{ns}
4	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	20,45 *	168,9 **
5	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	12,80 ^{ns}	209,2 **
6	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	62,47 **	56,8 **
7	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	44,25 **	49,6 **
8	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	20,55 *	78,8 **
9	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	120,38 **	47,0 *
10	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	31,67 **	57,3 **
11	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	27,49 **	50,0 **
12	9 ⁽¹⁾ / 6 ⁽²⁾	72,38 **	91,4 **
13	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	47,92 **	118,9 **
14	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	32,29 **	53,5 **
15	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	4,16 ^{ns}	53,2 **
16	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	111,12 **	173,0 **
17	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	14,91 ^{ns}	42,7 *
18	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	8,00 ^{ns}	245,4 **
19	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	24,87 **	55,8 **
20	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	2,08 ^{ns}	231,8 **
21	9 ⁽¹⁾ / 5 ⁽²⁾	138,75 **	264,9 **
22	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	27,37 **	42,8 *
23	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	68,70 **	40,6 *
24	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	29,27 **	38,4 *
25	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	46,40 **	48,6 **

** , * e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

(1): Número de graus de liberdade das progênies F_{5;7} menor DG;

(2): Número de graus de liberdade das progênies F_{5;7} maior DG.

Anexo F – Desdobramento do quadrado médio ($QM_{L/P}$) de cada linha pura dentro de progênies, para o caráter acamamento (AC), referentes aos experimentos, avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2012/13

Progênie	GL	$QM_{L/P}$	
		Menor DG	Maior DG
1	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	0,06978 *	0,0152 ns
2	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	0,04033 ns	0,0271 ns
3	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,08626 **	0,1607 **
4	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,04241 ns	0,0702 **
5	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	0,14552 **	0,0648 **
6	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,12089 **	0,0268 ns
7	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,03000 ns	0,0350 ns
8	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	0,12833 **	0,0348 ns
9	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,06033 ns	0,1236 **
10	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,05426 ns	0,0357 ns
11	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,03441 ns	0,0317 ns
12	9 ⁽¹⁾ / 6 ⁽²⁾	0,04996 ns	0,0456 ns
13	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	0,00819 ns	0,0750 **
14	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	0,04522 ns	0,0324 ns
15	9 ⁽¹⁾ / 7 ⁽²⁾	0,03422 ns	0,0302 ns
16	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,04744 ns	0,1763 **
17	8 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,03583 ns	0,0113 ns
18	9 ⁽¹⁾ / 8 ⁽²⁾	0,01633 ns	0,0773 **
19	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,08374 **	0,0239 ns
20	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,01704 ns	0,0230 ns
21	9 ⁽¹⁾ / 5 ⁽²⁾	0,08133 *	0,1529 **
22	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,07793 *	0,0520 *
23	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,08222 *	0,0244 ns
24	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,03259 ns	0,0289 ns
25	9 ⁽¹⁾ / 9 ⁽²⁾	0,08874 **	0,0972 **

** * e ns: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

(1): Número de graus de liberdade das progênies $F_{5;7}$ menor DG;

(2): Número de graus de liberdade das progênies $F_{5;7}$ maior DG.

Anexo G - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de maior DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de PG da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	PG	\bar{X}_p	d_s
1	6	565,2	483,8	81,4
2	4	690,1	553,4	136,7
3	10	597,3	510,9	86,4
4	5	624,4	526,2	98,2
5	1	597,6	506,2	91,4
6	7	636,9	520,6	116,3
7	1	569,0	503,1	65,9
8	4	679,5	522,8	156,6
9	6	590,8	512,1	78,7
10	6	661,0	504,7	156,3
11	4	673,0	495,0	178,0
12	7	541,1	482,5	58,5
13	3	575,0	493,2	81,8
14	8	533,0	477,5	55,5
15	7	585,0	474,3	110,6
16	8	615,9	477,0	138,9
17	1	548,9	462,5	86,5
18	4	641,6	495,2	146,4
19	2	550,0	489,9	60,1
20	1	586,7	487,8	98,9
21	6	659,3	454,2	205,2
22	7	575,7	492,4	83,4
23	6	630,3	505,2	125,1
24	1	587,1	507,5	79,6
25	4	611,9	505,0	106,9
				$\bar{d}_s = 107,3$

PG: Produção de grãos ($g.m^{-2}$).

Anexo H - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de maior DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de AM da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	AM	\bar{X}_p	d_s
1	6	94,0	85,4	8,6
2	4	81,0	87,3	-6,3
3	10	73,7	77,9	-4,2
4	5	94,3	86,1	8,2
5	1	95,0	82,1	12,9
6	7	82,0	81,0	1,0
7	1	78,7	77,4	1,3
8	4	93,0	92,3	0,7
9	6	83,7	80,6	3,1
10	6	80,0	84,5	-4,5
11	4	100,7	89,3	11,4
12	7	87,3	87,4	-0,1
13	3	75,0	80,9	-5,9
14	8	97,3	88,0	9,3
15	7	81,7	74,5	7,2
16	8	72,7	70,1	2,6
17	1	86,7	89,1	-2,4
18	4	85,7	76,2	9,5
19	2	95,3	90,4	4,9
20	1	86,0	60,1	25,9
21	6	77,3	53,5	23,8
22	7	76,3	68,4	7,9
23	6	108,6	93,2	15,4
24	1	78,0	81,7	-3,7
25	4	59,3	51,6	7,7
				$\bar{d}_s = 5,37$

AM: Altura das plantas na maturação (cm).

Anexo I - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5,7}$ proveniente do cruzamento de maior DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de DM da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	DM	\bar{X}_p	d_s
1	6	160,3	163,5	-3,2
2	4	162,3	152,0	10,3
3	10	157,0	150,2	6,8
4	5	165,0	155,3	9,7
5	1	158,3	151,9	6,5
6	7	161,7	157,2	4,5
7	1	153,7	152,2	1,5
8	4	159,0	155,9	3,1
9	6	151,3	153,0	-1,7
10	6	155,7	153,2	2,5
11	4	155,7	155,4	0,3
12	7	146,7	155,6	-8,9
13	3	148,0	155,1	-7,1
14	8	154,3	152,1	2,2
15	7	165,0	163,2	1,8
16	8	161,7	151,8	9,9
17	1	151,3	147,6	3,7
18	4	159,0	156,9	2,1
19	2	165,0	158,1	6,9
20	1	165,0	142,3	22,7
21	6	162,3	143,4	18,9
22	7	149,0	147,7	1,3
23	6	158,3	159,0	-0,7
24	1	149,0	152,1	-3,1
25	4	146,7	141,3	5,4
				$\bar{d}_s = 3,82$

DM: Número de dias para a maturação (dias).

Anexo J - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de maior DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de AC da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	AC	\bar{X}_p	d_s
1	6	3,00	2,96	0,04
2	4	4,00	3,33	0,67
3	10	3,00	3,90	-0,90
4	5	4,67	3,77	0,90
5	1	3,00	2,44	0,56
6	7	4,33	4,23	0,10
7	1	3,67	3,80	-0,13
8	4	3,33	3,48	-0,15
9	6	3,33	2,57	0,76
10	6	3,33	3,43	-0,10
11	4	2,67	3,67	-1,00
12	7	3,33	3,86	-0,53
13	3	4,67	4,41	0,26
14	8	3,33	3,29	0,04
15	7	3,00	3,54	-0,54
16	8	3,67	3,13	0,54
17	1	4,00	4,27	-0,27
18	4	2,33	3,37	-1,04
19	2	3,67	4,23	-0,56
20	1	2,33	1,97	0,36
21	6	3,67	2,11	1,56
22	7	2,33	2,30	0,03
23	6	3,00	3,37	-0,37
24	1	2,67	3,13	-0,46
25	4	3,00	1,73	1,27
				$\bar{d}_s = 0,041$

AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Anexo K - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de PG da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	PG	\bar{X}_p	d_s
1	1	400,0	361,5	38,5
2	4	440,5	373,5	67,0
3	6	492,3	402,0	90,3
4	6	508,4	423,5	84,9
5	7	486,2	389,6	96,6
6	9	588,0	411,4	176,5
7	2	474,7	408,3	66,4
8	9	451,7	341,9	109,8
9	2	597,8	417,5	180,3
10	7	552,0	456,9	95,1
11	7	402,5	370,7	31,8
12	6	508,5	402,6	105,9
13	10	449,8	397,9	51,9
14	4	420,5	382,6	38,0
15	6	502,8	424,5	78,3
16	7	465,5	391,4	74,1
17	5	471,3	391,6	79,7
18	6	439,9	379,2	60,7
19	4	431,1	372,4	58,8
20	3	443,7	404,1	39,6
21	1	442,7	411,3	31,4
22	8	407,0	359,5	47,5
23	6	530,3	373,6	156,7
24	4	428,3	361,6	66,8
25	6	482,4	391,1	91,3
				$\bar{d}_s = 80,7$

PG: Produção de grãos ($g.m^{-2}$).

Anexo L - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de AM da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	AM	\bar{X}_p	d_s
1	1	51,3	53,5	-2,2
2	4	67,0	66,9	0,1
3	6	65,3	58,2	7,1
4	6	89,7	75,0	14,7
5	7	76,3	64,9	11,4
6	9	79,7	65,1	14,6
7	2	82,0	68,5	13,5
8	9	66,0	48,3	17,7
9	2	73,7	57,5	16,2
10	7	82,7	68,2	14,5
11	7	57,7	64,1	-6,4
12	6	71,3	60,4	10,9
13	10	75,3	68,0	7,3
14	4	59,3	56,7	2,6
15	6	78,3	66,6	11,7
16	7	56,0	64,7	-8,7
17	5	60,7	60,4	0,3
18	6	61,7	59,1	2,6
19	4	74,8	63,7	11,1
20	3	62,0	61,5	0,5
21	1	60,7	62,2	-1,5
22	8	70,0	67,4	2,6
23	6	73,3	55,1	18,2
24	4	56,7	56,4	0,3
25	6	58,7	62,0	-3,3
				$\bar{d}_s = 6,24$

AM: Altura das plantas na maturação (cm).

Anexo M - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de DM da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	DM	\bar{X}_p	d_s
1	1	144,3	141,7	2,6
2	4	149,0	146,1	2,9
3	6	149,0	140,0	9,0
4	6	146,6	142,5	4,1
5	7	137,0	138,6	-1,6
6	9	144,3	144,6	-0,3
7	2	134,6	140,1	-5,5
8	9	135,0	137,7	-2,7
9	2	141,0	141,2	-0,2
10	7	144,3	143,1	1,2
11	7	139,0	138,2	0,8
12	6	147,6	142,8	4,8
13	10	135,0	135,4	-0,4
14	4	140,0	138,0	2,0
15	6	140,0	140,5	-0,5
16	7	129,0	142,8	-13,8
17	5	137,0	138,8	-1,8
18	6	143,0	141,0	2,0
19	4	135,6	135,4	0,2
20	3	142,0	141,5	0,5
21	1	139,0	140,8	-1,8
22	8	143,3	138,0	5,4
23	6	151,9	140,8	11,1
24	4	134,6	136,9	-2,3
25	6	144,3	138,4	5,9
				$\bar{d}_s = 0,86$

DM: Número de dias para a maturação (dias).

Anexo N - Lista das linhas puras superiores de cada progênie $F_{5:7}$ proveniente do cruzamento de menor DG, selecionadas para o caráter produção de grãos, bem como a média de AC da linha pura selecionada, média geral da progênie correspondente (\bar{X}_p), diferencial de seleção de cada progênie (d_s) e diferencial de seleção médio (\bar{d}_s)

Progênie	Linha Pura	AC	\bar{X}_p	d_s
1	1	1,67	2,07	-0,40
2	4	1,67	2,10	-0,43
3	6	2,00	2,23	-0,23
4	6	3,00	2,87	0,13
5	7	4,33	2,87	1,46
6	9	3,33	2,17	1,16
7	2	3,00	3,52	-0,52
8	9	4,00	1,87	2,13
9	2	2,33	1,90	0,43
10	7	2,33	2,48	-0,15
11	7	2,67	3,03	-0,36
12	6	2,67	2,37	0,30
13	10	4,33	3,93	0,40
14	4	1,00	1,87	-0,87
15	6	3,00	2,87	0,13
16	7	1,67	2,00	-0,33
17	5	2,33	2,07	0,26
18	6	2,00	2,03	-0,03
19	4	3,67	3,23	0,44
20	3	2,67	2,47	0,20
21	1	2,33	2,10	0,23
22	8	3,00	2,97	0,03
23	6	2,67	1,90	0,77
24	4	2,67	2,90	-0,23
25	6	3,00	2,87	0,13
				$\bar{d}_s=0,19$

AC: Acamamento (notas 1-5, não transformadas).