CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM SOJA COM ÊNFASE EM TEOR DE
PROTEÍNA E PRODUÇÃO DE GRAOS

ARNOLDO MEISTER PIMENTEL

Dissertação apresentada à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, para obtenção do título de Mestre em Agronomia. Área de Concentração: Genética e Melhoramento de Plantas.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Fevereiro - 1991

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Livros da
Divisão de Biblioteca e Documentação - PCAP/USP

P644c Pimentel, Arnaldo Meister
Cruzamentos dialélicos em soja com ênfase em teor de
proteína e produção de grãos. Piracicaba, 1991.
150p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Soja - Cruzamento dialélico 2. Soja - Grão - Produ
ção 3. Soja - Melhoramento 4. Soja - Teor de proteína I.
Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracica
ba

CDD 633.34

CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM SOJA COM ÊNFASE EM TEOR DE
PROTEÍNA E PRODUÇÃO DE GRAOS

ARNOLDO MEISTER PIMENTEL
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. ISAIAS OLÍVIO GERALDI

Dissertação apresentada à Escola
Superior de Agricultura "Luiz de
Queiroz", da Universidade de São
Paulo, para obtenção do título de
Mestre em Agronomia. Área de
Concentração: Genética e Melho-
ramento de Plantas.

P I R A C I C A B A

Estado de São Paulo - Brasil

Fevereiro - 1991

CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM SOJA COM ENFASE EM TEOR DE
PROTEÍNA E PRODUÇÃO DE GRAOS

ARNOLDO MEISTER PIMENTEL

Aprovada em: 20.12.91

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Isaias Olivio Geraldi	ESALQ/USP
Prof. Dr. Natal Antonio Vello	ESALQ/USP
Prof. Dr. José Otávio Machado Menten	ESALQ/USP

Prof. Dr. Isaias Olivio Geraldi

Orientador

Aos meus filhos

David e Pedro

DEDICO

A minha esposa e amiga Ida,
Aos meus pais Hélio e Gláucia e a
Carolina Meister "in memoriam"

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- Ao Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi pela amizade, orientação, estímulo, confiança e colaboração neste trabalho.
- Ao CNPq - Ministério da Educação pela bolsa de estudos fornecida no período de março de 1986 a fevereiro de 1987.
- A FAPESP - Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do São Paulo, pela bolsa fornecida durante os anos de 1987 a 1989.
- Aos professores e funcionários do Departamento de Genética da ESALQ; em especial ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela atenção, amizade e colaboração.
- Ao Prof. Dr. Geraldo Antonio Tosello pelas facilidades concedidas para realização das análises do teor de proteína.
- Aos funcionários do Laboratório de Soja Antônio Roberto Coço, Claudinei Antônio Didone, Osmair José da Silva; aos funcionários Álvaro Gomes e Orides Alves Cardoso; pelo apoio e dedicação na realização dos trabalhos de campo e de laboratório.
- As funcionárias da Biblioteca do Departamento de Genética da ESALQ, Nilse T. P. Sigríst, Terezinha de Jesus L. Barrete e Olívia R. Pachane pela atenção e presteza.

- Ao Centro de Informática na Agricultura (CIAGRI) pelas Instalações cedidas e aos seus funcionários pelos trabalhos prestados.
- Ao Celmar T. C. de Mattos pela amizade, apoio e trabalho de datilografia.
- Aos colegas Ana Cruz dos Santos, Dario Minoru Hiromoto, Eberson Sanches Calvo e Luciano Lourenço Nass pelo apoio e colaboração nos trabalhos experimentais.
- Ao Professor Juarez Gabardo e Remy Lessnau da Universidade Federal do Paraná pela amizade, estímulo, conselhos e valiosas críticas.
- Ao meu irmão Helio Pimentel Filho pela compreensão, amizade e apoio.
- Aos meus pais pelo estímulo e apoio indispensável, que tornou possível a realização deste curso.
- A Ida Chapaval Pimentel pela paciência, dedicação, motivação conjunta e amizade.
- A todos que durante este curso dividiram comigo alegrias e tristezas.

SUMARIO

	Página
Resumo.....	vii
Summary.....	x
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISAO DA LITERATURA.....	4
2.1. Melhoramento visando o teor de proteína em soja...4	
2.2. Cruzamentos dialélicos em soja.....	11
2.3. Heterose em soja.....	22
3. MATERIAL E METODOS.....	28
3.1. Material genético.....	28
3.2. Caracterização do ambiente.....	31
3.3. Execução experimental.....	32
3.3.1. Obtenção de sementes F1.....	32
3.3.1.1. Determinação do parental macho e fêmea.....	32
3.3.1.2. Técnica de hibridação controlada.	35
3.3.2. Obtenção de sementes F2.....	37
3.3.3. Delineamento e características do experimento.....	39
3.3.4. Caracteres avaliados.....	40
3.4. Análises estatístico-genéticos.....	43
3.4.1. Análise de variância.....	44
3.4.2. Análise dialélica.....	44

3.5. Heterose.....	49
3.6. Correlação fenotípica.....	50
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	51
4.1. Análise de variância.....	51
4.2. Comportamento dos parentais, progênies F ₁ , testemunhas e avaliação da heterose.....	52
4.2.1. Caracteres relacionados ao florescimento..	52
4.2.2. Caracteres relacionados à maturidade.....	56
4.2.3. Acamamento, valor agrônômico e altura de inserção da primeira vagem.....	59
4.2.4. Produção de grãos	63
4.2.5. Teor de proteína	65
4.3. Análise dialélica segundo o modelo de GRIFFING...	66
4.3.1. Efeitos da C.G.C.....	71
4.3.2. Efeitos da C.E.C.....	78
4.4. Correlação entre caracteres.....	92
5. CONCLUSOES.....	95
REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS.....	98
TABELAS.....	116
APENDICE.....	146

CRUZAMENTOS DIALÉLICOS EM SOJA COM ÊNFASE EM TEOR DE
PROTEÍNA E PRODUÇÃO DE GRAOS

Autor: ARNOLDO MEISTER PIMENTEL

Orientador: Prof. Dr. ISAIAS OLIVIO GERALDI

RESUMO

Oito linhagens de soja [*Glycine max* (L.) Merrill], sendo três introduzidas dos Estados Unidos da América (grupo exótico) e cinco selecionadas da coleção de soja do Departamento de Genética da ESALQ/USP (grupo adaptado) foram inter cruzadas em esquema dialélico, com a finalidade de avaliar o potencial para utilização em programa de melhoramento genético visando o teor de proteína e a produção de grãos.

Para a avaliação experimental dos parentais e progênes F₂ utilizou-se um delineamento em blocos ao acaso com sete repetições e parcelas de uma fileira de 3 m de comprimento, com um espaçamento de 1 m entre fileiras e 10 cm entre plantas dentro de fileiras. Avaliaram-se os caracteres teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para início de florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturidade (DM), altura da planta na maturidade (AM), altura de inserção da primeira vagem (AI), valor agrônô-

mico (VA) e acamamento (AC). A análise dialélica baseou-se no método 2 de GRIFFING (1956b), modelo misto B.

Os resultados gerais obtidos indicaram:

a) existência de diferenças estatísticas entre médias dentro de parentais e progênes F_2 para todos os caracteres, exceto para VA nos parentais; b) os cruzamentos foram relativamente diferentes quanto a variância fenotípica para os diferentes caracteres, indicando que os parentais apresentam características complementares; c) a heterose apresentou ampla variação; entretanto, os maiores valores nem sempre estiveram associados as maiores médias e variâncias; d) os quadrados médios para capacidade geral de combinação (CGC) foram significativos para todos os caracteres e, para a maioria deles, quanto à capacidade específica de combinação (CEC), com exceção de VA; e) a magnitude relativa da capacidade geral de combinação com base em BAKER (1978) foi superior a 85,4% para sete dos nove caracteres. Devido a isso, verificou-se que as médias da geração F_2 podem ser preditas com base apenas na capacidade geral de combinação para a maioria dos caracteres, com exceção de TP; f) os efeitos da capacidade geral de combinação (σ_i^2) apresentaram menor variação para DF, AF, DM, VA, AC, σ_i^2 TP, e maior variação para AM, AI e PG; g) a avaliação da capacidade específica de combinação inerente aos parentais (σ_{ii})

revelou, para a maioria dos caracteres, valores extremos ocorrendo no grupo de parentais exóticos, indicando a maior divergência genética dos mesmos comparada aos parentais adaptados; h) a variabilidade genética e o grau de complementação exibido pelos parentais, para a maioria dos caracteres demonstra que os mesmos são adequados para a formação de uma população de base genética ampla, visando a seleção de genótipos superiores quanto ao teor de proteína e produção de grãos simultaneamente.

DIALLEL CROSSES IN SOYBEANS WITH EMPHASIS
ON PROTEIN AND SEED YIELD

Author: ARNOLDO MEISTER PIMENTEL

Adviser: Prof. Dr. ISAIAS OLIVIO GERALDI

SUMMARY

Eight soybean lines [Glycine max (L.) Merrill], three introduced from the United States of America (exotic group) and five selected from the soybean collection at the Genetics Department, College of Agriculture "Luiz de Queiroz", University of São Paulo (USP) (adapted group) were intercrossed in a diallel scheme. The objective was to evaluate the genetic potential for a breeding program with emphasis on the protein content and seed yield.

A randomized block design with seven replications was employed for the experimental evaluation of parental lines and F_2 progenies. Plots consisted of single 3 meter long rows spaced 1 meter apart. The ideal stand was 30 plants per plot. The following traits were measured: protein content (TP), seed yield (PG), days at flowering (DF), plant height at flowering (AF), days at maturity (DM), plant height at maturity (AM), agronomic value (VA), first pod insertion's height (AI) and lodging

(AC). Diallel analysis were based on Griffing's (1956b) method, model mixed B.

General results showed: a) statistical differences among means within parents and F_2 generations for almost all traits, with the exception of the VA in the parents; b) crosses were relatively different as to phenotypic variance for different traits, indicating that the parents have complementary characteristics; c) heterosis showed a large variation for different traits and crosses; however the highest values were not necessarily associated with the largest means and variances; d) mean squares were statistically significant in all traits for general combining ability (GCA) and in most of them for specific combining ability (SCA), with the exception of VA; relative magnitude of general combining ability based on BAKER (1978) were higher than 85.4% for seven out of nine traits. These indicates that F_2 generations means can be predicted based only on general combining ability for most of traits, with the exception of TP; f) estimates of general combining ability effects (g_i) showed less variation for DF, AF, DM, VA, AC and TP, and more variation for AM, AI and PG; g) estimates of specific combining ability effects of the parents (s_{ii}) showed the highest values for most of the traits in the exotic group, indicating the greater genetic divergence of this group

compared to the adapted group; h) genetic variability and complementation degree for most of the traits indicate that the parents are suitable to develop a broad genetic basis population, in order to select superior soybean genotypes for protein content and seed yield simultaneously.

1. INTRODUÇÃO

A soja [Glycine max (L.) Merrill], espécie de grande importância econômica, é uma planta autógama e anual que pertence à família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae, subtribo Phaseolinae (Glycininae), gênero Glycine L., subgênero Soja (MOENCH), tendo $2n = 40$ cromossomos.

No melhoramento de populações de soja, tem-se dado ênfase principalmente aos caracteres produção de grãos e teor de óleo. Pelo fato destes dois caracteres serem negativamente correlacionados com o teor de proteína, este tem-se mantido em níveis mais baixos (em torno de 40%) do que potencialmente pode ser conseguido (em torno de 50%, baseado em materiais não adaptados).

Embora os produtos de origem animal constituam a melhor fonte de proteína, o seu alto custo e a sua limitada disponibilidade restringem o seu uso, principalmente pelas classes menos favorecidas. Consequentemente, tor-

na-se necessário o uso de proteína vegetal, de baixo custo e de boa qualidade. Atualmente uma das respostas para esse problema é a soja, pois é a espécie cultivada que apresenta o maior teor de proteína. Por esta razão, a soja tem grande potencial para se tornar uma fonte proteica de baixo custo para o homem e os animais. Isso indica que, nos trabalhos de melhoramento, torna-se imprescindível dar maior atenção ao desenvolvimento de variedades com mais alto teor de proteína.

Em vistas destes fatos, o Departamento de Genética da ESALQ iniciou um programa de melhoramento para o teor de proteína em soja. O presente trabalho foi conduzido de forma integrada a esse programa, com a finalidade de avaliar o potencial genético de oito linhagens de soja, utilizando-se a metodologia dos cruzamentos dialélicos. Basicamente, os objetivos do presente trabalho compreendem os seguintes itens:

- a) Avaliar a importância relativa da capacidade geral e específica de combinação, para o teor de proteína, produção de grãos e demais caracteres agronômicos;
- b) Determinar a viabilidade da predição do comportamento de cruzamentos, apenas com base na capacidade geral de combinação para tais caracteres;

c) Avaliar o potencial dos oito genótipos para o melhoramento com ênfase no teor de proteína e na produção de grãos;

d) Fornecer subsídios adicionais para os trabalhos de seleção de linhagens em populações segregantes de soja.

2. REVISAO DA LITERATURA

Nesta revisão são relatados três tópicos considerados essenciais para a abordagem do assunto em questão, realçados por opiniões e trabalhos de inúmeros pesquisadores. Os tópicos são os seguintes: 1. Melhoramento visando teor de proteína em soja; 2. Estudos com cruzamentos dialélicos em soja e 3. Heterose em soja.

2.1. Melhoramento visando o teor de proteína em soja

Diversos pesquisadores concordam ao afirmar que a mais antiga referência à soja consta da obra "Matéria Médica", de autoria do Imperador Shen Nung, escrita em 2838 A.C. HYMOWITZ (1970) admite que a soja emergiu como planta cultivada por volta do século XI A.C. na região nordeste da China; entretanto, devido à inexistência de intercâmbio com as civilizações ocidentais este cultigene permaneceu durante séculos circunscrito ao oriente. Somente no final do século XV e início do século XVI foi trazido para o ocidente e distribuído para os jardins

botânicos e estações experimentais de diversos países da Europa. Na América foi citado a primeira vez nos EUA em 1804 (Pensilvania) e em 1882 foi introduzida no Brasil por Gustavo D'Utra. Em São Paulo, Daffert, em 1892 fez a primeira observação no Instituto Agrônomo de Campinas; já as primeiras pesquisas foram realizadas em 1914 pelo professor Craig na Escola Superior de Agronomia, em Porto Alegre. Apesar da soja ser conhecida e utilizada há séculos pelos povos orientais, a expansão, tanto da área cultivada como do consumo, em outras regiões do mundo, somente se tornou considerável a partir do início do século XX.

Assim, a partir de 1925, foram constatadas elevações significativas da produção mundial causadas, principalmente pelos esforços dispendidos nos EUA, onde o óleo extraído da soja era o produto principal e a torta residual, rica em proteína (em torno de 40%), um subproduto que tinha uso restrito. No Brasil, a cultura da soja se difundiu bastante a partir de 1973, sendo hoje uma das mais importantes do país. Os cultivares utilizados foram selecionados principalmente para produção de grãos e teor de óleo. Pelo fato destes dois caracteres serem negativamente correlacionados com o teor de proteína, este tem-se mantido em níveis mais baixos (em torno de 40%) do que potencialmente pode ser conseguido (em torno de 50% em materiais não adaptados). As infor-

mações disponíveis indicam que a correlação entre o teor de proteína e a produção está, em média, em torno de -0,20 e a correlação entre o teor de proteína e teor de óleo está em torno de -0,60 (SMITH & CIRCLE, 1978). É interessante destacar que, apesar da tendência anteriormente citada, a correlação entre proteína e produção não tem sido muito consistente.

JOHNSON et alii (1955) e JOHNSON & BERNARD (1963) encontraram respectivamente correlação genotípica de -0,64 e 0,20 entre produção e teor de proteína em soja. Outros estudos mostram uma considerável variação de resultados para correlação entre estes dois caracteres: $r = 0,47$ a $-0,55$ (BYTH et alii, 1969), $r = 0,34$ a $-0,50$ (SHORTER et alii, 1976), $r = 0,54$ a $-0,74$ (SIMPSON & WILCOX, 1983) e $r = -0,28$ a $-0,73$ (MUSORINA, 1987).

HARTWIG (1968) realizou um programa de retro-cruzamentos, tendo como parental recorrente o cultivar Lee e como parental doador uma linhagem com teor normal de proteína (42%) mas com baixo teor de óleo (12%), de tal forma que a relação proteína/óleo era alta (3,5 : 1,0). Obteve, no final do programa, várias linhagens com nível de produção semelhante à Lee, mas apresentando teores mais elevados de proteína (acrécimo de 10 a 15%).

THORNE & FEHR (1970) estudaram cruzamentos entre cultivares de soja adaptados e introduções e encon-

traram correlação fenotípica entre produção e teor de proteína predominantemente negativa, mas bastante baixas, o suficiente para permitir seleção de linhagens com alta produção e alto teor de proteína.

SHANNON et alii (1972) estudaram o comportamento de populações derivadas do cruzamento de quatro linhagens de soja, sendo duas de alto teor de proteína e duas de alta produção. Entre outros aspectos, constataram que nas populações derivadas de alguns cruzamentos não havia correlação entre teor de proteína e a produção de grãos, indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores para estes dois caracteres.

HARTWIG & HINSON (1972) encontraram correlação significativamente negativa entre produção e proteína ($r = -0,48$) em populações de soja obtidas do cruzamento de parentais com alto teor de proteína com parentais de alta produção.

MILLER & FEHR (1979) praticaram um ciclo de seleção recorrente para teor de proteína. Obtiveram um aumento de 1,5% na média do caráter, mas com uma redução de 0,7% no teor de óleo. Em condições semelhantes, praticaram um ciclo de seleção para baixo teor de óleo. Obtiveram um aumento indireto no teor de proteína de 0,8% e uma redução no teor de óleo de 0,8%. Estes resultados evidenciam a

forte correlação genética negativa entre o teor de óleo e o teor de proteína.

BRIM & BURTON (1979) praticaram quatro a seis ciclos de seleção recorrente para teor de proteína em quatro populações de soja. Obtiveram aumento de 0,3% a 0,7% por ciclo, na média do caráter. Como a seleção não levou em conta a produção de grãos, ocorreu uma diminuição desta em duas populações. A produção de proteína por hectare, porém, não diminuiu, já que o aumento do teor de proteína foi suficiente para compensar a diminuição na produção de grãos. Para isto, OPENSHAN & HADLEY (1984) sugerem a utilização de índices de seleção.

SERBERN & LAMBERT (1984) estudaram a eficiência da seleção para o teor de proteína em gerações precoces (F_2 ou F_3). Entre outros aspectos verificaram que, apesar de eficiente, a seleção para o teor de proteína em gerações precoces não pode ser muito intensa, visto que as linhagens com combinações desejadas quanto ao teor de proteína, teor de óleo e produção de grãos em F_6 derivaram predominantemente do grupo classificado como teor intermediário de proteína em F_2 . Este resultado também é um reflexo da correlação negativa que o teor de proteína apresenta com os outros dois caracteres.

HOLBROOK et alii (1989) avaliaram a

utilização de índices de seleção para aumento de produção com manutenção da concentração de proteína na semente e, apesar da frequente correlação negativa entre estes caracteres, obtiveram aumentos significantes na produção e no total de proteína sem alteração na concentração, através da utilização de índices de seleção restrito.

No Brasil, um programa de seleção para teor de proteína foi conduzido pela EMBRAPA, a partir do inter-cruzamento de quatro linhagens com alto teor de proteína. A partir desta população foram selecionadas diversas linhagens superiores quanto ao teor de proteína (em torno de 47%) e com níveis satisfatórios de produção de grãos (EMBRAPA. 1985).

As correlações entre proteína e óleo tem sido relatadas como negativas e geralmente de alta significância (JOHNSON et alii, 1955; JOHNSON & BERNARD, 1962; KWON & TORRIE, 1964; THORNE & FEHR, 1970; BRIM & BURTON, 1979; WILCOX, 1986 e MUSORINA, 1987). Tem sido obtida correlação negativa entre proteína e óleo em soja bem como relatada melhoria em proteína por seleção com base em baixa percentagem de óleo (HARTWIG & HINSON, 1972; MILLER & FEHR, 1979). Em vista destes fatos, o melhoramento para o teor de proteína normalmente acarreta uma redução no teor de óleo. Estima-se que para cada dois pontos percentuais de acréscimo no teor de proteína

deverá ocorrer a redução de um ponto percentual no teor de óleo (JOHNSON, 1961).

Resultados contrastantes foram encontrados para correlação entre proteína e maturidade em soja. JOHNSON et alii (1955) relataram correlação genotípica entre -0,04 e 0,03; KWON & TORRIE (1964) encontraram coeficiente de correlação fenotípica de -0,26 e SIMPSON & WILCOX (1983) encontraram uma correlação fenotípica entre 0,19 a 0,44. SKALETSKAYA & LYSENKO, (1987) observaram que, em geral, genótipos com maturação tardia tinham alto conteúdo de proteína e genótipos com maturação precoce apresentaram alto conteúdo de óleo. Aumento de proteína com um ciclo de seleção recorrente retardou a maturidade em 5,3 e 9,3 dias em duas populações (MILLER & FEHR, 1979). Estes resultados segundo WEHRMANN (1986) indicam que mudanças na maturidade podem ser evitadas pelo uso de métodos de seleção apropriados.

A pequena correlação genotípica entre proteína e altura da planta em soja foi relatada por JOHNSON et alii (1955). SHORTER et alii (1976) encontraram correlação genotípica de 0,29 a -0,33 entre proteína e altura de planta.

KWON & TORRIE (1964) e SIMPSON & WILCOX (1983) encontraram respectivamente correlação fenotípica de 0,06 e

de -0,26 a 0,27 entre proteína e peso de sementes em soja.

SANTOS (1988) apresentou uma ampla revisão sobre correlações entre caracteres em soja, mostrando que sua utilização é de relevante importância no melhoramento de plantas.

Pode-se constatar desta revisão que existem poucos trabalhos relacionados ao teor de proteína, principalmente para as condições brasileiras. Fica evidente, porém, que é possível a obtenção de novos genótipos de soja superiores quanto ao teor de proteína e produção de grãos. Neste sentido as informações obtidas através de hibridações controladas em cruzamentos dialélicos podem fornecer informações básicas que auxiliarão na orientação de programas de melhoramento genético.

2.2. Cruzamentos dialélicos em soja

As técnicas envolvendo cruzamentos dialélicos tem sido amplamente utilizadas em problemas referentes à herança quantitativa. SCHMIDT, citado por HINKELMANN (1977) introduziu o termo "dialelo" para identificar todos os possíveis cruzamentos entre um grupo de animais, fêmeas e machos, com a realização do trabalho "Method of diallel crossing" onde se considerou o "cruzamento teste" como forma de cruzamento dialélico, embora parcial (FEDE-

RER, 1967).

De forma mais geral, cruzamentos dialélicos correspondem a todos os cruzamentos possíveis entre um grupo de n linhagens, variedades ou populações. A análise dos dados se baseia em tabelas dialélicas que, nos dialélicos completos, contém dados relativos aos n tipos parentais e aos $n(n-1)/2$ híbridos entre eles, além dos respectivos híbridos recíprocos. Estes estudos têm sido utilizados pelos geneticistas para obter melhores informações sobre a natureza da ação gênica para os caracteres de importância na agricultura e evolução (KEMPTHORNE, 1956), pelos melhoristas para estimar a capacidade geral de combinação de linhagens em cruzamento (HAYES & JOHNSON, 1939) visando a avaliação para posterior seleção de materiais promissores (GARDNER & EBERHART, 1966).

Os conceitos definidos por SPRAGUE & TATUM (1942) de capacidade geral de combinação (CGC) usado para caracterizar o comportamento médio de uma linhagem, cultivar ou outro material genético em uma série de combinações híbridas e de capacidade específica de combinação (CEC) utilizado para caracterizar os casos nos quais certas combinações se apresentam relativamente piores ou melhores do que poderia se esperar com base no comportamento médio dos respectivos parentais, deram margem ao desenvolvimento dos cruzamentos dialélicos.

Cruzamentos dialélicos, envolvendo linhagens endógamas, são realizados há quatro décadas (SPRAGUE & TATUM, 1942). Desde então, inúmeros processos estatístico-genéticos, foram propostos para análise das tabelas dialélicas.

YATES (1947) apresentou a análise da variância de dados obtidos de todos os cruzamentos possíveis entre um conjunto de linhagens homozigóticas e em 1953 JINKS & HAYMAN introduziram a avaliação de linhagens e de suas propriedades intrínsecas através de análises estatísticas de cruzamentos dialélicos em metodologia aplicável basicamente a um conjunto fixo de linhagens endógama. Em trabalhos subsequentes HAYMAN (1954b, 1960) estendeu o método para a análise de amostra aleatória de uma população de linhagens.

Atualmente, a metodologia de análise dos cruzamentos dialélicos é baseada em três processos básicos desenvolvidos por: a) HAYMAN (1954a e 1954b) complementado pelo mesmo autor em anos subsequentes; b) o de GRIFFING (1956a e 1956b) um modelo mais amplo e o c) de GARDNER & EBERHART (1966), proposto inicialmente para variedades em equilíbrio de frequência gênica.

A utilização da metodologia apresentada por HAYMAN (1954a e 1954b) é possível apenas com linhagens

puras sendo, por isso, utilizada largamente em autógamias.

A análise de GRIFFING (1956a e 1956b), fundamentada em um modelo estatístico, é amplamente utilizada em espécies tanto alógamas quanto autógamias. A metodologia é aplicável para quatro tipos de tabelas dialélicas, uma completa (incluindo os tipos parentais, seus híbridos e recíprocos) e outros três incompletos em relação à primeira, com cálculos da análise da variância e estimativa de efeitos de capacidade geral e específica de combinação, segundo dois modelos (fixo e aleatório).

As metodologias de GARDNER & EBERHART (1966) e GRIFFING (1956a e 1956b), distinguem-se da apresentada por HAYMAN (1954a e 1954b), basicamente por serem assentadas em análise de componentes de médias de tabelas dialélicas. GARDNER & EBERHART (1966) indicam ser a metodologia, por eles apresentada, adequada para a análise de cruzamentos dialélicos de variedades ou raças panmíticas. JOHNSON (1973), porém, utilizou esta metodologia para análise de cruzamentos dialélicos, envolvendo linhagens endógamas de variedades comerciais de milho.

Muitos trabalhos envolvendo aspectos críticos aos diversos métodos dialélicos são encontrados (NASSAR, 1965; FEYT, 1966; BAKER, 1978). ARUNACHALAM (1976) revisou os estudos realizados com cruzamentos

dialéticos, envolvendo os métodos de análises gráficos (HAYMAN, 1954) e os métodos de análises combinatórias (GRIFFING, 1956) e concluiu, de modo geral, pela prevalência dos métodos de análises combinatórias, principalmente quando o objetivo é o de fornecer subsídios aos programas de melhoramento.

SOKOL (1976), citado por BAKER (1978), estudou estatisticamente as interrelações entre os métodos dois e quatro de Griffing, as análises II e III de Gardner & Eberhart e a de Hayman e concluiu que as informações obtidas são semelhantes nos cinco métodos de análise.

Em soja, a metodologia de análise dialética mais utilizada é a apresentada por GRIFFING (1956b), mais precisamente o método 2, modelo 1 (BHATADE et alii 1977; KAW & MENON, 1980, 1981; SRIVASTAVA et alii, 1978a, SRIVASTAVA et alii 1978b) e método 4, modelo 1 (KUNTA et alii, 1985; LEFFEL & WEIS, 1958, SABBOUH & EDWARDS, 1985; WEBER et alii, 1970). No método 2 são utilizados os parentais e o conjunto de F_1 sem recíprocos e no método 4 é utilizado apenas o conjunto de F_1 , sem parentais e sem recíprocos. No modelo 1 todos os efeitos são fixos, com exceção do erro experimental. É importante observar que estes dois métodos têm sido empregados também com gerações em F_2 (BHATADE et alii, 1977; SRIVASTAVA et alii, 1978a; SABBOUH & EDWARDS, 1985; FREIRE-FILHO, 1988; NASS, 1989).

Poucos trabalhos têm sido relatados na literatura envolvendo cruzamentos dialélicos em soja e a maioria deles não se refere ao teor de proteína. Entre os caracteres mais estudados estão a produtividade, número de vagens por planta, tamanho da semente, número de dias para a maturidade, altura da planta na maturidade e número de dias para o florescimento (FREIRE FILHO, 1988). Nestes trabalhos constata-se o predomínio da significância estatística para capacidade geral de combinação, tanto na geração F_1 quanto na F_2 e, em alguns casos, significância para capacidade específica de combinação (WEBER et alii, 1970; PASCHAL II & WILCOX, 1975; SRIVASTAVA et alii, 1978; BHATADE et alii, 1977; KAWN e MENON, 1978 e 1981). A única exceção foi no trabalho de KUNTA et alii (1985) em que, no caráter produção, somente a CEC foi significativa. De um modo geral, também em todos os caracteres mencionados, a relação entre CGC e CEC foi superior a um. Alguns dos trabalhos envolvendo cruzamentos dialélicos em soja encontrados na literatura estão a seguir resumidos.

LEFFEL & WEISS (1958), através das metodologias de Griffing e Hayman estudaram dez cultivares em cruzamentos dialélicos verificando que os efeitos devidos à capacidade geral de combinação dos parentais estavam associados positivamente aos efeitos de dominância, bem como às médias parentais. Para produção de grãos e altura de

plantas foram propostas as ações gênicas do tipo dominância completa ou sobredominância. Segundo os autores, as metodologias utilizadas não foram conclusivas para distinção entre interações alélicas e não alélicas nos genótipos.

WEBER et alii (1970) avaliaram os caracteres produção de grãos e maturidade através da metodologia de Griffing e obtiveram significância para os efeitos de CGC para os caracteres produção de grãos, maturidade, altura de planta e teor de óleo; ausência de significância para CEC somente foi obtida para teor de óleo nos grãos, sendo a relação entre CGC e CEC superior a um em todos os caracteres.

PASCHAL II & WILCOX (1975) avaliaram os efeitos de CGC e CEC em dialelo com 12 parentais, segundo o programa DIALL. Neste estudo, o quadrado médio da CGC apresentou significância para todos os caracteres, porém o mesmo não aconteceu com a CEC, onde significância foi obtida apenas para tamanho de semente, maturidade e altura da planta. É importante salientar que produção, aca-
mamento, índice de colheita e número de vagens apresentaram relação entre CGC e CEC maior que um. Os autores constataram ainda interações entre CGC e CEC com anos para vários caracteres, afirmando que, embora essas interações tenham sido significativas, elas foram de pequena magnitude

em relação a CGC. Desse modo, mesmo que a CGC, que é o componente de maior interesse em soja, esteja superestimado pelo efeito de ano, esta superestimação pode ser desprezível.

BHATADE et alii (1977) avaliaram seis parentais para cinco caracteres e só não obtiveram significância para o quadrado médio da CGC para número de ramificações primárias, enquanto as variações para CEC foram significativas para número de vagens por planta, número de ramificações primárias e altura de planta. Para produção em F₁ o valor obtido para a relação entre CGC e CEC foi de 3,85.

SRIVASTAVA et alii (1978a), analisando sete cultivares através da metodologia de Griffing, obtiveram substancial variância dos efeitos de capacidade geral de combinação para número de dias para florescimento e maturidade. Porém a metodologia utilizada não permitiu avaliações conclusivas para produção de grãos.

TOLEDO & KIIHL (1981) estudaram cruzamentos dialélicos, para os caracteres número de dias para florescimento e número de folhas trifoliadas, segundo metodologia de HAYMAN & GRIFFING (1956), e sugeriram a provável existência de um gene maior de efeito pleiotrópico no controle dos dois caracteres estudados.

KAW & MENON (1980, 1981) obtiveram significância para CGC e CEC para produção de grãos e outros caracteres. Os autores encontraram correlações significativas, geralmente superiores a 0,90, entre comportamento médio dos parentais e suas respectivas CGC para produção, componentes da produção de outros caracteres. Segundo FREIRE FILHO (1988), embora outras interpretações possam ser dadas a esses resultados, em termos práticos, o mais importante é que uma seleção preliminar para CGC poderá ser feita com base no comportamento "Per se" dos parentais.

PALUDZYSZYN FILHO (1982) avaliou progênie¹s F₁ de oito parentais para três caracteres (produção de grãos, número de dias para florescimento e maturidade) segundo as metodologias de Gardner & Eberhart e de Griffing. Para ambos os modelos estudados, todos os quadrados médios apresentaram significância ao nível de 1% de probabilidade. As relações obtidas neste estudo entre variâncias de CGC em relação às variâncias de CEC foram 19,62; 19,72 e 1,9 respectivamente para florescimento, maturidade e produção de grãos, indicando o predomínio de ações gênicas aditivas para os três caracteres. Todavia para a produção, a relação observada foi acentuadamente menor do que para os outros caracteres. Predomínio de ações gênicas do tipo aditivas foram também relatadas por MCKENDRY, et alii (1985), para os caracteres conteúdo de óleo e de proteína.

SABBOUH (1987) avaliou quatro parentais, F_1 e F_2 de cruzamentos dialélicos (excluindo os recíprocos) e relatou que a CGC foi mais importante que a CEC para conteúdo de óleo e proteína. Em um segundo experimento, este mesmo autor observou que, para peso de semente, os efeitos aditivos foram importantes, os quais mostraram segregação transgressiva.

FREIRE FILHO (1988) estudou 10 parentais e 45 progênies F_2 de soja precoce para dez caracteres pelos métodos de Hayman & Griffing. Neste estudo, a maioria dos caracteres não atenderam plenamente às restrições do modelo de Hayman. A análise gráfica revelou sobredominância em todos os caracteres e para a maioria deles não foi possível estimar o limite teórico de seleção. A análise numérica detectou sobredominância para número de dias para maturidade, valor agrônômico e produção por parcela; as variâncias aditivas foram significativas em todos os caracteres; as variâncias de dominância foram significativas em número de dias para florescimento e para maturidade, número de internódios na maturidade, altura da planta na maturidade, valor agrônômico e produção de parcela.

Neste mesmo estudo, a análise de Griffing mostrou que, tanto a capacidade geral de combinação quanto

a específica, foram muito variáveis entre caracteres. Os maiores valores de g_i (efeito CGC do parental de ordem i) ocorreram em parentais diferentes, indicando a complementação de caracteres nos parentais. Além disso, os maiores valores de s_{ij} (efeito da CEC para o cruzamento entre os parentais de ordem i e de ordem j) foram decorrentes da divergência dos parentais (g_i com sinais contrários) e nem sempre estiveram associados com maiores médias e variâncias. Para sete dos dez caracteres a relação $CGC/(CGC+CEC)$ foi superior a 90% e para os outros três restantes foi superior a 70%.

NASS (1989) estudou nove caracteres pela metodologia de Griffing e obteve diferença significativa (1%) para CGC em oito caracteres, exceto para acamamento. Para capacidade específica de combinação (CEC) não foi detectada significância para os caracteres avaliados. Neste trabalho, a capacidade geral de combinação (CGC) foi mais importante que a capacidade específica de combinação (CEC); segundo o autor, a magnitude desta relação enfatiza a ação gênica aditiva e possivelmente a epistasia aditiva x aditiva para expressão dos caracteres avaliados.

De um modo geral, as informações obtidas das linhagens e dos cultivares demonstram que a predição de comportamento com base na CGC poderá ser geralmente válida. Segundo FREIRE FILHO (1988), a capacidade geral de combina-

ção terá um bom poder de predição na medida em que a variância epistática aditiva x aditiva for de pequena magnitude; caso contrário, se essa interação epistática for de grande magnitude, como ela está sujeita a quebras e redistribuição ao acaso, a CGC terá pouco valor de predição.

Outra evidência desta revisão é que as análises dialélicas foram basicamente realizadas utilizando-se as metodologias de Griffing e Haymann. Somente o trabalho de PALUDZYSZYN FILHO (1982) utilizou a metodologia proposta por Gardner e Eberhart.

2.3. Heterose em soja

Desde há muito sabe-se que o cruzamento entre indivíduos, notadamente não aparentados, resulta em descendentes mais vigorosos. Chama-se vigor de híbrido a tal fenômeno, sendo que o termo heterose corresponde a essa manifestação do vigor do híbrido.

De modo geral, nos estudos genéticos da heterose, a geração F_1 é comparada com a média dos parentais. Assim, a heterose é medida, pela diferença entre o valor da geração F_1 e o valor da média dos parentais. Quando a geração híbrida em estudo for ao nível de F_2 , para que os resultados sejam expressos ao nível de F_1 , os mesmos devem ser multiplicados por dois.

O valor absoluto da heterose é frequentemente expresso em porcentagem, eliminando, assim, a unidade usada para a determinação do caráter. Costuma-se considerar o valor médio dos parentais como 100%, dessa maneira, um F_1 que produz 20% a mais que a média dos parentais, tendo um valor de heterose igual a 20%, diz-se que produz 120% em relação a média dos parentais.

A soja, embora sendo uma planta autógama, na qual a obtenção de sementes híbridas é relativamente difícil e a exploração do vigor híbrido é um objetivo que ainda está para ser alcançado, tem sido objeto de vários estudos sobre heterose.

FREIRE FILHO (1988) apresentou dados obtidos por diversos autores no período de 1924 a 1985, verificando uma amplitude de variação nas heteroses para produção por planta de -2,3% a 299,85%, a altura de planta de 8,70% a 29,8%, número de nós de 24,5% a 24,8%, número de dias para florescimento de 0,9% a 7,9%, ramos primários de 3,7% a 57,1%, número de vagens de 7,9% a 143,5% e número de sementes de 11,1% a 59,9%. Este autor apresentou também resultados próprios, onde em ensaios com um dialelo a partir de 10 linhagens, ocorreu uma variação de -52,5% a 185,4% para produção de plantas individuais e de -99,7% a 103,4% para produção da parcela. FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989) apresentam uma ampla revisão sobre heterose

mostrando sua utilização, análise e interpretação de resultados.

Os dados relatados na literatura sobre heterose para produção, componentes da produção e vários outros caracteres agrônômicos são bastante amplos. Constatase também que a heterose, pela própria natureza da ação gênica não aditiva da qual ela decorre, tem um valor limitado para o melhoramento da soja. Podem ser citados como fatores limitantes: dificuldades para realização de número suficiente de cruzamentos e pequeno número de sementes obtidas por cruzamento.

Por outro lado, se evidencia que o uso do vigor híbrido tem potencial para promover um considerável aumento na produção em soja, estando sua exploração comercial na dependência do desenvolvimento de métodos econômicos para produção de sementes híbridas em larga escala (FREIRE FILHO, 1988). A este respeito JOHNSON & BERNARD (1963) e FEHR (1978 e 1980) apontam técnicas comumente empregadas para obtenção de sementes híbridas. Diversos modos são apresentados, porém, todos no sentido da obtenção de taxa superior de cruzamento efetivamente realizados ou "pegos". Da mesma forma, BRIM et alii (1964), WEBER & FEHR (1967) e BERNARD & JAYCOX (1969), sugerem técnicas que aumentam a eficiência dos cruzamentos artificiais.

De todas as técnicas sugeridas, a que mais tem despertado a atenção dos melhoristas foi a descoberta do caráter macho-estéril por BRIM & YOUNG (1971), controlado por um par de genes recessivos ($ms_1 ms_1$). Autores como BRIM & STUBER (1973), KENWORTHY & BRIM (1979), BRIM & BURTON (1979) e BURTON & BRIM (1981) relatam alguns resultados obtidos através da utilização do caráter macho-estéril em soja.

Outro aspecto interessante no estudo da heterose é a relação que existe entre magnitude de heterose e divergência genética entre os parentais. De fato, a magnitude da heterose observada (h_{ij}) no cruzamento entre populações é diretamente proporcional às diferenças de frequências gênicas entre as populações, nos locos que apresentam algum grau de dominância ou seja: $h_{ij} = \sum_{i=1}^N (p_{ii} - p_{ji})^2 d$, onde p_{ii} e p_{ji} são as frequências gênicas dos alelos favoráveis nas duas populações e d é o grau de dominância. Assim, populações com diferentes frequências gênicas, no que diz respeito aos locos com dominância, serão, necessariamente, aquelas divergentes geneticamente. (SOUZA JUNIOR. 1981).

No entanto, CRESS (1966) concluiu que ausência de heterose não implica, necessariamente, na falta de divergência genética, pois, se os efeitos de dominância não forem unidirecionais em grande parte dos locos, pode ocorrer

rer compensação nos efeitos dos diferentes locos e, consequentemente, ausência de heterose. Mas a presença da heterose implica, necessariamente, em evidência de divergência genética.

PASCHAL II & WILCOX (1975) avaliaram genótipos exóticos (China e Coréia) e cultivares melhorados nos Estados Unidos em esquema dialélico parcial. Os autores verificaram que, para produção, a heterose foi levemente superior nos cruzamentos envolvendo parentais da mesma origem (16,4%) do que para cruzamentos entre parentais de origens diferentes (15,5%). Resultados semelhantes foram obtidos para o caráter peso da planta. Estes autores explicaram que, possivelmente, as populações das quais esses genótipos foram obtidos não estiveram suficientemente isoladas para possibilitar uma marcante divergência de biótipos.

CHAUHAN & SINGH (1982), em um estudo de heterose, no qual fizeram também um estudo de distância genética entre os parentais, obtiveram uma grande variação para estimativas da heterose para vários caracteres. Relataram que com o aumento da divergência entre os parentais há um aumento da heterose até um certo limite. Para produção, a partir desse limite, a heterose é parcialmente cancelada devido à heterose negativa em alguns de seus componentes; citaram porém, que foram observadas algumas

inconsistências. Os autores ainda comentaram que a diversidade genética parece ser essencial para a manifestação da heterose; contudo, consideram que os dados disponíveis são insuficientes para estabelecer uma correlação definitiva entre divergência genética e heterose.

Face aos resultados apresentados, conclui-se que estudos sobre divergência genética através da heterose tornam-se alentadores para melhoristas, uma vez que esta divergência genética existente entre linhagens de diferentes populações poderá ser aproveitada na síntese de populações base (compostos) para o melhoramento, pois assim, poder-se-á, potencialmente e no que diz respeito aos locos com algum grau de dominância, incrementar a variabilidade genética para caracteres de interesse agronômico. Contudo, devido às dificuldades envolvidas na realização de cruzamentos em larga escala, a obtenção de linhagens homozigóticas, após várias gerações de autofecundação, segundo PASCHAL II & WILCOX (1975), é ainda o melhor método de melhoramento.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material Genético

O material utilizado neste trabalho compreende oito genótipos parentais de soja [Glycine max (L.) Merrill] e os 28 cruzamentos possíveis entre os parentais combinados dois a dois. Os genótipos utilizados foram os seguintes:

1: GAUCHA: cultivar brasileiro com ciclo aproximado de 60 dias (florescimento), de hábito de crescimento indeterminado, flor branca, semente amarela, hilo e pubescência marrom.

2: La- 4910-215: Linhagem americana, proveniente de Luisiana (EUA), com ciclo aproximado de 60 dias (florescimento), hábito de crescimento intermediário, flor roxa, semente amarela, pubescência e hilo cinza.

3: OC-79230: Linhagem brasileira, proveniente da OCEPAR, com ciclo aproximado de 60 dias (florescimento), hábito

de crescimento determinado, flor branca, semente amarela, pubescência cinza e hilo marrom.

4: BR-80-8858: Linhagem brasileira, proveniente da EMBRAPA-CNPSO, com ciclo aproximado de 53 dias (florescimento), hábito de crescimento indeterminado, flor roxa, semente amarela, pubescência e hilo cinza.

5: BR-80-14853: Linhagem brasileira, proveniente da EMBRAPA-CNPSO, com ciclo aproximado de 51 dias (florescimento), hábito de crescimento indeterminado, flor roxa, semente verde, pubescência marrom e hilo preto.

6: PI-123439: Linhagem americana fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA), com ciclo aproximado de 51 dias (florescimento), hábito de crescimento determinado, flor roxa, semente amarela, pubescência e hilo cinza.

7: PI-165896: Linhagem americana fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA), com ciclo aproximado de 47 dias (florescimento), hábito de crescimento determinado, flor roxa, semente preta. pubescência marrom e hilo preto.

8: PI-239235: Linhagem americana fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA), com ciclo aproximado de 55 dias (florescimento), hábito de crescimento

indeterminado, flor branca, semente amarela, pubescência e hilo cinza.

Os parentais foram escolhidos com base na avaliação realizada em cerca de 400 genótipos correspondentes à coleção de soja mantida pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo.

Estes genótipos foram avaliados em condições de campo, em ensaios com repetições, para os caracteres: produção de grãos, tempo de florescimento, altura da planta, acamamento, altura de inserção da primeira vagem, valor agronômico, cor da flor, cor da vagem, cor da pubescência e cor do hilo. No Laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP foi avaliado o teor de proteína.

Portanto, foram selecionados, com base nestes resultados, cinco genótipos (Gaúcha, La-4910-215, OC-79230, BR-80-8858 e BR-80-14853) quanto ao teor de proteína e com níveis de produção semelhantes às testemunhas utilizadas, as quais eram cultivares recomendados para o plantio. Os outros três genótipos parentais (PI-123439, PI-165896 e PI-239235) correspondem a genótipos introduzidos (PI) dos Estados Unidos pela EMBRAPA e fornecidos pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja. Estas introduções

apresentam teores bem elevados de proteína, mas são pouco adaptadas às condições ambientais brasileiras e, deste modo, pouco produtivos. Na Tabela 1, apresenta-se, de forma sumarizada, algumas características dos parentais.

3.2. Caracterização do Ambiente

O experimento foi conduzido em solo do tipo terra roxa estruturada série "Luiz de Queiroz" (RANZANI et alii, 1966) na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ, no município de Piracicaba-SP, situado a 22° 42' 30" de latitude Sul, 47° 38' 00" oeste e a 537 m de altitude em relação ao nível do mar.

De acordo com a classificação climática de THORNTHWAITTE para esta região, a fórmula climática resulta em C2rA'a', ou seja, clima úmido com pequeno déficit de água, megatérmico, e com vegetação o ano todo. As condições meteorológicas do período em que o experimento de campo foi realizado, referentes à precipitação pluvial, temperatura, umidade, temperaturas médias máximas e mínimas foram típicas de um ano normal e são apresentadas no Apêndice 1.

3.3. Execução Experimental

3.3.1. Obtenção de Sementes F₁

O programa de cruzamentos teve início em 05 de dezembro de 1986 com o plantio da primeira repetição dos parentais em casa de vegetação, com a finalidade de obtenção dos híbridos F₁. Foram plantadas dez repetições dos parentais em vasos de cerâmica, contendo terra de boa qualidade e adubo orgânico. Cada repetição foi distanciada no tempo em dez dias, com a finalidade de sincronizar a época de florescimento dos diferentes genótipos a serem cruzados e de escalonar o trabalho a ser realizado.

3.3.1.1. Determinação do parental macho e fêmea

A determinação do parental macho e do parental fêmea em todos os 28 cruzamentos possíveis entre os oito parentais baseou-se em genes marcadores que permitem a distinção entre cruzamentos efetivos e autofecundações, no exame das plantas supostamente híbridas. Os genes marcadores utilizados para se fazer a distinção entre híbridos e sementes oriundas de autofecundação foram os seguintes:

Cor da flor: A cor da flor da maioria dos cultivares é

roxa ou branca. Essa diferença é devida a um único par de genes, com roxa (W) sendo dominante e branca (w) recessiva (TAKAHASHI & FUKUYAMA, 1919, citados por JOHNSON & BERNARD, 1963 e WOODWORTH, 1923).

Cor de pubescência: Este caráter é controlado por um único par de genes, sendo a cor marrom (T) completamente dominante sobre a cor cinza (t) (WOODWORTH, 1921). Este par de genes também tem efeito sobre a cor da semente, o que será discutido mais adiante.

Cor da vagem: A cor da vagem após o estágio R7 (maturação fisiológica, escala de FEHR & CAVINESS, 1977) deixa de ter a cor verde e começa a apresentar a coloração do cultivar, que pode ser preta, marrom e amarelo-palha. Dois pares de genes controlam a cor da vagem: L condiciona o aparecimento da vagem de cor preta, l com L marrom e l com l = amarelo-palha (BERNARD, 1967).

Cor do tegumento da semente: A soja tem uma grande variedade de cor e formato na semente. As cores comuns são amarela, verde (presumivelmente clorofila), preta (antocianina intensa) e várias tonalidades de marrom. Diferentes distribuições dos pigmentos pretos ou marrom podem ocorrer nos tegumentos amarelos ou verdes (DESTRO, 1987). As diferenças entre a maioria dos cultivares nas cores preto e marrom são explicados em termo de

dois locos, Tt e Rr, com modificações de certas combinações de genes Oo e Ww. As diferenças na distribuição desses pigmentos são controladas pela série alélica I, i, $\frac{I}{K}$, i com dominância na ordem citada (DESTRO, 1987).

Cor do hilo: Fazem parte do sistema genético que controla a cor do hilo os genes I, R, O, T, W. Conforme visto anteriormente, estes genes controlam também a distribuição e a cor da pigmentação na semente (I, R e O), na pubescência (T,t) e na flor ($\frac{W}{1}$, $\frac{w}{1}$).

Hábito de crescimento: Dois genes que afetam a terminação do caule foram descritos por BERNARD (1972). A forma comum de caule determinado, presente na maioria dos cultivares do sul dos Estados Unidos, sul do Brasil, Japão e Coreia é controlada por $\frac{dt}{1}$, que é um gene parcialmente recessivo, causador do término abrupto de crescimento no ápice do caule, aproximadamente no período de florescimento. O gene $\frac{Dt}{2}$ ocasiona a terminação do caule moderadamente abrupta, sendo hipostático em relação a $\frac{dt}{1}$. Os alelos $\frac{dt}{1}$ e $\frac{Dt}{1}$ são amplamente representados, mas o $\frac{Dt}{2}$ não ocorre nos cultivares comerciais (DESTRO, 1987).

Com base nestes genes marcadores, que permitem a distinção de cruzamentos efetivos de autofecundações nas gerações segregantes F_1 e F_2 , determinou-se em cada cruzamento qual parental seria utilizado como macho e

qual como fêmea.

A Tabela 2 mostra a forma que os parentais participaram do cruzamento, bem como os caracteres utilizados para a distinção. Por esta tabela pode se constatar que os diferentes parentais foram utilizados como macho e fêmea nas seguintes quantidades:

Parental	macho	fêmea	total
Gaúcha	2	5	7
La-4910-215	4	3	7
OC-79230	1	6	7
BR-80-8858	6	1	7
BR-80-14853	7	0	7
PI-123439	3	4	7
PI-165896	5	2	7
PI-239235	0	7	7

3.3.1.2. Técnica de Hibridação controlada

Nas hibridações, utilizou-se o parental feminino na fase de botão floral, quando as pétalas ainda são menores que as sépalas; geralmente isto ocorre um dia antes da flor se abrir e caracteriza-se pela possibilidade de se entrever, entre as sépalas, a coloração das pétalas. Neste estágio o estigma já se encontra viável e os pólenes ainda não são deiscentes.

No processo de emasculação, realizado com o auxílio de pinças, os cinco lóbulos do cálice eram removidos para descobrir a corola. Neste processo normalmente eram juntamente removidas as anteras. Terminando o processo de emasculação, o estigma ficava exposto e pronto para ser polinizado. No processo de emasculação as anteras e pétalas eram conjuntamente removidas com auxílio de pinças, ficando o estigma exposto e pronto para ser polinizado. No processo de polinização, todo o conjunto de pistilo e anteras impregnado de pólen removido da flor masculina era pincelado delicadamente sobre o estigma da flor emasculada, resultando a polinização controlada.

Os cruzamentos propriamente ditos foram realizados a partir de 20 de janeiro de 1987, com o início do florescimento, até o início de abril, quando as condições climáticas impediram a continuação do processo. Devido a este mesmo fator, o maior número de cruzamentos foi obtido nos meses de janeiro e fevereiro.

Foram realizados 638 cruzamentos. Como alguns deles abortaram, foram obtidas 527 sementes F₁ viáveis distribuídas de maneira apresentada na Tabela 2.

As vagens oriundas de cruzamentos foram colhidas individualmente, entre os meses de março e maio de 1987, na proporção em que iam atingindo a maturi-

dade, sendo as sementes F₁ guardadas em câmara seca até o próximo plantio (julho de 1987).

3.3.2. Obtenção das sementes F₂

A etapa de obtenção das sementes F₂, iniciou-se em 08 de julho de 1987. Inicialmente as sementes F₁ foram colocadas para germinar em germinadores com controle de água e de temperatura (28 °C), para se ter uma maior eficiência da germinação.

No germinador observou-se que as sementes oriundas dos cruzamentos: Gaucha x BR-80-8858, Gaucha x PI-123439 e La-4910-215 x OC-79230 apresentavam tegumento duro e impermeável, havendo, portanto, necessidade de escarificação.

Quando as sementes apresentaram raiz entre 1 e 4 cm foram transplantadas para sacos plásticos, localizados em casa-de-vegetação, contendo aproximadamente 7kg de terra de boa qualidade, 6g de adubo mineral (NPK com formulação 0-30-10) mais inoculante apropriado. Os sacos foram adubados de 15 em 15 dias com adubo mineral, na mesma formulação citada anteriormente, a fim de se conseguir plantas bem vigorosas.

Para contornar o problema de sensibilidade da soja ao comprimento do dia, condição esta que se

manifesta em sementeiras anteriores a 15 de outubro ou posteriores a 15 de dezembro, foi necessário a utilização de luz artificial durante o período noturno. Isto retardou o florescimento o que possibilitou o equilíbrio entre o crescimento vegetativo e o início do florescimento, dando condições para se obter um maior número de sementes por planta.

Para se conseguir um número adequado de sementes F_2 procurou-se obter 4 plantas F_1 de cada cruzamento, o que foi possível em quase todos os cruzamentos, com exceção dos cruzamentos: Gaúcha x La-4910-215, Gaucha x BR-80-14853, OC-79230 x BR-80-8858 e BR-80-8858 x PI-123439. Nestes casos, devido ao pequeno número de sementes obtidas, associado à baixa germinação que elas apresentaram, restaram apenas 3 plantas dos cruzamentos Gaucha x La-4910-215, OC-79230 x BR-80-8858 e BR-80-8858 x PI-123439 e duas plantas do cruzamento Gaucha x BR-80-14853.

Durante o avanço das gerações detectou-se, com auxílio dos genes marcadores, autofecundações nos seguintes cruzamentos: Gaucha x PI-123439 (1 planta) e BR-80-8858 x PI-123439 (1 planta). Nos cruzamentos Gaucha x BR-80-14853 e La-4910-215 x PI-123439 não foi possível diferenciar cruzamentos de autofecundações. No primeiro caso, as flores apresentaram-se muito pequenas o que impossibilitou a diferenciação; no segundo caso, não foi pos-

sível diferenciar, pois o caráter utilizado neste cruzamento foi o hábito de crescimento, cuja caracterização é difícil nas condições de casa-de-vegetação. Também encontrou-se dificuldade para diferenciar cruzamentos de autofecundações nos casos onde o caráter utilizado foi a cor do hilo, isto é, o cruzamento OC-79230 x PI-239235. Em tais casos, optou-se por manter as progênies das plantas F individualizadas, a fim de se detectar e eliminar as possíveis autofecundações na geração F₁.

2

Na casa-de-vegetação foram obtidas 22.834 sementes F₂ distribuídas da maneira apresentada na tabela 2. As plantas F₂ foram colhidas individualmente e, com as sementes F₁ obtidas, foi preparado o experimento para a coleta dos dados experimentais.

3.3.3. Delineamento e características dos experimentos

O experimento com as sementes F₂, foi instalado no campo em 10 de dezembro de 1987. Utilizou-se um delineamento em blocos ao acaso com 7 repetições e parcela de uma fileira de 3m de comprimento com um espaçamento de 1m entre fileiras e 10 cm entre plantas dentro das fileiras. Cada repetição foi composta por 40 tratamentos sendo 28 cruzamentos (geração F₂), 8 parentais e 4 testemunhas. Além disso, foram colocados, sistematicamente, no

campo, dois padrões (IAC-Foscarin- 31 e IAC-12), a fim de se ter um maior controle ambiental dentro das repetições. A tabela 3 apresenta a relação dos tratamentos utilizados no experimento.

Em cada parcela foram semeadas 45 sementes, com posterior desbaste para 30 plantas, o que proporciona um espaçamento médio entre plantas de 10cm. O experimento foi irrigado desde o início, a fim de se conseguir uma germinação adequada. Foram realizadas três capinas, para manter o experimento limpo; após o florescimento foram realizadas pulverizações semanais para proporcionar um controle de insetos adequado.

3.3.4. Caracteres avaliados

As observações foram realizadas em plantas individuais devidamente etiquetadas. As etiquetas foram distribuídas logo após o desbaste, quando as plantas se apresentavam bastantes uniformes. As plantas marcadas foram escolhidas ao acaso em toda a extensão da parcela, mas procurando-se sempre amostrar somente aquelas competitivas. Foram avaliados os seguintes caracteres em plantas individuais:

-C.F. - cor da flor.

-C.P. - cor da pubescência

- C.V. - cor da vagem.
- C.T. - cor do tegumento da semente.
- C.H. - cor do hilo.
- H.C. - hábito de crescimento.
- D.F. - número de dias para o início do florescimento.
Período que corresponde ao número de dias decorridos entre a semeadura e o aparecimento das primeiras flores.
- A.F. - altura da planta (cm) no início do florescimento. Distância compreendida entre a base e o ápice da haste principal nos primeiros dias do florescimento.
- D.M. - Número de dias para maturidade. Período que corresponde ao número de dias decorridos desde a semeadura até aproximadamente 95% das vagens apresentarem-se maduras.
- A.M. - Altura da planta em (cm) na maturidade. Distância compreendida entre a base e o ápice da haste principal na época da maturidade.
- A.I. - Altura de inserção da primeira vagem (cm). Distância compreendida entre a base e a primeira vagem.
- V.A. - Valor agrônomo. Avaliado na maturidade, através de uma escala de notas visuais variando de 1 a 5, onde a nota 1 correspondeu a uma

planta sem nenhum valor agronômico e a nota 5 a uma planta com excelentes características agronômicas (grande número de vagens, sem sintomas de doenças, sem acamamento, ausência de hastes verdes sem debulha de vagens).

- A.C. - Acamamento. Avaliado na maturidade através de uma escala de notas visuais variando de 1 a 5, onde a nota 1 correspondeu a uma planta ereta e a nota 5 a uma planta completamente acamada.
- P.G. - Produção de grãos. Avaliada na maturidade através do peso dos grãos das plantas individuais amostradas (etiquetadas) na parcela. A unidade utilizada foi gramas por planta.
- T.P. - teor de proteína. Avaliado em uma amostra de sementes da parcela e somente em 4 repetições. A determinação do teor de proteína (%) foi efetuado no laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP pelo método de Kjeldahl. (Apêndice 2)

Para a avaliação da produção de grãos, após a colheita foi feita uma complementação da secagem à sombra antes do beneficiamento, com posterior exposição ao sol por dois dias e armazenamento em laboratório por 1 mês. Objetivou-se com isso obter o máximo grau de homogeneização da umidade. Para estas avaliações foram utilizadas 15 plantas de cada parcela nos materiais

segregantes (geração F_2) e 5 plantas por parcela nos materiais homozigóticos (parentais e testemunhas) o que corresponde a 3360 plantas individuais avaliadas (480 por repetição). Foram avaliadas também 5 plantas individuais em cada parcela dos dois padrões utilizados. Como cada padrão foi repetido 4 vezes em cada repetição, foram avaliadas 280 plantas dos padrões (40 por repetição). No total, portanto, foram avaliadas 3640 plantas individuais.

No transcorrer do experimento constatou-se que a combinação Gaucha x BR-80-14853 era proveniente de autofecundação, sendo portanto eliminado e restando 27 cruzamentos.

3.4. Análises estatístico-genéticas

As análises de variância segundo o delineamento em blocos ao acaso foram realizadas no Centro de Informática na Agricultura (CIAGRI) utilizando o programa SAS. Para todos os caracteres as análises foram realizadas com médias de parcelas sendo que para a acamamento e valor agrônômico os dados foram transformados para $\sqrt{x + 1}$.

3.4.1. Análises de variância

Na análise de blocos casualizados (Tabela 4), fez-se a decomposição da soma ^{quadrado} de tratamentos em parentais, progênies F_2 , testemunhas, e a respectiva comparação entre grupos (parentais versus progênies F_2 versus testemunhas).

O coeficiente de variação (CV) experimental foi determinado pela seguinte equação:

$$CV\% = \frac{s}{x} \cdot 100$$

onde:

s = desvio padrão residual

x = média do caráter

As comparações entre as médias dos tratamentos foram realizadas utilizando-se o teste de Tukey ao nível de probabilidade de 5%.

3.4.2. Análise dialélica pelo método de Griffing

Devido à escolha deliberada dos parentais utilizou-se para análise dialélica dos dados experimentais o método 2, modelo misto B, definido por GRIFFING (1956). Esta análise se baseia em uma tabela dialélica contendo a média de todos os parentais e do conjunto dos $n(n-1)/2$

cruzamento (progênies F₂) sem incluir os recíprocos. Nesse modelo, os efeitos de tratamentos são fixos e os blocos e erro experimental são aleatórios. No presente trabalho foram preparadas tabelas dialélicas para os nove caracteres em estudo, cujas médias são resultantes de sete repetições, exceto teor de proteína, onde se utilizou a média de 4 repetições. A partir destas tabelas, foram estimados os parâmetros genéticos de médias das linhagens em estudo, fornecendo o potencial genético das próprias linhagens per se como em cruzamentos com outras linhagens incluídas no estudo.

Para a análise da capacidade de combinação considerou-se o mesmo modelo utilizado na análise de variância, fazendo-se o desdobramento dos efeitos de tratamento em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). O modelo matemático para as análises das capacidades geral e específica de combinação pode ser apresentado como:

$$Y_{ijk} = u + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ijk}$$

onde:

Y_{ijk} = média de K repetições do cruzamento entre o parental i e o parental j.

u = média geral do dialelo

g_i = efeito da capacidade geral de combinação do parental i

g_j = efeito da capacidade geral de combinação do parental j

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para o cruzamento entre os parentais i e j. Para o caso dos parentais, $i = j$.

$$i, j = 1, 2, 3, \dots, n$$

$$k = 1, 2, 3, \dots, b$$

$\bar{e}_{ijk}$ = erro experimental (ou resíduo) associado às médias dos tratamentos, obtido através da divisão do QM resíduo da ANAVA pelo número de repetições.

As estimativas dos parâmetros só são possíveis admitindo-se as seguintes restrições

$\bar{e}_{ijk}$ = deve ser independente com distribuição normal, média zero e variância σ_e^2 ;

$$\sum_{i=1}^n g_{i(j)} = 0$$

$$\sum_j s_{ij} + s_{ii} = 0 \text{ (para cada } i)$$

O esquema de análise da variância para CGC e CEC é apresentado na Tabela 5.

Os efeitos da média, CGC e CEC foram estimados através das seguintes fórmulas, respectivamente;

$$Q = \frac{2}{n(n+1)} Y_{..};$$

$$g_i = \frac{1}{n+2} (Y_{i.} + Y_{ii} - \frac{2}{n} Y_{..});$$

$$s_{ij} = Y_{ij} - \frac{1}{n+2} (Y_{i.} + Y_{ii} + Y_{.j} + Y_{jj}) + \frac{2}{(n+1)(n+2)} Y_{..};$$

As variâncias das estimativas dos componentes das médias foram estimados pelas seguintes fórmulas:

$$\text{Var}(Q) = \frac{2}{n(n+1)} \hat{\sigma}^2;$$

$$\text{Var}(g_i) = \frac{n-1}{n(n+2)} \hat{\sigma}^2$$

$$\text{Var}(s_{ii}) = \frac{n(n-1)}{(n+1)(n+2)} \hat{\sigma}^2$$

$$\text{Var}(s_{ij}) = \frac{n^2 + n + 2}{(n+1)(n+2)} \hat{\sigma}^2; \text{ com } i \neq j;$$

$$\text{Var}(g_i - g_j) = \frac{2}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ com } i \neq j;$$

$$\text{Var}(s_{ii} - s_{ij}) = \frac{2(n-2)}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ com } i \neq j;$$

$$\text{Var}(s_{ij} - s_{ij'}) = \frac{2(n+1)}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ com } i \neq j \text{ e } j \neq j';$$

$$\text{Var}(s_{ij} - s_{ih}) = \frac{2n}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ com } i \neq j, k, l, : j \neq k \text{ e } k \neq l;$$

A relação entre CGC e CEC foi avaliada pela fórmula (BAKER, 1978):

$$\frac{2V_{gi}}{2V_{gi} + V_s}$$

i ij

onde:

$$Vg_i = \Sigma g_i^2 / 7$$

$$Vs_{ij} = \Sigma s_{ij}^2 / 28$$

Visando avaliar melhor a contribuição da capacidade geral de combinação e da capacidade específica de combinação para cada caráter foram comparadas as médias segundo o modelo completo ($Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij}$) com as médias estimadas segundo o modelo reduzido onde se elimina o efeito da capacidade específica de combinação ($Y_{ij} = m + g_i + g_j$). A concordância entre os dois modelos foi testada através dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rf). (Tabela 20 a 28).

Como salientado anteriormente, não foi possível obter sementes F_2 entre os parentais Gaúcha e BR-80-14853. Os valores desse cruzamento para os vários caracteres foram estimados pela fórmula (ECKHARDT, 1952):

$$a \times b = \frac{(n - 1)(T'a + T'b) - 2T'c}{n^2 - 5n + 6}$$

onde:

$a \times b$ = estimativa do cruzamento para determinado caráter;

n = número de parentais;

- $T'a$ = somatório da linha "a" em uma tabela dialélica, excluindo o valor $a \times b$;
 $T'b$ = somatório da linha "b" em uma tabela dialélica, excluindo o valor $a \times b$;
 linha "a" = cruzamentos que envolvam o parental "a";
 linha "b" = cruzamentos que envolvam o parental "b";
 $2T'$ = Somatório geral da tabela dialélica menos $2ab$;
 a fórmula utilizada não inclui os parentais na estimativa do cruzamento.

3.5. Heterose

Foram obtidas as heteroses médias das linhagens quando em cruzamentos para os caracteres em estudo. Como ressaltado anteriormente, a heterose corresponde ao desvio da geração F_1 em relação à média dos parentais. Como neste estudo a geração híbrida utilizada foi a F_2 , os resultados foram multiplicados por dois para que os mesmos fossem expressos ao nível de F_1 . Para tanto, utilizou-se a seguinte fórmula:

$$h = 2 (F_2 - MP)$$

sendo:

h = heterose

F_2 = média da geração F_2

$MP = \frac{P_i + P_j}{2}$, média dos parentais da progênie F_2 .

Sendo sua expressão em porcentagem determinada pela seguinte fórmula:

$$h(\%) = \frac{h \cdot 100}{MP}$$

3.6. Correlação fenotípica

Foram calculadas as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f), baseados em médias de repetições, entre todos os pares de caracteres combinados dois a dois, segundo a fórmula descrita por FALCONER (1987).

$$r_f(x,y) = \frac{\text{Cov}_f(x,y)}{\sigma_{fx} \cdot \sigma_{fy}}$$

onde:

$r_{f(x,y)}$ = correlação fenotípica entre os caracteres X e Y;

$\text{Cov}_{f(x,y)}$ = covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

σ_{fx} e σ_{fy} = desvio padrão fenotípico dos caracteres X e Y, respectivamente.

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica foi verificada pelo teste "t", com n-2 graus de liberdade, nos níveis de 5% e 1% de probabilidade, segundo procedimento adotado por PIMENTEL GOMES (1985).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância

Os valores e respectivas significâncias dos quadrados médios das análises de variância em blocos ao acaso para os nove caracteres anteriormente mencionados são apresentadas na Tabela 6. Para todos os caracteres são apresentadas também as médias e os respectivos coeficientes de variação experimental.

Pela análise de variância verifica-se que foram obtidos coeficientes de variação experimental que podem ser considerados satisfatórios; para TP, DF, DM, AC, e VA foram inferiores a 6,09% para AF, AM e AI foram aproximadamente 13% e somente para o caráter PG ficou ao redor de 20%.

Observa-se ainda que, em todos os casos, o teste "F" para tratamentos e para o desdobramento de parentais e progênes F_{2} foi altamente significativo, exceto para VA, no qual os parentais não apresentaram

diferença significativa. A comparação entre grupos apresentou significância ao nível de 1% para TP, DF, DM, AM, e AC enquanto que para os demais caracteres não houve diferenças significativas pelo teste F. A Tabela 6 mostra também que as testemunhas apresentaram diferenças ao nível de probabilidade de 1% para TP, DF, AF, DM, AM e AI enquanto que o caráter PG apresentou diferenças significativas ao nível de 5%; para os outros dois caracteres (AC e VA) não se constataram diferenças significativas.

A significância dos quadrados médios dos parentais e das progênies F_2 mostra que há uma grande variabilidade neste conjunto de parentais, evidenciando a possibilidade de formação de uma população de base genética ampla a partir desse material.

4.2. Comportamento dos parentais, progênies F_2 , testemunhas e avaliação da heterose.

Nos resultados apresentados a seguir frequentemente os tratamentos serão denominados apenas por números devido a complexidade do nome dos parentais. Para facilitar o acompanhamento sugere-se o uso do apêndice 3.

4.2.1. Caracteres relacionados ao florescimento

As Tabelas 7 e 8 mostram as médias, variâncias e heterose para os caracteres DF (número de dias

para florescimento) e AF (altura da planta no florescimento); estas tabelas também mostram os valores do teste de Tukey para comparações entre médias de cada caráter.

Observa-se (Tabela 7) que a amplitude de variação entre cruzamentos para DF foi de 52,2 a 60,8 dias, enquanto para parentais foi de 51,8 a 67,2 dias. Observa-se ainda que a maioria dos cruzamentos apresentou uma magnitude superior à média das quatro testemunhas (52,8 dias). Nota-se, ainda, que o parental 8 (PI 239235) é bem mais tardio que os demais; devido a isso, todos os cruzamentos que o envolvem formam um grupo a parte, que difere estatisticamente dos demais tratamentos. Observa-se também que todos os cruzamentos envolvendo o parental 8 (PI-239235) são significativamente mais precoces que esse parental.

Quanto à amplitude de variação dentro de tratamentos observa-se que os parentais e cruzamentos apresentam respectivamente variações de 0,44 a 3,18 dias² e 2,29 a 20,77 dias², sendo a variação dos cruzamentos em média o triplo daquela que ocorre dentro dos parentais, indicando a possibilidade de seleção para alteração do ciclo para a maioria dos cruzamentos.

Na mesma Tabela pode-se observar que a heterose para este caráter foi predominantemente negativa; dos 28 cruzamentos, 22 apresentaram heterose negativa, sendo o

valor mais expressivo obtido no cruzamento 4x8 (-10,3%), justamente o cruzamento que apresentou a maior variância para este caráter (20,7 dias ²). Entre os 6 cruzamentos que apresentaram heterose positiva, os mais expressivos foram o 2x5 (3,9%) e 1x6 (3,9%); os outros 4 cruzamentos ficaram com valores abaixo de 2,7%. Estes resultados mostram que as progênes F ₂ apresentaram uma tendência de diminuição de DF em relação à média dos parentais.

Heteroses predominantemente negativas, foram também obtidas por CAMPOS (1979), KAW & MENON (1979), CHAUDHARY & SINGH (1974), FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989). Portanto, os resultados obtidos estão de acordo com os demais autores e confirmam a dominância do florescimento precoce; só houve exceção a esta tendência no trabalho de VEATCH (1930), onde os cruzamentos realizados apresentaram uma maior tendência à heterose positiva. Entretanto, a dominância no sentido de precocidade é comum em outras espécies, como por exemplo o milho.

Para o caráter altura da planta no início do florescimento (Tabela 8) observa-se que os parentais e progênes F ₂ respectivamente apresentaram em média 47,3cm e 48,0 cm de altura. Novamente observa-se que o parental 8 é o mais discrepante (65,3 cm) e, conseqüentemente, todos os cruzamentos que o envolvem apresentam maior magnitude para o caráter, sendo estes porém inferiores ao referido paren-

tal (51,4 a 64,0 cm). Neste caso, não existe muita diferença quanto ao padrão de variação dentro de cruzamentos, sendo estes, em média, superiores às diferenças que ocorrem dentro dos parentais. Deve-se, entretanto, destacar que os cruzamentos que envolvem o parental 8 apresentaram variâncias relativamente altas, o que pode refletir uma maior divergência genética desse parental para com os outros para esse caráter e também a possibilidade de seleção para redução da altura dentro dos cruzamentos que o envolvem. A média da heterose para AF foi de $-1,1 \pm 14,8$ (Tabela 8).

Para AF, a heterose (Tabela 8) mostrou-se positiva para 13 cruzamentos, sendo os valores mais elevados observados nas progênies dos cruzamentos 1 x 8 (24,2%) e 3 x 7 (24,8%). Os outros 15 cruzamentos apresentaram heterose negativa, sendo os valores mais expressivos observados nos cruzamentos 1 x 3 (-21,2%) e 5 x 6 (-30,2%), estes resultados demonstram uma ampla faixa de variação para este caráter.

Em uma série de 45 cruzamentos, KAW & MENON (1979) obtiveram, na média, valores negativos para heterose (-6,3), ou seja, as progênies apresentaram menor altura no florescimento que os respectivos parentais. Outros autores, entretanto, como FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989), obtiveram valores, em média, positivos. Entre outros fatores, essas diferenças podem decorrer das diferenças entre os

materiais genéticos e condições de ambiente onde foram realizados os estudos.

4.2.2. Caracteres relacionados à maturidade

As médias e variâncias para os caracteres número de dias para maturidade (DM) e altura das plantas na maturidade (AM) e as respectivas diferenças mínimas significativas ao nível de 5% pelo teste de Tukey são apresentadas nas Tabelas 9 e 10

Através da Tabela 9 observam-se diferenças significativas para DM tanto no grupo dos parentais quanto nos cruzamentos. Os parentais 6 (149,7 dias) e 7 (150,4 dias) foram os mais precoces; já os mais tardios foram os parentais 8 (160,1 dias) e 1 (158,2 dias), fato que implicou numa diferença de 10 dias para atingir a maturidade.

Já entre as progênies F_2 o cruzamento mais precoce foi 4 x 6 (149,8 dias) e o mais tardio 1 x 8 (158,3 dias). É importante observar que essa é praticamente a mesma amplitude de variação apresentada pelos parentais e que estes dois cruzamentos envolvem respectivamente o parental mais precoce (6) e os mais tardios (8 e 1), nas progênies F_2 o DM ficou entre os valores extremos observados nos parentais. Os cruzamentos mais precoces foram 4 x 6

(149,8 dias), 6 x 7 (149,8 dias), 2 x 6 (150,2 dias), 5 x 6 (150,8 dias). Constata-se ainda que, pelo menos uma vez em cada um dos dez cruzamentos mais precoces, estão envolvidos os parentais 6 e 7. Desse modo pode-se concluir que esses parentais possuem um grande potencial para precocidade.

A heterose do DM (Tabela 9), apresentou-se no geral com valores baixos sendo negativa em 22 cruzamentos e variando de -5,21% no cruzamento 4 x 6 a 1,61% no cruzamento 4 x 7. A média da heterose foi $-1,25 \pm 1,62\%$, indicando que as progênies F_2 situaram-se em torno da média dos parentais com uma tendência parcial para maturidade precoce.

Esses resultados estão de acordo com os obtidos por NASS (1989) e FREIRE FILHO (1988) que obtiveram médias negativas para heterose e que relataram que as progênies tenderam a ser intermediárias entre os parentais; também são concordantes com PASCHAL II & WILCOX (1975), CAMPOS (1979) e KAW & MENON (1979). Portanto, os resultados obtidos, estão de acordo com os demais autores, só havendo exceção no trabalho conduzido durante quatro anos por WEBER et alii (1970) onde se obteve heterose média positiva em três anos e negativa em apenas um ano.

A AM (Tabela 10) apresentou uma média de 71,8 cm nos parentais variando de 61,1 cm no parental 6 a

98 cm no parental 8, enquanto que nas progênes F_2 a amplitude de variação foi de 58,6 a 99,1 cm respectivamente nos cruzamentos 1 x 4 e 2 x 8. Observa-se que a maioria dos cruzamentos apresentou uma magnitude superior à média dos parentais (71,8 cm) e das testemunhas utilizadas (62,4 cm). Entretanto, constata-se que as médias das progênes situaram-se entre os parentais de menor e maior altura. Neste caso, houve muita diferença quanto ao padrão de variação dentro de cruzamentos, sendo a menor variação observada no cruzamento 1 x 4 ($86,01 \text{ cm}^2$) e a maior variação no cruzamento 2 x 8 ($569,04 \text{ cm}^2$). Como visto anteriormente, estes cruzamentos, apresentaram respectivamente a menor e a maior média. Portanto, esses dados mostram que o conjunto de parentais reúne uma considerável variabilidade para AM. Este fato torna-se mais interessante quando se observa que os cruzamentos que possuem maior altura apresentam variâncias altas e são em sua maioria progênes oriundas de introduções (PI's), isto é: 2 x 8; 7 x 8; 1 x 8; 5 x 7; 5 x 8; 2 x 7; 1 x 7; 3 x 7; 6 x 8; 2 x 6; 6 x 7 e 4 x 8, sendo a menor variação observada no cruzamento 2 x 7 ($150,5 \text{ cm}^2$). Desta forma, verifica-se que existe a possibilidade de seleção para redução de AM na maioria dos cruzamentos.

A maioria das estimativas da heterose (Tabela 10) para AM foram positivas; dos 28 cruzamentos, 20 apresentaram heterose positiva, sendo o valor mais expres-

sivo obtido no cruzamento 4 x 7 (48,17%); entre os 8 cruzamentos que apresentaram heterose negativa o mais expressivo foi o 1 x 4 (-14,51%). Estimativas positivas para heterose têm sido constatada por vários autores (CHAUDHARY & SINGH, 1974; CHAUHAN & SINGH, 1982; FREIRE FILHO, 1988; KUNTA et alii, 1985; NASS 1989; VEATCH, 1930; WEBER et alii, 1970; WENTZ & STEWART, 1924; WOODWORTH, 1933). Dos trabalhos consultados, o único que relatou heterose negativa para este caráter foi o de KAW & MENON (1979). Desse modo, os resultados obtidos estão de acordo com a maioria dos apresentados na literatura revisada.

4.2.3. Acamamento, valor agronômico e altura de inserção da primeira vagem

As Tabelas 11, 12 e 13 apresentam os dados referentes à média, variância e respectivas diferenças mínimas significativas ao nível de 5% pelo teste de Tukey para comparações entre parentais e entre progênies F_2 , dos caracteres acamamento (AC), valor agronômico (VA) e altura de Inserção da Primeira Vagem (AI).

Os caracteres AC e VA foram avaliados através de uma escala de notas visuais e as análises de dados foram realizadas com transformações de valores para $\sqrt{x + 1}$. É importante lembrar que para AC as notas variavam de 1 a 5, sendo que as plantas que apresentaram os menores graus

de acamamento receberam as menores notas em torno de 1.

O caráter AC (Tabela 11) apresentou uma média de 1,48 nas progênies F variando de 1,41 no cruzamento 1 x 4 a 1,64 no cruzamento 7 x 8. Observa-se que todos os cruzamentos que apresentaram uma magnitude superior à média dos cruzamentos (1,48) estão envolvidos como parentais pelo menos uma das três PI's. Constata-se ainda que as variâncias destes cruzamentos são superiores à média das variâncias dos cruzamentos. Este fato torna-se interessante ao se observar que o AC é um caráter que tem limite mínimo 1,0, o qual corresponde à nota da escala que é atribuída a uma planta completamente ereta. Sendo assim, para cruzamentos que apresentaram média de AC próxima de 1,0, as variâncias deverão ser naturalmente baixas. Desse modo, há cruzamentos como 1 x 4, 3 x 4, 2 x 5, que tiveram média de AC de 1,41 (dados transformados para $\sqrt{x + 1}$) e variância igual a zero, mostrando-se, assim, as mais promissoras para serem utilizadas no melhoramento para resistência ao AC.

A maioria das estimativas da heterose (Tabela 11) para AC foram negativas, entre os vinte e oito cruzamentos, vinte foram negativos, sendo o valor negativo mais expressivo obtido no cruzamento 7 x 8 (-23,50%) e o positivo nos cruzamentos 2 x 4 (4,26%) e 4 x 5 (4,26%). Esses resultados indicaram que as progênies tenderam a

apresentar menor grau de AC que a média dos respectivos parentais. Estimativas negativas para heterose em progênies F_2 foram também obtidas por FREIRE FILHO (1988) e em gerações F_1 por PASCHAL II & WILCOX (1975). Apenas o trabalho de NASS (1989) apresentou heterose média positiva para AC, o que, segundo o autor, deve-se ao fato de suas estimativas terem sido baseadas em plantas sem competição. Desse modo, os resultados obtidos estão de acordo com os apresentados na literatura revisada.

Para o VA, as notas também variavam de 1 a 5, só que com conotação diferente da dada para AC. No caso do VA, as plantas que mais se aproximaram do ideiótipo de soja recebiam as maiores notas (5).

A Tabela 12 mostra que tanto os parentais quanto os cruzamentos apresentaram uma pequena variação. Os cruzamentos apresentaram VA praticamente intermediário aos parentais variando de 1,71 (1 x 2) a 1,83 (6 x 7). Quanto ao padrão de variação, observa-se que os cruzamentos não diferem muito entre si, sendo esta variação, em média, pouco superior (0,32) àquela que ocorre entre os parentais homozigóticos (0,24).

A Tabela 12 mostra que as estimativas de heterose foram predominantemente positivas variando de 5,88% (2 x 8) a -4,01% (7 x 8). Estimativa positiva de heterose para VA também foi obtida por NASS (1989); por

outro lado, FREIRE FILHO (1988) relatou uma ligeira superioridade da heterose negativa. Os resultados obtidos neste trabalho mostram que as progênies F₂ tenderam a apresentar valor agrônomo superior à média dos parentais, observa-se ainda que entre os nove cruzamentos que apresentam heterose negativa, em oito estão envolvidos em pelo menos uma vez os parentais 5 e 7 os quais apresentam as maiores médias de VA.

E bom lembrar que a avaliação de uma planta ou progênie, através do VA, reflete a utilização de um índice subjetivo que engloba um conjunto de vários caracteres agrônômicos simultaneamente, sendo expresso através de uma nota (NASS, 1989), motivo pelo qual este caráter pode não ter uma boa eficiência para seleção uma vez que a avaliação visual é muito subjetiva. Entretanto, BRIM (1973) relatou que esquemas de seleção visual têm sido utilizados visando reduzir o número de progênies para um nível tal, que viabilize a avaliação do potencial produtivo, enfatizando ainda, que tais esquemas são efetivos para caracteres de alta herdabilidade.

Para o carácter AI (Tabela 13) observa-se que nas progênies F₂ houve uma variação de 10,2 cm (5 x 6) a 20,0 cm (2 x 8) sendo que esta última média não difere estatisticamente da média do parental 2 (21,3 cm) o qual apresentou a maior AI. Verificou-se que os parentais 6

e 2 apresentaram respectivamente menor e maior AI, e de maneira geral as progênies F₂ destes cruzamentos apresentaram médias próximas aos seus parentais. As progênies F₂ apresentaram variância média de 19,0 cm², e com variação de 7,97 cm² (4 x 6) a 84,35 cm² (5 x 8), o que indica a existência de variabilidade para seleção para maior AI dentro de alguns cruzamentos.

A expressão da heterose para AI (Tabela 13) apresentou ampla variação, mostrando-se positiva para 13 cruzamentos, sendo o valor mais elevado observado nas progênies do cruzamento 3 x 7 (33,22%); os outros 15 cruzamentos apresentaram heterose negativa sendo o valor mais expressivo observado no cruzamento 5 x 6 (-26,5%).

4.2.4. Produção de grãos

Para o caráter produção de grãos (Tabela 14), a amplitude de variação no grupo de progênies F₂ foi de 19,4g (1 x 6) a 35,4g (2 x 4), apresentando uma média de 28,2g. Considerando-se a média dos três parentais mais produtivos, isto é, 36,21g/planta, constata-se que estas não diferem significativamente dos dez melhores cruzamentos.

Observa-se, ainda, que nesse grupo de cruzamentos mais produtivos quatro deles envolvem o parental 8, ou seja: 2 x 8, 5 x 8, 3 x 8, 4 x 8; além disto,

em três deles ocorre as maiores variações dentro de cruzamentos: 4 x 8 [406,48(g/planta)²], 2 x 8 [335,8 (g/planta)²] e 3 x 8 [307,4(g/planta)²], variações estas superiores ao padrão ocorrido nos parentais e testemunhas [respectivamente 151,56(g/planta)² e 207,79(g/planta)²]. Os resultados apresentados aliados às variâncias obtidas nos grupos de progênies F₂ mostram a potencialidade de serem selecionadas linhagens de soja promissoras em gerações mais avançadas, a partir desta população base.

A heterose (Tabela 14) para este caráter apresentou uma média de $10,72 \pm 27,6\%$ valores tanto positivos como negativos. Dos 28 cruzamentos, 18 apresentaram heterose positiva, demonstrando uma predominância de valores positivos, sendo o valor mais expressivo obtido no cruzamento 1 x 7 (66,18%); entre os 10 cruzamentos que apresentaram heterose negativa, o mais expressivo foi o 4 x 6 (-45,46%).

A heterose média obtida neste estudo (10,72%) está de acordo com os resultados obtidos na literatura consultada, geralmente obtidos a partir da produção em gramas/planta, os quais são positivos e apresentam uma grande variação: CAMPOS (1979) obteve média de 19,0%; CHAUHAN & SINGH (1982), 48,4%; FREIRE FILHO (1988), 5,2%; KAW & MENON (1979), 17,4%; KUNTA et alii (1985), 24,6%; NASS (1989), 28,1%; VEATCH (1930), 35,5%; WEBER et alii

(1970), 25,1% e WEISS et alii (1947), 20,8%.

4.2.5. Teor de Proteína (TP)

Encontram-se relacionadas na Tabela 15 as heteroses e as médias com respectivas diferenças significativas ao nível de 5% pelo teste de Tukey para o caráter TP.

Através da Tabela 15 constata-se que a amplitude de variação entre parentais foi de 35,65% (parental 2) a 43,0% (parental 5), enquanto que nas progêneses F_2 o TP ficou entre os valores extremos observados nos parentais ou seja 36,3 (2 x 3) a 41,3% (5 x 8). Observa-se, ainda, que a média dos parentais apresentou magnitude não diferente da média das progêneses F_2 , respectivamente 38,7 e 38,4%. Deve-se, entretanto, observar que estas médias são superiores à média das testemunhas (34,7%), sendo este valor inclusive menor que os menores valores obtidos nos outros dois grupos (parentais e progêneses F_2). Pode-se também verificar que 14 dos 18 cruzamentos que apresentaram maiores teores de proteína, envolvem pelo menos uma PI.

Os resultados observados para TP tornam-se mais interessantes ao se observar que o cruzamento que possui maior teor de proteína 5 x 8, faz parte tanto do grupo que apresenta maior produção de grãos quanto do que apresenta maior valor agrônômico. Estes resultados tornan-

se animadores pois indicam a possibilidade de serem selecionados em gerações mais avançadas, linhagens de soja com níveis de produção elevados, maior teor de proteína e bom valor agronômico.

É importante considerar porém, que os cruzamentos envolvendo o parental 8 são os de maior DF, AF e DM; atributos que podem ser indesejáveis. Mas, conforme já foi anteriormente verificado, existe a possibilidade de se selecionar para redução desses caracteres devido a ocorrência de variabilidade para os mesmos.

4.3. Análise dialélica segundo o modelo de GRIFFING

A análise de variância (Tabela 6) revelou a ocorrência de significância (1% pelo teste de F) para tratamentos e para todos os desdobramentos em efeitos de parentais (exceto para VA) e de progênies F para todos os caracteres. Procedeu-se, então, à análise da capacidade de combinação para todos os caracteres, desdobrando-se a soma de quadrados de tratamentos em soma de quadrados para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), de acordo com o método 2, modelo B de GRIFFING (1956).

Os resultados das análises para a capacidade de combinação são apresentados na Tabela 16, onde se constata que a CGC foi significativa para todos os nove

caracteres analisados e a CEC, não apresentou diferença significativa para VA e para PG. No caso do caráter PG, o valor obtido para $F(1,44)$ está próximo ao limite de significância a 5%, podendo-se admitir que a não significância da CEC na análise de variância é uma questão apenas de nível de possibilidade de erro. É bom lembrar que a capacidade de combinação foi avaliada em F_{22} , onde a CEC é reduzida. Isso reforça ainda mais a existência da capacidade específica de combinação, com exceção de VA.

Presença de significância para os efeitos de CEC, em estudos dialélicos em soja, foram obtidos por diversos autores: LEFFEL e WEISS (1958) para os caracteres florescimento, maturidade, altura da planta e tamanho de sementes; WEBER et alii (1970) para produção de grãos e altura da planta; PASCHAL II & WILCOX (1975) para maturidade, altura de plantas e tamanho de sementes; SRIVASTAVA et alii (1978a) para floração e maturação; TOLEDO & KIIHL (1981) para floração e número de folhas trifoliadas; PALUDZYSZYN FILHO (1982) para produção de grãos, tempo de florescimento e maturidade; FREIRE FILHO (1988) para o número de dias para florescimento, número de internódios na maturidade, altura da planta na maturidade, produção de planta individual e produção de parcela.

Por outro lado, NASS (1989) não detectou significância para CEC nos seguintes caracteres: número de

dias para florescimento, número de internódios no florescimento, altura da planta na maturidade, valor agrônomo e produção de grãos. Ausência de significância para CEC também foi obtida por LEFFEL & WEISS (1958) e PASCHAL II & WILCOX (1975) para produção de grãos e por SRIVASTAVA et alii (1978a) para florescimento.

PALUDZYSZYN FILHO (1982), em seu trabalho, concluiu que, em cruzamentos envolvendo linhagens de soja, a significância da CEC pode ser verificada com certa frequência, principalmente em função de combinações epistáticas. Tal fato, segundo HALLAUER & MIRANDA FILHO (1981) pode ser devido à própria natureza homozigótica das linhagens envolvidas ou de acordo com LONNQUIST (1963) devido à condição de linhagens altamente desenvolvidas ou "elites".

De acordo com vários autores (GRIFFING, 1956a; KEMPTHORNE & CURNOW, 1961 e MATZINGER & KEMPTHORNE, 1956), a CGC decorre principalmente de efeitos genéticos aditivos e de efeitos genéticos do tipo aditivo x aditivo e a CEC resulta de efeitos genéticos dominantes e de vários tipos de componentes epistáticos. GRIFFING (1956), também aponta que na presença de variâncias significativas de CEC, as variâncias de CGC refletem não somente as variâncias aditivas, mas também variâncias devido a efeitos não aditivos.

Pode-se, assim, concluir que as ações gênicas aditiva, dominante e possivelmente interações epistáticas foram importantes para todos os caracteres, exceto VA. A presença de heterose para as caracteres em estudo, embora em níveis diferentes de expressão, também corroboram esta conclusão. Autores como HANSON et alii (1967), SRIVASTAVA et alii (1978a), PALUDZYSZSN FILHO (1982), FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989), obtiveram conclusões semelhantes em seus estudos.

A relação entre CGC e CEC foi avaliada por BAKER (1976) para o modelo com efeito de tratamentos fixos, sendo esta relação segundo ARUNACHALAM (1976) indicadora da predominância de ações gênicas. Para sete dos nove caracteres avaliados, a relação $2V_{gi} / (2V_{gi} + V_{s_{ij}})$ foi superior a 85,4% (Tabela 16) o que evidência uma preponderância de efeitos da CGC em relação a efeitos da CEC no controle desses caracteres para estes parentais. Conforme BAKER (1978) quanto maior for a relação $2V_{gi} / (2V_{gi} + V_{s_{ij}})$ maior será a capacidade de predição baseada na capacidade geral. Para avaliar esta importância foram calculadas as médias esperadas com base em um modelo reduzido em que $Y_{ij} = u + g_i + g_j$, isto é, eliminou-se o s_{ij} ; as quais foram comparadas com as médias observadas através dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rf) e demonstraram (Tabela 20 a 28) que para todos os caracteres exceto TP as correlações foram altas, indicando desta ma-

neira que a predição baseada apenas na CGC para os outros 8 caracteres é muito boa.

Segundo CRUZ (1983) e MIRANDA (1987) quando o conjunto de parentais é heterogêneo essa superioridade é esperada. Resultados semelhantes demonstrando a predominância da CGC em relação à CEC na geração F₁ para produção de grãos e alguns outros caracteres foram obtidos por vários autores (KAW & MENON, 1980, 1981; PASCHAL II & WILCOX, 1975; SRIVASTAVA et alii, 1978a, 1978b e PALUDZYSZYN FILHO, 1982). BHATADE et alii (1977), FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989) observaram a mesma tendência em gerações F₂. Desse modo, pelos resultados deste estudo (exceto TP) e pelos constatados na literatura foi evidenciada uma preponderância da CGC em relação à CEC, para todos os caracteres em estudo.

Vale, contudo, ressaltar que este estudo foi conduzido em um ano e em um único local; dessa maneira, segundo FREIRE FILHO (1988) as estimativas da CGC e CEC podem estar superestimadas em consequência do não isolamento das interações com estes fatores. Interações significativas, particularmente com anos foram obtidas por KUNTA et alii (1985) e PASCHAL II & WILCOX (1975). Embora estas interações tenham sido positivas, os autores concluíram que foram de pouca magnitude, podendo ser desprezadas. Desse modo, caso isso possa ser generalizado para soja, pode-se

concluir que os dados obtidos em um ano e um único local, desde que não sejam ambientes atípicos, podem ser considerados satisfatórios para avaliação da CGC e CEC de parentais e cruzamentos.

4.3.1. Efeitos da capacidade geral de combinação (CGC)

O efeito de capacidade geral de combinação (g_i) de uma linhagem pode ser entendido como sendo o seu comportamento médio numa série de combinações híbridas. Valores absolutos muito altos (positivos ou negativos) para g_i ou g_j indicam a superioridade ou inferioridade do genótipo em relação ao comportamento médio das demais linhagens envolvidas nos cruzamentos do esquema dialélico. Tais estimativas são relativas e devem ser consideradas para cada grupo particular de parentais.

Os efeitos da capacidade geral de combinação (g_i), os erros padrões de g_i e de ($g_i - g_j$), a média ($\bar{u}$) o erro da média [$s(\bar{u})$] e o coeficiente de variação de g_i ($CVg_i \% = s g_i / \bar{x}$) para os parentais em todos os nove caracteres avaliados são apresentados na Tabela 17.

No caráter DF, os valores de g_i variavam de -1,78 a 4,95 dias. Seis parentais apresentaram g_i negativos, sobressaindo-se os parentais 2 e 6, respectivamente, com -1,48 e -1,78 dias. Portanto, esses parentais contribuem geneticamente para reduções superiores a um dia

para o início do florescimento, em média. No outro extremo está o parental 8 com g_i de 4,95 dias, o que representa uma contribuição média para atrasar em cinco dias o início do florescimento.

As estimativas de g_i para AF variaram de -2,61 a 8,49 cm, valor este apresentado pelo parental 8, o qual mostrou maior potencial para aumentar a AF. Cinco parentais apresentaram g_i negativos, sobressaindo-se os parentais 2, 4, 6 e 7 os quais contribuíram para uma redução, em média, de dois centímetros.

Praticamente, os mesmos parentais que apresentaram g_i positivo para DF, apresentaram g_i positivo para AF, exceção ocorreu no parental 5 que apresentou g_i negativo para DF (-0,65 dias) e g_i positivo para AF (2,48 cm). Observa-se ainda que para esses dois caracteres (DF, AF), os coeficientes de variação do g_i foram respectivamente 3,8% e 7,8% (Tabela 17).

Para o caráter DM, quatro parentais chamam atenção; dois deles (1 e 8) por apresentarem g_i superiores a um (respectivamente 1,03 dias e 2,28 dias) e dois (7 e 6) por apresentarem g_i inferiores a um (respectivamente -1,82 dias e -3,64 dias).

Os caracteres número de dias para o florescimento e maturidade apresentaram variação pequena pelo

CVg_i (Tabela 17). As melhores estimativas para os dois caracteres, ou seja precocidade para o início do florescimento e da maturidade, foram obtidas nos parentais 2, 6 e 7 sendo o melhor desempenho observado no parental 6.

O caráter AM apresentou amplitudes de g_i, variando de -6,52 cm (Parental 4) a 13,00 cm (Parental 8). Além do parental 4 outros quatro (Parentais: 1, 3, 5 e 6) apresentam valores de g_i negativos, sendo que entre estes parentais a menor contribuição para redução da altura é de 3 cm observado no parental 5. Os demais parentais (2 e 7) apresentaram um g_i respectivamente de 4.93cm a 8,66 cm. Para esse caráter observa-se portanto uma variação maior entre os g_i, sendo esta de aproximadamente 20 cm entre os extremos.

Para AI, apenas três parentais apresentaram g_i positivos, isto é, os parentais: 2, 4 e 8, respectivamente com 2,87; 0,39 e 1,49 cm. Desse modo, esses parentais têm potencial para contribuir para aumentar AI. No outro extremo está o parental 6, contribuindo geneticamente, em média, com 3 cm para redução da inserção da altura da primeira vagem. Para esse caráter também houve uma variação considerável entre os extremos (aproximadamente 6 cm), destacando-se principalmente os parentais 2 e 8 como genótipos potenciais para aumentar a altura de inserção da primeira vagem.

O VA é um caráter muito complexo, por ser o resultado de avaliação visual simultânea de uma série de caracteres agronômicos, este fato faz com que a interpretação deste caráter tenha que ser cautelosa, pois, muitas vezes, uma única característica indesejável atribui ao caráter uma nota baixa, consequentemente pode ocorrer do VA não refletir a mesma tendência que PG. Apesar do CVg_i (%) ser baixo (1,05%) constata-se que dos oito parentais quatro apresentaram estimativas de g_i positivos e o restante negativos, sendo os valores extremos observados nos parentais 6 (0,03) e 8 (-0,03).

No caráter acamamento (AC), cinco parentais apresentaram estimativas de g_i negativos, o que evidencia potencial para redução do AC. As três estimativas positivas foram constatadas nas três introduções PI 123439, PI 165896 e PI 239235, respectivamente com valores de g_i estimados em 0,0055; 0,1365 e 0,0715 (dados transformados para $\sqrt{x + 1}$).

O coeficiente de variação de g_i do AC foi estimado em 4,64%. Verificou-se, ainda, que os dois parentais que apresentaram os maiores valores positivos de g_i foram os que apresentaram maiores contribuições para o aumento de AM. Observa-se ainda que os parentais com estimativas de g_i positivas ou negativas, mantiveram a mesma tendência para AM, exceção feita para os parentais 5

e 6, que mudaram de sinal da avaliação de um para o outro caráter.

Para teor de proteína nas linhagens estudadas, os efeitos mais significativos de CGC foram obtidos nos parentais 1, 4 e 5, respectivamente 0,74%, 0,39% e 1,74%. Estes valores são todos bem maiores que o erro padrão de g_i que foi 0,16%. Tal fato indica haver potencial genético no sentido de contribuir com aumentos em torno de 0,39 a 1,74% no teor de proteína para essas linhagens. Vale ressaltar que o parental 4 foi o que apresentou o maior valor positivo de g_i para PG.

Para PG, os parentais apresentaram estimativas de g_i que variaram de -4,99 g/planta no parental 6 a 4,20 g/planta no parental 4. Os parentais 4 e 3 foram os que apresentaram maiores estimativas de g_i , respectivamente, 4,20 e 3,61 g/planta. Esses resultados indicam que existe potencial genético para acréscimos em torno de 3 a 4 g/planta nesse conjunto de parentais. Estimativas favoráveis de g_i também foram observadas nos parentais 2 ($g_i = 1,29$ g/planta), 5 ($g_i = 1,91$ g/planta) e 8 ($g_i = 0,43$ g/planta). Sendo o parental 5 o que apresentou maior valor de g_i para o teor de proteína. Por outro lado, o parental 6 apresentou a estimativa negativa de g_i de maior magnitude, contribuindo com aproximadamente 5 g/planta para a redução da produção de grãos. O coeficiente de variação de g_i

(Tabela 17) apresentou magnitude elevada (12,0%)

Com a finalidade de investigar a contribuição dos efeitos da CGC para este caráter, fez-se um detalhamento das 14 melhores e 14 piores médias dos 28 cruzamentos obtidos (Tabela 14). Esta divisão foi feita com base na média geral dos cruzamentos, ou seja, os 14 cruzamentos superiores estão acima da média geral e os restantes estão abaixo.

Comparando-se os valores das Tabelas 14 e 17, observa-se que as melhores combinações, no geral, são aquelas que tiveram uma boa complementação, isto é, onde o efeito da capacidade geral foi alto e positivo, ao passo que as piores combinações referem-se, no geral, aos casos onde pelo menos um dos parentais apresentou CGC negativa. Este fato associado aos resultados obtidos pela relação $2Vg_i / (2Vg_i + V_{s_{ij}})$ (Tabela 16) discutido no item 4.3. ilustram a importância do efeito da capacidade geral de combinação e indicam que boas combinações para este grupo de parentais podem ser determinadas através da estimativa da CGC.

Os efeitos da CGC são indicadores das potencialidades dos genótipos quando em cruzamentos, como visto anteriormente. Estimativas da CGC favoráveis para teor de proteína (TP%) e produção de grãos (PG) foram obtidas nos parentais 4 e 5. Isso significa que estes

parentais contribuíram simultaneamente para aumentar o TP e a PG.

Através de uma análise conjunta dos caracteres quanto aos g_i (Tabela 17) observa-se que alguns deles apresentam pouca variação (DF, DM, VA, AC, e TP), ao passo que outros apresentam maior variação (AF, AM, AI e PG). Nenhum parental foi superior para todos os caracteres. Entretanto, considerando-se o interesse em diminuir DF, AF, DM e AM, e aumentar AI, PG e TP pode-se destacar alguns aspectos interessantes. Observa-se, por exemplo, que os parentais 4 e 5 apresentam, aparentemente, um balanço mais favorável para a maioria dos caracteres, sendo estes parentais ligeiramente deficientes para DM (Parental 4) e AF (Parental 5). Por outro lado, o parental 8 apresenta o pior comportamento quanto a DF, AF, DM e AM. De modo geral, para os caracteres estudados neste trabalho, a importância relativa dos efeitos da CGC variou de caráter para caráter entre os diversos cruzamentos, o que evidencia uma considerável variabilidade entre os mesmos, cujo potencial pode ser devidamente explorado, através de intercruzamentos sucessivos para formação de uma população com ampla base genética.

4.3.2. Efeitos da capacidade específica de combinação (CEC)

As estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (s_{ij}) referentes aos parentais e cruzamentos envolvendo os oito parentais, estão relacionados nas Tabelas 18 e 19. A análise dessas estimativas permite avaliar a importância da capacidade específica em relação à capacidade geral de combinação. O termo, como definido por SPRAGUE & TATUM (1942) é usado para identificar cruzamentos que se comportam relativamente pior ou melhor do que seria esperado com base na capacidade geral de combinação. Assim, baixo valor absoluto de s_{ij} de um determinado cruzamento, (valor próximo a zero), indica que o comportamento do cruzamento seria conforme o esperado a partir da CGC de seus parentais, ou seja, há predominância dos efeitos aditivos e possivelmente do tipo aditivo x aditivo. Por outro lado, quando a estimativa do s_{ij} de um determinado cruzamento tem alto valor absoluto (positivo ou negativo) sugerem um desempenho do cruzamento melhor ou pior do que se esperaria com base na capacidade geral de combinação dos respectivos parentais.

Segundo CRUZ & VENCovsky (1989), no modelo aditivo dominante, o estimador s_{ii} é uma média da divergência genética do parental i em relação à média dos outros parentais incluídos no dialelo. Quanto maior for o

valor absoluto de s_{ii} , maior será a divergência genética do parental i em relação aos outros parentais. Nesse estudo para todos os caracteres, as estimativas de s_{ii} apresentaram variação (Tabela 18). Interpretando essas estimativas segundo CRUZ & VENCovsky (1989), constata-se que há divergência entre os parentais. Verifica-se também que nenhum dos parentais apresentou os maiores ou menores valores absolutos de s_{ii} para todos os caracteres. Entretanto, observa-se que para a maioria dos caracteres, exceto PG, pelo menos um dos valores extremos encontra-se em um ou mais parentais introduzidos (PIs: 6, 7 e 8). Isso indica, apesar dos extremos de divergência estarem apresentados por diferentes parentais nos diferentes caracteres, que as PI's, de modo geral, apresentam um complexo gênico mais divergente que os demais parentais, o que faz um certo sentido.

Na Tabela 19, são apresentados os resultados dos efeitos s_{ij} ($i \neq j$), ou seja, correspondente ao cruzamento entre os parentais i e j , para todos os nove caracteres avaliados. Os valores de s_{ij} apresentaram uma amplitude de variação de -2,14 a 1,38 dias para DF; de -4,93 a 7,32 cm para AF, de -2,66 a 1,74 dias para DM, de -5,66 a 10,24 cm para AM, de -1,43 a 1,37 cm para AI, de -0,03 a 0,04 para VA de -0,1026 a 0,07 para AC, de -2,58 a 1,29% para TP e de -5,17 a 3,61 g/planta para PG.

Combinações específicas de maiores efeitos negativos para DF (Tabela 19) foram verificadas para os cruzamentos 4 x 8 ($\hat{s}_{4.8} = -2,14$ dias), 3 x 5 ($\hat{s}_{3.5} = 1,2574$ dias), 2 x 7 ($\hat{s}_{2.7} = 1,1674$ dias) e 5 x 8 ($\hat{s}_{5.8} = 1,2174$ dias). Observa-se aqui seis parentais participando das melhores combinações, sendo que cinco deles apresentam estimativas de g_i negativas, isto é, LA 4910-215, OC 79230, BR 80-8858, BR 80-14853 e PI 165896. Vale ressaltar que entre os cruzamentos mais precoces para DF, encontra-se o parental La 4910-215, o qual apresentou uma das menores estimativas de g_i para este caráter (Tabela 17). Entretanto o parental PI 239232 que apresenta a melhor combinação heterótica (Tabela 7) se caracteriza por apresentar o maior valor positivo de g_i ($g_i = 4,9520$ dias), porém este cruzamento apresenta uma variância (Tabela 7) aproximadamente três vezes maior que a média da variância dos híbridos do dialélico, apresentando, portanto, potencial para redução do DF.

Os valores de s_{ij} apresentam uma amplitude de variação de -4,93 a 7,32 cm para AF (Tabela 19). Combinações específicas de maiores efeitos positivos foram verificadas para os cruzamentos 1 x 8 ($\hat{s}_{1.8} = 7,3220$ cm), 3 x 7 ($\hat{s}_{3.7} = 3,5080$ cm), 3 x 6 ($\hat{s}_{3.6} = 3,1500$ cm) e 4 x 7 ($\hat{s}_{4.7} = 3,0250$ cm). Os cruzamentos 5 x 6, 1 x 3, 3 x 8, registraram os efeitos negativos de s_{ij} de maiores magnitudes, respectivamente -4,9290; -4,2850; -3,2610.

Verifica-se que os cruzamentos que apresentam as maiores s_{ij} negativas sempre envolvem um dos três parentais que apresentam estimativas de CGC positiva (Tabela 17). Isto indica que estes três parentais devem ter muitos locos com baixa frequência de genes dominantes e contrastante com as frequências gênicas médias dos parentais incluídos no conjunto, daí os seus altos valores s_{ij} e heterose negativas. Resultados semelhantes para heterose e heterobeltiose foram obtidos por KAW & MENON (1979) respectivamente -6,3 e -24,3% numa média de 45 cruzamentos, segundo FREIRE FILHO (1988), estes dados sugerem que as plantas baixas têm os alelos dominantes. Em termos de heterose, portanto, estes resultados estão de acordo com os obtidos neste estudo, e demonstram a importância tanto dos efeitos aditivos como não aditivos influenciando a expressão deste caráter.

Nota-se ainda que nos cruzamentos que apresentaram s_{ij} positiva o único que envolve parentais com CGC positiva é o 1 x 8, sendo o que mais se destaca entre todos, demonstrando que estes parentais além de apresentarem uma maior dispersão das frequências gênicas médias do conjunto também diferem entre si como tais, consequentemente apresentam alto potencial heterótico no sentido do aumento da AF.

Percebe-se também que o único cruzamento envolvendo o parental 8 que apresentou estimativa de s_{ij} alta no sentido positivo foi o anteriormente comentado; nos outros seis cruzamentos, cinco estimativas de s_{ij} foram negativas ($\hat{s}_{ij} = -3,2610$ cm, $\hat{s}_{3.8} = -1,4240$ cm, $\hat{s}_{5.8} = -1,1300$ cm, $\hat{s}_{6.8} = -0,2530$ cm e $\hat{s}_{7.8} = -2,6550$ cm), sendo que em todos os cruzamentos que envolveram este parental, as progênies F₂ originadas apresentaram altas variâncias (Tabela 8). Estes resultados são interessantes, pois mostram que estes parentais além de divergentes apresentam potencial para redução do AF.

Com relação ao DM (Tabela 19), observa-se que a maioria dos cruzamentos apresentam efeitos de s_{ij} negativos, demonstrando uma tendência para a precocidade. As maiores estimativas positivas de s_{ij} foram $\hat{s}_{4.5} = 1,73$ dias, $\hat{s}_{4.7} = 1,10$ dias e $\hat{s}_{6.8} = 1,28$ dias, por outro lado, os maiores valores de s_{ij} negativos foram os seguintes: $\hat{s}_{4.6} = -2,65$ dias, $\hat{s}_{4.8} = -1,46$ dias, $\hat{s}_{5.8} = -1,40$ dias, $\hat{s}_{5.6} = -1,19$ dias e $\hat{s}_{2.6} = -1,10$ dias. Os demais cruzamentos apresentaram valores absolutos baixos o que, apesar da constatação de significância dos efeitos da s_{ij} , indica a pouca importância da capacidade específica de combinação na manifestação deste caráter para este grupo de parentais.

No caráter AM (Tabela 19) os valores de s_{ij} variaram de -5,66 a 10,24 cm. havendo uma predominância de

estimativas positivas. As maiores estimativas positivas observadas foram as seguintes $\hat{s} = 10,24$ cm, $\hat{s} = 6,33$ cm, $\hat{s} = 6,28$ cm, $\hat{s} = 6,27$ cm, $\hat{s} = 5,95$ cm, $\hat{s} = 5,64$ cm e $\hat{s} = 5,52$ cm. Constata-se que nestes sete cruzamentos estão sempre envolvidos um dos três parentais que apresentam g_i positivo (Parentais: 2, 7 e 8). Isto indica que estes parentais devem ter muitos locos com alta frequência de genes dominantes e contrastantes com as frequências gênicas médias das linhagens incluídas no conjunto, daí os seus altos valores de s_{ij} e heterose positiva.

Interessante aqui é salientar que autores como MOLL et alii (1962) e MOLL et alii (1965), verificaram a estreita relação que existe entre magnitude de heterose e a divergência genética entre os pais. De fato, a magnitude da heterose observada (h_{ij}) no cruzamento entre populações é diretamente proporcional às diferenças de frequências gênicas entre as populações, nos locos que apresentam algum grau de dominância, ou seja: $h_{ij} = \sum_{i=j}^N (P_{ii} - P_{ji})^2 d$, onde p_{ii} e p_{ji} são as frequências gênicas dos alelos favoráveis nas duas populações e, d é o efeito de dominância. Assim, populações com diferentes frequências gênicas, no que diz respeito aos locos com dominância, serão, necessariamente, aquelas divergentes geneticamente.

No entanto, CRESS (1966) concluiu que ausência de heterose não implica, necessariamente, na falta de

divergência genética, pois, se os efeitos de dominância não forem unidirecionais em grande parte dos locos, pode ocorrer compensação nos efeitos dos diferentes locos e, conseqüentemente, a ausência de heterose. Mas, a presença da heterose implica, necessariamente, em evidência de divergência genética. No estudo em questão, foram encontradas magnitudes amplas de heterose para AM, variando em F_2 de -14,51% (1 x 4) a 48,17 (4 x 7) (Tabela 10), indicando haver pares de linhagens mais divergentes geneticamente que outros. Este resultado é muito interessante uma vez que esta divergência entre as linhagens poderá ser aproveitada na síntese de populações base (compostos) para o melhoramento, pois, assim, poder-se-á incrementar a variabilidade genética para AM.

Para o caráter AC, a maioria das estimativas de s_{ij} foram negativas sendo os valores extremos observados nos cruzamentos 2 x 7 (-0,10) e 6 x 8 (0,07). Os valores negativos mais expressivos foram apresentados nos cruzamentos 2 x 7, 3 x 8, 5 x 8, 3 x 7, 7 x 8, 4 x 7, 1 x 8 e 4 x 8 respectivamente com -0,1026; 0,0886; -0,0756; -0,0736; -0,0586; -0,0516; -0,0386 e -0,0366 (dados transformados para $\sqrt{x+1}$). Constata-se que nestes cruzamentos estão sempre envolvidas duas PI's (7 e 8) as quais apresentam os maiores valores positivos de g_i . Verifica-se ainda que, com exceção das combinações 3 x 8 e 5 x 8, todos os demais apresentaram médias supe-

riores à média geral dos cruzamentos e variâncias acima da média das variâncias do dialélico (Tabela 11). Convém aqui lembrar que o caráter AC foi avaliado através de uma escala de notas visuais e as análises de dados foram processados com transformação dos mesmos para $\sqrt{x+1}$, sendo que o melhor comportamento corresponde às menores notas da escala, tendo como limite mínimo 1, o qual corresponde à nota da escala que é dada para uma planta completamente ereta. Sendo assim, para cruzamentos que apresentem média de AC próxima de 1,0 as variâncias deverão ser naturalmente baixas. Esses resultados indicam que os parentais 7 e 8, assim como os cruzamentos dos quais eles participam, mostram-se como os menos interessantes para o melhoramento do acamamento. Por outro lado, podemos observar que existem cruzamentos como 1 x 4, 3 x 4, 2 x 5, 3 x 5 e 1 x 2 que, embora tendo apresentado s_{ij} maiores e até positivos, tiveram médias de AC igual ou próximo de 1 e variâncias bastante menores que a média do dialélico (Tabela 11). Além disso, em todos eles, os dois parentais têm g_i negativos (Tabela 17), ou seja, no sentido de reduzir o AC. Desse modo, se mostram como os mais promissores entre este grupo de parentais para serem utilizados no melhoramento para resistência ao AC.

Para o caráter VA, a análise de variância não revelou significância para quadrados médios referentes a capacidade específica de combinação e a relação

$2Vg_i / (2Vg_i + V_{s_{ij}})$ foi igual a 100% (Tabela 16) indicando a pouca importância do s_{ij} na manifestação deste caráter para este grupo de parentais.

Na AI houve predominância de estimativas negativas. Os cruzamentos 2 x 8, 3 x 6, 3 x 4, 3 x 7, 4 x 7 e 7 x 8 apresentaram as seis maiores estimativas de s_{ij} , respectivamente 1,37; 1,24; 0,82; 0,92; 0,82 e 0,78. Com exceção do primeiro cruzamento, em que ambos apresentaram g_i positivos e com os valores mais altos, portanto favoráveis ao aumento da expressão do AI, nos demais, pelo menos um parental teve g_i negativo (Tabela 17). Também é importante destacar que o primeiro cruzamento apresentou a maior média entre todos os cruzamentos (Tabela 13), a maior estimativa de s_{ij} e variância acima da média da variância dos cruzamentos. Isto demonstra que estes pais além de apresentarem uma maior dispersão das frequências gênicas médias do conjunto também diferem entre si como tais, consequentemente apresentam alto potencial no sentido de aumento da AI.

Para o caráter PG, a análise de variância não revelou significância para o efeito específico de combinação (Tabela 16), para o nível convencional de probabilidade (95%). Devemos, entretanto, observar que o valor obtido para F (1,44) está próximo ao limite de significância a 5% podendo-se admitir que a não significância da CEC

na análise de variância é uma questão apenas de nível de probabilidade de erro. Convém ressaltar que a avaliação foi feita em $F_{2,2}$, onde a específica é reduzida devido a homogeneidade (50%).

Na avaliação da PG constata-se que, entre os 28 cruzamentos 16 apresentam CEC positiva, sendo que as estimativas de s_{ij} variam de -5,17 a 3,61g/planta. A análise da capacidade geral de combinação como vista anteriormente revelou que as melhores combinações, no geral, foram aquelas onde o efeito da capacidade geral foi alto e positivo, ao passo que as piores combinações, pelo menos um dos pais apresentava CGC negativa. Com relação à capacidade específica de combinação (Tabela 19), constata-se que para os quatorze melhores cruzamentos, (Tabela 14) a sua estimativa apresentou-se positiva e de valores altos, com exceção de um caso que envolve o cruzamento 3 x 4 o qual apresentou uma das estimativas de s_{ij} mais baixa. Verifica-se também que, no geral, as quatorze piores combinações referem-se a baixas CEC, como por exemplo, a combinação 4 x 6, que corresponde à penúltima pior média e a segunda s_{ij} de menor valor; duas exceções são aqui observadas, ou seja, os cruzamentos 6 x 7 e 1 x 7 que envolvem os híbridos com maiores s_{ij} positivos respectivamente 3,61 e 3,06 g/planta.

Esta análise reforça novamente a importância

de todos os efeitos do modelo como participante do rendimento global de combinação, no qual as boas combinações referem-se a linhagens de boa capacidade geral de combinação. Alguns desvios desta norma servem para evidenciar a importância da capacidade específica de combinação para este caráter.

Para TP observa-se que o caráter teor de proteína foi o que apresentou o menor valor para a relação $2Vg_i / (Vg_i + V s_{ij})$ ou seja 53,4% (Tabela 16), também observava-se (Tabela 20) que a correlação realizada entre média observada e média estimada com base em um modelo reduzido, onde eliminou-se o s_{ij} , não foi alta ($r = 0,679$). Estes fatos indicam que somente a CGC não é suficiente para indicar o potencial do cruzamento, ou seja, neste caráter a CEC é importante e não pode ser suprimida.

Através da Tabela 19 constata-se os valores mais expressivos para efeitos de s_{ij} foram $\hat{s}_{5.7} = 1,29\%$, $\hat{s}_{5.8} = 1,23\%$, $\hat{s}_{2.8} = 1,23\%$, $\hat{s}_{1.2} = 0,97\%$, $\hat{s}_{3.4} = 1,03\%$. Destes cruzamentos quatro envolveram parentais com sinais diferentes para g_i e um teve parentais com estimativas negativas para g_i , sendo que, com exceção da combinação 2 x 8, todos os demais apresentaram médias superiores à média geral dos cruzamentos (Tabela 7).

De modo geral, para todos os caracteres avaliados com exceção de TP tanto a relação $2Vg_i / (2gV_i + V s_{ij})$

(Tabela 16), como as correlações entre as médias observadas e as médias esperadas com base no modelo reduzido, em que se suprime a capacidade específica de combinação foram altas (Tabela 20 a 28). Desse modo a CGC mostrou-se como o parâmetro mais importante para a composição dos caracteres em F_2 , ou seja, o comportamento de cruzamentos F_2 pode ser predito com base apenas na CGC, novamente é bom lembrar que para TP, não se pode suprimir a CEC.

E também interessante lembrar que a CEC, como foi mostrado por GRIFFING (1956a) e KEMPTHORNE & CURNOW (1961), é dependente de efeitos gênicos dominantes e de vários componentes da interação epistáticas entre os quais se inclui a aditiva x aditiva. Em espécies de autofertilização como a soja, os efeitos de CEC, devido a efeitos de dominância presentes nos cruzamentos, são dissipados com as autofecundações. Entretanto, o efeito de interação pode ser aproveitado sob dois aspectos: 1. para fins de produção de sementes híbridas; 2. para efeitos de seleção de linhagens homozigóticas superiores. O primeiro aspecto não apresenta a necessária funcionalidade em soja, devido às dificuldades na transferência de pólen, já mencionadas, e o segundo citado, onde o objetivo final do melhoramento é a obtenção de linhagens homozigóticas, a importância da CEC depende da magnitude da contribuição da interação epistática aditiva x aditiva que ela contém.

Convém ressaltar que em F_2 , em média 50% dos locos que estavam em heterozigose em F_2 tornaram-se homozigotos, conseqüentemente a contribuição dos efeitos de dominância para a média e para a variância ficam respectivamente reduzidos pela metade e a um quarto em relação a F_1 .

Como a CEC depende principalmente dos efeitos de dominância em F_2 tem-se uma sub-estimativa de seu valor. Por outro lado, a CGC é melhor estimada uma vez que ela depende principalmente dos efeitos aditivos.

MATHER & JINKS (1982) relataram que a perda de informação sobre a contribuição da dominância pode ser compensada, pelo uso de progênies F_2 maiores. Segundo FREIRE FILHO (1988) esse é um aspecto importante para a soja e outras plantas autógamas onde a obtenção de grandes quantidades de sementes F_2 é relativamente difícil e o interesse maior é sobre a CGC.

A utilização ou não de gerações F_2 nos estudos de capacidade de combinação foi discutida por NETTEVICH (1968), uma vez que, em seu trabalho, obtiveram-se estimativas oriundas da CGC, com médias dobradas em relação à CEC, enquanto que na geração F_2 as estimativas médias se equivaleram. HAQUE et alii (1981), em trabalhos com arroz, concluíram que os dados de F_2 podem ser usados para estudos de capacidade de combinação com alguma reserva e em carac-

terres específicos que não seja a produção. Citam dois trabalhos, um com trigo e outro com sorgo, em que os autores sugerem uso efetivo dos dados de F_2 , mas somente para estudos de CGC e onde as informações sobre CEC são dispensáveis. Em soja, FREIRE FILHO (1988) e NASS (1989) constaram que a CEC em gerações F_2 mostrou-se relativamente pouco valiosa para identificação dos melhores parentais e cruzamentos. Situação semelhante a esta foi encontrada no presente trabalho, uma vez que a relação $2Vg_i / (2Vg_i + V_{s_{ij}})$ em oito dos nove caracteres avaliados foi superior a 78,9% o que evidência uma preponderância de efeitos da CGC em relação a efeitos da CEC no controle desses caracteres. Por outro lado, HANSON & WEBER (1961, 1962) e HANSON et alii (1967) obtiveram resultados a partir de materiais com alto nível de homozigose nos quais a contribuição da epistasia aditiva x aditiva para a variância genética total foi relativamente alta para vários caracteres, sendo, para produção, em torno de 70%.

Porém, como ressaltou FREIRE FILHO (1988), a epistasia depende da interação entre os genes não alélicos, sendo instável em gerações segregantes e podendo ter os seus efeitos anulados em decorrência da segregação. Desse modo, para se explorar melhor os efeitos da CEC em soja, as avaliações da capacidade específica de combinação devem ser realizadas em gerações mais avançadas, onde uma maior porcentagem de locos já se encontram em estado homozigótico

e a magnitude da CEC dependerá mais da contribuição da epistásia aditiva x aditiva.

4.4. Correlações entre caracteres

Em programas de melhoramento da cultura de soja, geralmente a seleção é baseada numa série de caracteres. O conhecimento das correlações existentes entre os caracteres possibilita ao melhorista orientar a seleção em plantas superiores, principalmente no que se refere à intensidade de seleção a ser aplicada em cada caráter (VELLO et alii, 1973).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (rf) entre todos os possíveis pares de caracteres com respectivas significâncias obtidas pelo teste "t" para o grupo de progênies F₂ são apresentados na Tabela 29.

2

Teor de proteína não apresentou correlação significativa com os demais caracteres avaliados, sendo que com PG o valor foi negativo, mas de baixa magnitude (rf = -0,03). Interessante salientar que a simples ausência de correlação negativa entre estes dois caracteres por si só constitui-se num fator alentador para os melhoristas, uma vez que teor de proteína e produção de grãos apresentam uma tendência de correlacionarem-se negativamente. Correlações com resultados variáveis e inclusive positivos entre estes dois caracteres foram também constatadas por

BYTH et alii (1969); SHORTER et alii (1976) e SIMPSON & WILCOX (1983).

Produção de grãos mostrou correlação significativa e positiva com DF e AI, e negativa com AC. Trabalhos realizados por ANAND & TORRIE (1963) e KNOW & TORRIE (1964), indicaram que o aumento da altura de planta, maturação tardia e susceptibilidade ao acamamento estavam positivamente correlacionados com produção de grãos. SEDIYAMA (1977) verificou também correlação positiva entre produção de grãos e altura de planta. FARIAS NETO (1987) concluiu, em seu trabalho, que os caracteres DF e AF são importantes no melhoramento da produção em cultivo de inverno de baixas latitudes; por outro lado, os resultados obtidos por FREIRE FILHO (1988) sugeriram que, para o grupo de materiais precoces por ele estudado, os caracteres relacionados com o florescimento em época normal de plantio não demonstraram ter grande importância no processo de seleção; ainda neste trabalho, o autor constatou que, dentre os caracteres estudados, os relacionados com maturidade mostraram-se como os mais importantes no melhoramento da produção de grãos. Outros autores como JOHNSON et alii (1955) SIMPSON & WILCOX (1983), acharam, com poucas exceções, resultados que estão de acordo com os obtidos neste trabalho.

Para os outros caracteres, observou-se correlação positiva e significativa entre DF e AF, DF com DM, AF com DM, AF com AM, DM com AI, AM com AI e AM com AC; observou-se também correlação negativa entre DF e VA, DM e VA e AI com VA. Semelhantes estimativas para tais caracteres, com poucas exceções, foram detectadas por WEBER & MOORTHY (1952); JOHNSON et alii (1955); KNOW & TORRIE (1964); FREIRE FILHO (1988) e SANTOS (1988).

A partir desses resultados constata-se que, para este grupo de progênies F_2 , não foi detectada correlação significativamente negativa entre teor de proteína e produção de grãos o que representa o maior problema para seleção conjunta destes dois caracteres. Esta constatação em termos práticos é muito importante pois evidencia a possibilidade da obtenção de novos genótipos de soja superiores quanto ao teor de proteína e produção de grãos.

5. CONCLUSOES

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

- a) A variabilidade genética para os diferentes caracteres não foi consistente entre os cruzamentos, de modo que nenhum cruzamento foi superior em variância para todos os caracteres, indicando que os parentais tem características complementares;
- b) A heterose apresentou ampla variação; entretanto, os maiores valores de heterose nem sempre estiveram relacionados às maiores médias e variâncias. Os valores de heterose para produção de grãos e para teor de proteína, mostraram elevada amplitude de variação, evidenciando a presença de pares de linhagens mais divergentes geneticamente que outros.
- c) A análise de variância da capacidade geral de combinação foi significativa para todos os caracteres, enquanto que a da capacidade específica de combinação não foi

significativa apenas para valor agrônômico (VA), indicando que, com exceção de VA, os dois efeitos são importantes na composição dos caracteres;

d) A capacidade geral de combinação é o parâmetro mais importante para a composição dos caracteres em F_2 , enfatizando a maior importância da ação gênica aditiva e possivelmente da epistasia aditiva x aditiva em tais situações;

e) As correlações entre as médias observadas e as médias esperadas com base no modelo reduzido (supressão da capacidade específica de combinação), foram bem altas para todos os caracteres, com exceção de teor de proteína, indicando que o comportamento de cruzamentos em F_2 pode ser predito com base apenas na capacidade geral de combinação. Para teor de proteína, não se pode suprimir a capacidade específica;

f) A avaliação com base na capacidade geral de combinação (g) mostrou que alguns caracteres apresentaram pouca variação (teor de proteína, número de dias para o início do florescimento, altura da planta no início do florescimento, número de dias para a maturidade, valor agrônômico e acamamento), enquanto que outros são mais variáveis (produção de grãos, altura da planta na maturidade e altura de inserção da primeira vagem). Entretanto, nenhum parental foi superior para todos os caracteres, indicando que esses paren-

tais são complementares;

g) A avaliação da capacidade específica inerente aos parentais (s_{ii}) revelou que os valores extremos para os diferentes caracteres não ocorreram nos mesmos parentais. Com exceção de produção de grãos, pelo menos um dos extremos encontra-se em um ou mais parentais introduzidos (PI's) indicando que estes apresentam um complexo gênico mais divergente que os demais;

h) Com base na capacidade geral de combinação (g_i) e considerando-se o interesse no aumento simultâneo de teor de proteína e produção de grãos constatou-se que os parentais BR-80-8858 e BR-14853 apresentaram o balanço mais favorável. La 4910-215 e OC 79230 foram superiores quanto a produção de grãos, mas inferiores quanto a teor de proteína, ao passo que Gaucha foi superior quanto a teor de proteína mas inferior quanto a produção de grãos;

i) O grau de complementação exibido pelos parentais quanto ao g_i bem como a variabilidade genética, para a maioria dos caracteres, indica que os mesmos são adequados para a formação de uma população de base genética ampla, visando desenvolvimento de genótipos superiores quanto ao teor de proteína, produção de grãos e características agronômicas simultaneamente.

REFERENCIAS BIBLIOGRAFICAS

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, 3:508-11, 1963.

ARUNACHALAM, V. Evaluation of diallel crosses by graphycal and combining ability methods. Indian Journal Genetics Plant Breeding, Delhi, 36:358-65, 1976.

BAKER, R. J. Issues in diallel analysis. Crop Science, Madison, 18:533-6, 1978.

BERNARD, R. L. The inheritance of pod color in soybeans. Journal of Heredity, Washington, 58:165-8. 1967.

BERNARD, R. L. & JAYCOX, E. R. A gene for increased natural crossing in soybeans. Agronomy Abstracts, Madison, 3. 1969.

BERNARD, R. L. Two genes affecting stem termination in soybeans. Madison. Crop Science, Madison, 12:235-39, 1972.

BHATADE, S. S.; SINGH, C. B.; TIWARI, A. S. Diallel analysis of yield and its components in soybean. Indian Journal of Agriculture Science, New Delhi, 47:322-4, 1977.

BRIM, C. A. Quantitative genetics and breeding. In BERNARD, R. L. & WEISS, M. G., ed. Soybeans; improvement production and uses. Madison, American Society of Agronomy, 1973. cap. 5, p.155-85.

BRIM, C. A. & BURTON J.W., Recurrent selection in soybeans. II. Selection for increased percent protein in seeds. Crop Science. Madison, 19: 494-8, 1979.

BRIM, C. A., ATHOW, R. L. & ROSS, J. P. Effect of tobacco ring spot virus on natural hybridization in soybean. IN ANNUAL MEETING OF THE AMERICAN SOCIETY OF AGRONOMY, 56, Kansas City, 1964. Agronomy Abstracts, Madison, p.62, 1964. (Resumo).

BRIM, C. A. STUBER, C. W. Application on genetic male sterility to recurrent selection schemes in soybeans. Crop Science, Madison, 13:241-9. 1973.

- BRIM, C. A. & YOUNG, M. F. Inheritance of a male sterile character in soybeans. Crop Science, Madison, 11:564-6, 1971.
- BURTON, J. W. & BRIM, C. A. Recurrent selection in soybeans. III. Selection for increased percent oil in seeds. Crop Science, Madison, 21: 31-4. 1981.
- BYTH, D. E.; WEBER, C. R.; CALDWELL, B. E. Correlated truncation selection for yield in soybeans. Crop Science, Madison, 9:699-702, 1969.
- BYTH, D. E.; WEBER, C. R.; CALDWELL, B. E. Correlated truncation. Ph D. Thesis Iowa State University, Ames, Iowa. 1986.
- CAMPOS, L. A. C. Estudo da heterose, da heterobeltiose e de correlações de algumas características agronômicas em cruzamentos de soja [(Glycine max (L.) Merrill]. Viçosa, 1979. 76p. (M.S.- Universidade Federal de Viçosa).
- CHAUHAN, V. S. & SINGH, B. B. Heterosis and genetics variability in relation to genetic divergence in soybean. Indian Journal of Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 34:69 - 74, 1982.
- CHAUDHARY, D. N. & SINGH, B. B. Heterosis in soybean. Indian Journal of Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 34:69-74, 1974.

CRESS, C. E. Heterosis of the hybrid related to gene frequency differences between two populations. Genetics, New York, 53:269-74. 1966.

CRUZ, C. D. Análise dialélica e correlações entre caracteres em combinações híbridas de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.). Viçosa, 1983. 54p. (M. S. Universidade Federal de Viçosa).

CRUZ, C. D e VENCovsky, R. 1989. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. Revista Brasileira de Genética. 12:425-438.

DESTRO, D. Genes qualitativos descritos em soja. Piracicaba, 1987. 114p. (Trabalho apresentado à disciplina de Tópicos especiais de Genética).

EBERHART, S. A. GARDNER, C. O. A general model for genetic effects. Biometrics, Washington, 22: 439-52, 1966.

ECKHARDT, R. C. Predicting yields of missing single crosses of corn. Agronomy Journal, Madison, 44: 215-6, 1952.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja, Resultados de Pesquisa do Centro Nacional de Pesquisa de Soja. Londrina, CNPSo, 1985.

- FALCONER, D. S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, Imprensa Universitária da Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.
- FARIAS NETO, J. T. de. Comportamento e variabilidade de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em cultivos de verão e inverno. Piracicaba, 1987. 87p. (Mestrado/Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- FEDERER, W. J. Diallel cross design and their relation to fractional replication. Der Züchter, Berlin, 37: 74-8, 1967.
- FEHR, W. R. Breeding. In: NORMAN, A. G. ed. Soybean physiology, agronomy and utilization. New York, Academic Press, 1978, p.119-55.
- FEHR, W. R. Artificial hybridization and selfpollination. In: FEHR, W. R. & H. H. HADLEY, ed. Hybridization of crop plants. Madison, American Society of Agronomy. 1980. p.105-31.
- FEHR, W. R. & CAVINESS, C. E. Stages of Soybean Development. Ames, Cooperative Extension Service and Experiment Station. 1977. 11p. (Iowa State University. Special Report, 80)

- FEYT, H. Etude critique de l'analyses des croisements dialleles an moyen de la simulation. Ann. Amelior. Plantes, 26:173-93, 1976.
- FREIRE FILHO, F. R. Análise genética de um dialelo entre genótipos precoces de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, 1988. 224p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- GARDNER, C.O. & EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. Biometrics. Washington, 22: 439-52. 1966.
- GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, London, 10(1):31-50, 1956a.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal Biological Sciences, Melbourne, 9:462-93, 1956b.
- HALLAUER, A. R. & MIRANDA FILHO, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames, Iowa State University Press, 1981. 468p.

HANSON, N. D. & WEBER, C. R. Resolution of genetic variability in self-pollinated species with an application to the soybean. Genetics, Princeton, 45:1425-34, 1961.

HANSON, W. D. & WEBER, C. R. Analysis of genetic variability from generations of plant progeny lines in soybeans. Crop Science, Madison, 2:63-7, 1962.

HANSON, W. D.; PROBST, A. H.; CALDWELL, B. E. Evaluation of a population of soybean genotypes with implications for improving self-pollinated crops. Crop Science, Madison, 7:99-103, 1967.

HAQUE, M. M.; FARIDI, M. N. I.; RAZZAQUE, C. A. & NEWAZ, M. A. Combining ability for yield and component characters in rice. Indian Journal Agricultural Science. 51:711-4, 1981.

HARTWIG, E. E., Breeding for oil and protein. In: VERNETTI, F. J., org.: Soja: genética e melhoramento. Campinas, Fundação Cargill, 1983, 990 p. 1968.

HARTWIG, E. E. & HINSON, K. Association between chemical composition of seed yield of soybeans. Crop Science, Madison, 12: 829-30, 1972.

- HAYES, H. K. & JOHNSON, I. J. The breeding of selfed lines of corn. Journal of American Society of Agronomy, Madison, 31:710-24, 1939.
- HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics, Washington, 10:235-44, 1954a.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses: Genetics, Princeton, 39:789-809, 1954b.
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses III. Genetics, Princeton, 45:115-72, 1960.
- HINKELMANN, K. Diallel and multi-cross designs; what do they achieve. In International Conference on Quantitative Genetics, Ames, 1976, Proceedings. Ames, IOWA State University Press, 1977. 659-76p.
- HOLBROOK, C. C.; BURTON, J. W.; CARTER, T. E. JR., Evolution of recurrent restricted index selection for increasing yield while holding seed protein constant in soybean. Crop Science, Madison, 29: 324-29, 1989.
- HYHOWITZ, T., On the domestication of soybean. Economic Botany. 24:408-421-1970.
- ISHIGE, T., Genetic variation and biometrical analysis of seed protein content in soybean, Glycine max (L.) Merril. Bulletin of National Institute of Agricultural Sciences, Tokyo, 32: 45-92, 1981.

- JINKS, J. L. & HAYMAN, B. I. The analysis of diallel crosses. Maize Genetics Cooperation News Letter, Urbana, 27:48-54, 1953.
- JOHNSON, H. W. Breeding for oil and protein in soybeans Digest. 21:48-54, 1953.
- JOHNSON, H. W. Breeding for oil and protein in soybeans. Soybean Digest, 21:73-75, 1961.
- JOHNSON, G. R. Diallel analysis of leaf heterosis and relationships to yield in maize. Crop Science, Madison, 13: 178-80, 1973.
- JOHNSON, H. W. & BERNARD, R. L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A. G. ed. The Soybean. New York, Academic Press, 1962. p. 149-218.
- JOHNSON, H. W. & BERNARD, R. L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A. G. ed. The Soybean genetics, breeding, physiology, nutrition, management. New York, Academic Press, 1963. p.1-73.
- JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. P.; COMSTOCK, R. E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. Agricultural Journal, Madison, 47:477-83, 1955.

- KAW, R. N. & MENON, P. M. Line x tester analysis of combining ability in soybean. Plant Breeding Abstracts, Cambridge, 49:5339. 1978.
- KAW, R. N. & MENON, P. M. Heterosis in a ten-parental diallel cross in soybean. Indian Journal of Agricultural Science, New Delhi, 49:322-4, 1979.
- KAW, R. N. & MENON, P. M. Combining ability in soybean. Indian Journal of Genetic & Plant Breeding, New Delhi, 40:305-9, 1980.
- KAW, R. N. & MENON, P. M. Combining ability for development traits in soybean. Indian Journal of Genetics & Plant Breeding, New Delhi, 41:303-8, 1981.
- KEMPTHORNE, O. The theory of the diallel cross. Genetics, Princeton, 41:451-3, 1956.
- KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R. N. The partial diallel cross. Biometrics, Washington, 17(2): 229-50, 1961.
- KENWORTHY, W. J. & BRIM, C. A. Recurrent selection in soybeans. I. seed yield. Crop Science, Madison, 19:315-8. 1979.
- KUNTA, T.; EDWARDS, L. H.; MACNEW, R. W.; DINKINS, R. Heterosis performance and combining ability in soybeans. Soybean Genetics Newsletter, Iowa, 12:97-9, 1985.

- KOWN, S. H. & TORRIE, J. H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. Crop Science, Madison, 4:196-8, 1964.
- LEFFEL, R. C. & WEISS, M. G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. Agronomy Journal, Madison, 50:528-34, 1958.
- LONNQUIST, J. H. Gene action and corn yields. In: Proc. 18th Annual Hybrid Corn Industry Research Conference, 18 Chicago, 1963. Proceedings, Washington, American Seed Trade Association, 1963. p.35-44.
- MATHER, K. & JINKS, J. L. Biometrical genetics. Londres, Chapman & Hall, 1971. 382p.
- MATHER, K. & JINKS, J. L. Biometrical genetics: the study of continuous variations. 3 ed. London, Chapman and Hall, 1982.396p.
- MATZINGER, D. F. & KEMPTHORNE, O. The modified diallel table with partial inbreeding and interactions with environment. Genetics, Princeton, 41:822-833, 1956.
- MCKENDRY, A. L.; MCVETTY, P. B. E.; VOLDENG, H. D. Inheritance of seed protein and seed oil content in early maturing soybean. Canadian Journal of Genetics and Cytology, Winnipeg, 27: 603-07, 1985.

- MILLER, J. E. & FEHR, W. R. Direct and indirect recurrent selection of protein in soybean. Crop Science, Madison, 19:101-6, 1979.
- MIRANDA, J. E. C. de. Análise genética de um cruzamento dialélico em pimentão (Capsicum annuum L.). Piracicaba, 1987. 159p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MOLL, R. H., LONNQUIST, J. H. FORTUNO, J. V. , JOHNSON, E. C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics, New York, 52: 139-44, 1965.
- MOLL, R. H.; SALHAUANA, W. S. , ROBINSON, H. F. Heterosis and genetic diversity in variety crosses of maize. Crop Science, Madison, 2: 197-8, 1962.
- MUSORINA, L. I. Variation in protein content of the seeds in soyabean. Selektsiya i semenovodstvo, Ukrainian, 3:25-6, 1987.
- NASS, L. L. Potencialidade de genótipos de soja (Glycine max (L.) Merrill) para cultivo de inverno através de cruzamentos dialélicos. Piracicaba, 1989.112p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- NASSAR, R. F. Effect of correlated gene distribution due to sampling on the diallel analysis. Genetics, Princeton, 52:9-20, 1965.
- NETTEVICH, E. D. The problem of utilizing heterosis of wheat (*Triticum aestivum*) Euphytica, 17:54-62. 1968.
- OPENSHAW, S. J. & HADLEY, H. H. Selection Indexes to modify protein concentration of soybean seeds. Crop Science, 24:1-4, 1984
- OWEN, F. V. Inheritance studies in soybeans; I. Cotyledon color. Genetics, Princeton, 12. 441-8, 1927.
- PALUDZYSZYN FILHO, E. Análise do potencial genético de cultivares de soja [Glycine max (L.) Merrill] através de cruzamentos dialélicos. Piracicaba, 1982. 94p.
(Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP)
- PASCHAL II, E. H. & WILCOX, J. R. Heterosis and combining ability in exotic soybean germoplasm. Crop Science, Madison, 15:344-9, 1975.
- PIMENTEL GOMES, F. Curso de estatística experimental. 11 ed. São Paulo, Nobel, 1985. 466p.
- RANZANI, G., FREIRE, O., KINJO, T. Carta de solos do município de Piracicaba. Piracicaba, ESALQ/Centro de Estudos de Solos, 1966. 86p. (mimiografado)

- SABBOUH, M. Y. Genetics studies of protein and oil in soybean [Glycine max (L.) Merrill]. In: Dissertation Abstracts International B. Sciences and Engineering, Oklahoma, 47:3175, 1987.
- SABBOUH, M. Y. & EDWARDS, L. H. Combining ability for seed protein and oil content in soybean. Soybean Genetics Newsletter, Ames, 12: 103-11, 1985.
- SANTOS, A. L. C. dos. Variabilidade entre genótipos de soja [Glycine max (L.) Merrill] nas fases imatura e madura de desenvolvimento. Piracicaba, 1988. 131 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" USP).
- SEDIYAMA, T. Response of soybean populations to inbreeding under different daylengths. Purdue University, 1977, 48p. (Tese de Ph. D.)
- SERBERN, N. A. & LAMBERT, J. W. Effect of stratification for percent protein in two soybean populations. Crop Science, Madison, 24:228-55. 1984.
- SHANNON et alii. Estimated gains from selection for protein and yield in the F₄ generation of six soybean populations. Crop Science, Madison 12:824-6. 1972.

- SHORTER, R., BYTH, D. E. & MUNGOMERY, V. E. Estimates of selection parameters associated with protein and oil content of soybean seeds (Glycine max (L.) Merrill). Australian Journal of Agricultural Research, Melbourne, 28:211-22, 1976.
- SIMPSON JR., A. M. & WILCOX, J. R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean population. Crop Science, Madison, 23:1077-81, 1983.
- SKALETSKAYA, L. I. & LYSENKO, V. A. Seed protein and oil contents of soybean varieties and hybrids. Selektivna i Semenovodstvo, Ukrainian, 4:21, 1984
- SOKOL, M. J. Evaluation of diallel analysis with respect to the genetics and breeding of self-pollinated crops. Manitoba, Univ. of Manitoba, 1976. 63 p. (MSc. Thesis)
- SOUZA JUNIOR, C. L. de. Análise de cruzamentos dialélicos e predição de compostos de milho (Zea mays L.) braquítico. Piracicaba, 1981. 102 p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SPRAGUE, G. F. & TATUM L. A. Genetal vs, specific combining ability in single crosses of corn. Journal of the American Society Agronomy, Washington, 34: 923-32, 1942.

- SMITH, A. K. & CIRCLE, S. J. Soybeans: chemistry and technology. Avi, 1978. 470 p.
- SRIVASTAVA, R. L.; AHMAD, Z.; SINGH, H. G.; SAXENA, J. K. Combining ability for yield and related attributes in soybeans. Indian Journal Agriculture Science, New Delhi, 48:148-55, 1978a.
- SRIVASTAVA, R. L.; SAXENA, J. K.; AHMAD, Z.; BHATIA, R. S. Genetics of yield and yield component traits in soybean. Indian Journal of Genetics & Plant Breeding. New Delhi, 38:6-10, 1978b.
- TOLEDO, J. F. F. & KIIHL, R. A. S. Métodos de análise dialélica do modelo genético em controle das características das floração e número de folhas trifolioladas em soja. Submetido a Revista PAB. Brasília, para publicação. 1981.
- THORNE, J. C. & FEHR, W. R. Incorporation of High-Protein, Exotic germplasm into Soybean Populations by 2- and 3- way Crosses. Crop Science, Madison, 10:652-5, 1970.
- VEATCH, C. & WOODWORTH, C. M. Genetic relations of cotyledon color types of soybeans. Journal of the American Society Agronomy, Washington, 22:700-2, 1930.

VELLO, N. A.; VENCovsky, R.; GERALDI, I. O. Correlações genéticas e fenotípicas, respostas correlacionadas, ganho esperado na seleção e herdabilidade de alguns caracteres em capim gordura (Melinis multiflora Beauv.). Relatório Científico do Departamento de Genética. Piracicaba, 7:208-17, 1973.

WEBER, C. R. & MOORTHY, B. R. Heritable and non heritable relationships and variability of oil contrast and agronomic characters in the F₂ generation of soybean crosses. Agronomy Journal, Madison, 44:202-9, 1952.

WEBER, C. R. & FEHR, W. R. Effect of hybridization and thermal neutron irradiation on quantitative characters of soybeans. Crop Science, Madison, 7:78, 1967.

WEBER, C. R.; EMPIG, L. T.; THORNE, J. C. Heterotic performance and combining ability of two-way F₁ soybean hybrids. Crop Science, Madison, 10:159-60, 1970.

WEBER, C. R.; EMPIG, L.T. & THORNE, J. C. Heterotic performance and combining ability of two-way F₁ soybean hybrids. Crop Science, Madison, 10:159-60, 1970.

WEHRMANN, V. K. Transfer of high seed protein to high-yielding soybean cultivars. Iowa, 1986. 100p. (M.S.-Iowa State University).

- WEISS, M. G.; WEBER, C. R.; KALTON, R. R. Early generation testing in soybeans. Journal of the American Society Agronomy, Washington, 39:791-811, 1947.
- WENTZ, J.B. & STEWART, R. T. Hybrid vigor in soybeans. Journal of the American Society Agronomy, Madison, 16:534-40, 1924.
- WILCOX, J. R. Breeding for seed protein content in soybeans. Journal of the American Oil Chemists Society, Lafayette, 63:457, 1986.
- WOODWORTH, C. M. Inheritance of cotyledon, seed-coat, hilum and pubescence colors in soy-beans. Genetics, Princeton, 6:487-553, 1921.
- WOODWORTH, C. M. Inheritance of growth habit, pod solor and flower color in soybean. Journal of the American Society Agronomy, Washington, 15:481-95, 1923.
- WOODWORTH, C. M. Genetics of soybean. Journal of the American Society Agronomy, Washington, 25:36-51, 1933.
- YATES, F. Analysis of data from all possible reciprocal crosses between a set of parental lines. Heredity. Washington, 1:287- 301, 1947.

TABELAS

Tabela 1 - Características botânicas e agronômicas de oito genótipos de soja,
utilizadas como parentais, Piracicaba 1987/88.

1 CARACTERÍSTICAS								
GEN[OTIPO	2							
	No. de Registro	Hábito de crescimento	Ciclo Médio (dias)	Cor da Flor	Cor da Pubescência	Cor da vagem	Cor do Hilo	Cor do Tegumento
1 Gaúcha	S-153	I	158	B	M	M	M	A
2 La 4910-215	S-169	I	156	R	C	C	C	A
3 OC-79230	S-285	D	157	B	C	C	C	A
4 BR-80-8858	S-572	I	157	R	C	M	C	A
5 BR-80-14853	S-573	I	158	R	M	M	P	V
6 PI-123439	S-647	D	150	R	C	C	C	A
7 PI-165896	S-650	D	150	R	M	M	P	P
8 PI-239235	S-660	I	160	B	C	C	C	A

1 - D = determinado; I = indeterminado; B = branca; R = roxa; C = cinza; M = marrom;

P = preto, A = amarelo e V = verde

2 - Número de dias para a maturidade

Tabela 2 : Parentais escolhidos como macho e fêmea, caracteres utilizados para distinção nos 28 cruzamentos, número de cruzamentos realizados e de sementes obtidas em F1 e F2.

cruzamento	macho	fêmea	distinção	Cruzamentos realizados	Sementes F1 obtidas	Sementes F2 obtidas
1 x 2	2	1	CF	16	6	575
1 x 3	1	3	CP CH	18	37	738
1 x 4	4	1	CF	35	43	1168
1 x 5	5	1	CF CS	20	4*	236*
1 x 6	6	1	CF	16	10	367
1 x 7	7	1	CF	28	15	511
1 x 8	1	8	CP HC	25	26	1741
2 x 3	2	3	CF	17	20	739
2 x 4	4	2	CP CH	24	23	361
2 x 5	5	2	CP CH CT	38	20	1181
2 x 6	2	6	HC	37	34	1563
2 x 7	7	2	CP CH HC	13	14	678
2 x 8	2	8	CF	22	5	746
3 x 4	4	3	CF	28	7	389
3 x 5	5	3	CF CT	19	16	547
3 x 6	6	3	CF	24	23	2056
3 x 7	7	3	CF	20	15	772
3 x 8	3	8	CH HC	25	11	842
4 x 5	5	4	CH CT	47	36	1128
4 x 6	4	6	HC CH CP	8	8	422
4 x 7	4	7	HC CH CT	21	33	655
4 x 8	4	8	CF	40	17	1080
5 x 6	5	6	CP HC CH CT	35	31	1207
5 x 7	5	7	HC CT	14	13	508
5 x 8	5	8	CF CT	10	37	1296
6 x 7	7	6	CP CH	14	9	337
6 x 8	6	8	CP CH	15	10	554
7 x 8	7	8	CF	9	4	499
TOTAL				638	527	22834

1:Gaúcha; 2:La 4910-215; 3:OC-79230; 4:BR-80-8858; 5:BR-80-14853; 6:PI-123439
7:PI-165896; 8:PI-239235

CF: cor de flor; CP: cor de pubescência; CH: cor do hilo; CT: cor do tegumento
HC: hábito de crescimento

* Identificadas como autofecundação

Tabela 3 - Relação dos tratamentos utilizados no experimento.

Tratamento	Origem		
1	Cruzamento	1 x 2	(Geração F2)
2	Cruzamento	1 x 3	(Geração F2)
3	Cruzamento	1 x 4	(Geração F2)
4	Cruzamento	1 x 5	(Geração F2)
5	Cruzamento	1 x 6	(Geração F2)
6	Cruzamento	1 x 7	(Geração F2)
7	Cruzamento	1 x 8	(Geração F2)
8	Cruzamento	2 x 3	(Geração F2)
9	Cruzamento	2 x 4	(Geração F2)
10	Cruzamento	2 x 5	(Geração F2)
11	Cruzamento	2 x 6	(Geração F2)
12	Cruzamento	2 x 7	(Geração F2)
13	Cruzamento	2 x 8	(Geração F2)
14	Cruzamento	3 x 4	(Geração F2)
15	Cruzamento	3 x 5	(Geração F2)
16	Cruzamento	3 x 6	(Geração F2)
17	Cruzamento	3 x 7	(Geração F2)
18	Cruzamento	3 x 8	(Geração F2)
19	Cruzamento	4 x 5	(Geração F2)
20	Cruzamento	4 x 6	(Geração F2)
21	Cruzamento	4 x 7	(Geração F2)
22	Cruzamento	4 x 8	(Geração F2)
23	Cruzamento	5 x 6	(Geração F2)
24	Cruzamento	5 x 7	(Geração F2)
25	Cruzamento	5 x 8	(Geração F2)
26	Cruzamento	6 x 7	(Geração F2)
27	Cruzamento	6 x 8	(Geração F2)
28	Cruzamento	7 x 8	(Geração F2)
29	Parental	1	(Gaúcha)
30	Parental	2	(La 4910-215)
31	Parental	3	(OC-79230)
32	Parental	4	(BR 80-8858)
33	Parental	5	(BR 80-14853)
34	Parental	6	(PI 123439)
35	Parental	7	(PI 165896)
36	Parental	8	(PI 239235)
37	Testemunha	BR-80/14853	(Alta proteína)
38	Testemunha	BR-80/14887	(Alta proteína)
39	Testemunha	Biloxi	(Alta proteína)
40	Testemunha	PI 230977	(Baixa proteína)

Padrões: IAC-Foscarin-31 (P1) e IAC-12 (P2) (alta produção).

Tabela 4 - Fontes de variação para análise de variância em blocos casualizados com desdobramento da soma de quadrados de tratamentos em efeitos de parentais, progênie F2, Testemunhas e respectiva comparação entre grupos (parentais versus progênie F2 versus testemunhas).

Fontes de Variação	GL	SQ	QM	Teste "F"
Blocos	J-1	SQ	QM	QM /QM
		8	8	8 2
Tratamentos	I-1	SQ	QM	QM /QM
		7	6	7 2
Parentais (P)	P-1	SQ	QM	QM /QM
		6	6	6 2
Progênie F (F)	F-1	SQ	QM	QM /QM
2		5	5	5 2
Testemunhas (T)	T-1	SQ	QM	QM /QM
		4	4	4 2
P vs F vs T	G-1	SQ	QM	QM /QM
		3	3	3 2
Resíduo	(I-1)(J-1)	SQ	QM	
		2	2	
Total	IJ-1	SQ1		

i = 1,2,.....,39 Tratamentos
 j = 1,2,....., 7 Repetições
 p = 1,2,....., 8 Parentais
 f = 1,2,.....,28 Progênie F2
 t = 1,2,....., 4 Testemunhas
 g = 1,2,....., 3 Grupos

Tabela 5. - Análise de variância pelo método 2, modelo misto B de GRIFFING (1956b)

F.V.	G.L.	SQ	QM	E (QM)	F
CGC	n-1	SQ_g	QM_g	$\sigma^2 + \frac{(n+2)}{(n-1)} \Sigma g_i^2$	$\frac{QM_g}{QM_e}$
CEC	$\frac{n(n-1)}{2}$	SQ_s	QM_s	$\sigma^2 + \frac{2}{n(n-1)} \Sigma_{i \leq j} s_{ij}^2$	$\frac{QM_s}{QM_e}$
Resíduo	$\frac{(r-1)n(n+1)}{2}$	SQ_e	QM_e	σ^2	

tendo-se que:

$$SQ_g = \frac{1}{n+2} \Sigma_i (Y_{i.} + Y_{ii})^2 - \frac{4}{n} Y^2.. ;$$

$$SQ_s = \Sigma_{i \leq j} Y_{ij}^2 - \frac{1}{n+2} \Sigma_i (Y_{i.} + Y_{ii})^2 + \frac{2}{(n+1)(n+2)} Y^2.. ;$$

$$QM_e = \frac{QM_2}{b}, \quad QM_2 \text{ é o quadrado médio do resíduo da anava (tabela 4) e } b \text{ o número de repetições}$$

sendo:

$$Y_{i.} = \Sigma_j Y_{ij} = Y_{i1} + Y_{i3} + \dots + Y_{in};$$

$$Y^2.. = \Sigma_{i \leq j} Y_{ij}^2 = Y_{11}^2 + Y_{12}^2 + \dots + Y_{22}^2 + Y_{23}^2 + \dots + Y_{n1}^2 + Y_{n2}^2 + \dots + Y_{nn}^2$$

Tabela 6 - Valores e significâncias dos quadrados médios obtidos nas análises de variância para os caracteres: teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para o início do florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para maturidade (DM), altura da planta na maturidade (AM), acamamento (AC), valor agrônomo (VA), e altura de inserção da primeira vagem (AI). Programa de Proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Fontes de		Caracteres								
variação		G.L.								
		TP(%)	PG	DF	AF	DM	AM	1 AC	1 VA	AI
		Quadrados Médios								
Blocos	6	1,13	166,72**	1,14ns	584,96**	14,87**	792,35**	0,0410**	0,0045ns	16,00**
Tratamento	38	19,80**	189,90**	65,66**	258,69**	61,37**	1.209,35**	0,0637**	0,0080**	48,25**
Parentais (P)	7	34,32**	248,57**	73,99**	264,55**	47,63**	531,01**	0,1301**	0,0082ns	49,04**
Progenies (F2)	26	6,24**	197,41**	69,05**	281,65**	67,37**	1.366,96**	0,0529**	0,0091**	51,08**
Testemunhas(T)	3	63,04**	102,33*	22,66**	146,54**	66,79**	1.114,12**	0,0069ns	0,0034ns	51,16**
Entre Grupos	2	80,52**	17,68ns	57,07**	108,01ns	23,35**	1.677,44**	0,0572**	0,0012ns	3,98ns
Resíduo	228	1,18	34,88	2,00	38,35	4,11	62,59	0,0082	0,0043	3,63
Total	273	5,84	59,44	10,87	81,19	12,35	238,89	0,0167	0,0048	10,14
C.V.%		2,84	20,95	2,55	12,94	1,31	10,40	6,09	3,71	13,40
Média		38,18	28,19	55,50	47,87	154,82	76,05	1,48	1,76	14,22

1 = Média transformada para $\sqrt{x + 1}$

*,** = significativo ao nível de probabilidade, respectivamente de 5 a 1% pelo teste de "F"

Para TP os G.L. para blocos, resíduos e total são 3, 144 e 155, respectivamente

Obs. Análise realizada com média de parcelas

Tabela 7 - Média, variância e heterose para o caráter número de dias para o início do florescimento (DF). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias/dias	Variâncias	Heteroses(%)
Cruzamentos:			
1x8	60.79	10.86	-2.95
3x8	60.16	9.79	-3.75
7x8	60.12	8.92	-4.01
2x8	59.30	7.02	-2.46
6x8	58.91	5.87	-1.95
5x8	58.79	6.09	-7.40
4x8	58.48	20.77	-10.28
4x5	56.27	2.29	2.74
1x4	56.04	4.39	-0.39
3x4	55.60	7.46	-0.57
1x5*	55.40	0.00	-1.49
1x3	55.30	5.63	-1.89
1x7	55.20	4.80	-2.33
1x6	55.04	4.48	3.92
2x5	54.96	5.41	3.93
5x7	54.33	7.59	-3.19
1x2	54.16	5.60	-1.39
4x6	54.16	5.83	0.82
4x7	54.13	6.04	-5.98
2x4	54.10	8.05	-1.43
6x7	53.97	5.85	1.23
3x7	53.89	7.66	-5.68
3x5	53.15	8.46	-7.25
2x3	53.10	7.29	-3.79
3x6	53.02	10.13	-2.16
2x6	52.76	5.05	1.64
2x7	52.43	5.03	-6.49
5x6	52.15	8.74	-4.46
Parentais			
8 PI 239235	67.20	0.44	
1 Gaúcha	56.20	2.10	
4 BR 80-8858	56.10	3.13	
7 PI 165896	55.50	1.84	
3 OC 79-230	55.43	1.43	
5 BR 80-14853	54.91	2.61	
2 LA 4910-215	52.85	2.52	
6 PI 123439	51.77	3.18	
Média cruzamentos:	55.57	7.23	-2.42
Média parentais:	56.24	2.16	
Média testemunhas:	52.82	9.42	
dms(5%) = 1.53 dias			

* Média estimada

Tabela 8 - Média, variância e heterose para o caráter altura da planta no florescimento(AF). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piraicaba, 1987/88.

Origem	Médias/cm	Variâncias	Heteroses (%)
Cruzamentos:			
1x8	64.04	103.75	24.15
5x8	57.99	90.10	-12.06
2X8	55.01	102.64	4.88
6x8	54.27	140.80	-2.62
4X8	52.75	219.11	-8.22
3X8	52.08	112.96	-13.63
7X8	51.37	79.77	-2.16
5X7	50.40	66.86	8.69
1x5*	49,00	0,00	2,60
3X6	47.90	53.38	10.27
3X7	47.75	61.06	24.76
4X5	47.26	71.98	-16.07
1x7	47.24	51.11	16.00
3x5	47.13	82.50	-19.67
2x5	46.58	77.29	-13.94
1x6	46.77	81.16	-0.13
4x7	46.10	39.32	21.53
2x3	45.61	61.48	6.10
2x6	44.88	63.89	7.01
3X4	44.31	62.40	-5.57
2X7	43.99	34.80	18.36
5X6	43.60	74.51	-30.25
2X4	43.53	65.71	0.69
1X2	43.43	48.40	-9.10
6X7	43.28	59.72	8.08
1X4	43.09	46.52	-15.93
1X3	42.65	55.47	-21.17
4X6	42.24	62.51	-10.92
Parentais			
8 PI 239235	65,33	90,02	
1 Gaúcha	48,94	60,53	
5 BR 80-14853	47,80	40,16	
3 OC 79230	46,46	49,78	
4 BR 808858	44,70	15,53	
6 PI 123439	44,66	39,58	
2 LA 4910-215	42,06	31,76	
7 PI 165896	38,53	39,98	
Média cruzamentos:	47.97	77.86	-1.14
Média parentais:	47,31	45,92	
Média testemunhas:	44,03	73,92	
dms(5%) = 5,81 cm			

* Média estimada

Tabela 9 - Média, variância e heterose para o caráter número de dias para maturidade (DM). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias/dias	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
1x8	158.32	2.86	-1.00
4x5	158.15	4.30	0.82
2x8	157.80	2.99	-0.23
3x8	157.50	4.39	-1.57
3x4	156.97	10.21	-0.52
4x8	156.64	11.10	-2.60
5x8	156.53	6.94	-2.94
7x8	156.40	10.15	1.49
1x4	156.39	10.81	-1.72
1x3	156.27	11.11	-1.94
1x5*	156.20	0.00	-2.17
2x3	156.17	16.52	-0.61
3x5	156.12	13.32	-1.80
2x4	155.70	8.39	-1.15
1x2	155.23	15.91	-2.28
4x7	155.10	14.22	1.61
6x8	154.98	11.48	0.12
2x5	154.96	11.04	-2.31
1x7	154.93	15.70	0.83
3x7	153.99	19.55	0.10
5x7	153.37	14.62	-0.86
2x7	152.81	16.96	-0.43
1x6	152.14	20.24	-2.34
3x6	152.12	19.13	-1.89
5x6	150.81	15.85	-3.75
2x6	150.22	14.02	-3.38
6x7	149.83	7.62	-0.29
4x6	149.82	19.87	-5.21
Parentais			
8 PI 239235	160.07	21.65	
1 Gaúcha	158.17	7.78	
5 BR 80-14853	157.66	3.23	
3 OC 79230	157.43	3.49	
4 BR 80-8858	157.33	7.13	
2 LA 4910-215	155.88	7.99	
7 PI 165896	150.40	7.56	
6 PI 123439	149.71	7.27	
Média cruzamento:	154.78	12.23	1.25
Média parentais:	155.83	8.26	
Média testemunhas:	153.62	7.84	
dms(5%) = 1,90 dias			

* Média estimada

Tabela 10 - Média, variância e heterose para o caráter altura da planta na maturidade (AM). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias/cm	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
2x8	99.10	569.04	28.29
7x8	97.06	325.50	17.77
1x8	89.18	183.63	19.01
4x7	87.90	284.46	48.17
5x7	87.40	347.82	36.25
5x8	87.05	211.12	10.14
2x7	85.56	150.52	19.52
1x7	84.41	251.61	32.63
2x5	83.73	309.56	33.65
3x7	82.92	279.72	27.92
6x8	82.74	340.27	7.97
2x6	80.70	197.67	36.03
6x7	80.56	177.82	27.86
4x8	80.51	350.79	2.03
2x4	78.16	398.49	28.14
3x8	78.06	266.78	-8.75
2x3	75.33	245.09	13.85
1x2	75.23	215.47	14.16
3x6	67.44	115.21	13.42
4x5	66.56	136.09	6.20
3x5	66.18	209.52	-0.90
1x6	65.66	153.36	8.41
1x5*	62.04	0.00	-12.96
1x3	61.91	227.57	-9.71
3x4	60.77	110.81	-8.08
5x6	60.76	176.49	-11.36
4x6	59.19	128.29	-6.79
1x4	58.56	86.01	-14.51
Parentais			
8 PI 239235	98.00	141.93	
7 PI 165896	80.27	96.62	
2 LA 4910-215	75.63	85.30	
5 BR 80-14853	67.71	82.50	
3 OC 79-230	65.26	83.02	
1 Gaúcha	64.88	109.93	
4 BR 80-8858	61.40	38.39	
6 PI 123439	61.14	110.71	
Média Cruzamentos:	76.60	238.41	13.75
Média Parentais:	71.79	93.55	
Média Testemunhas:	62,36	223,88	
dms(5%) = 8,48 cm			

* Média estimada

Tabela 11 - Média, variância e heterose para o caráter acamamento (AC). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias(**)	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
7x8	1.64	1.13	-23.50
6x8	1.64	1.14	1.23
6x7	1.61	1.29	-12.24
1x7	1.58	1.13	-14.66
5x7	1.58	0.96	-10.78
4x7	1.53	0.70	-16.77
3x7	1.50	0.89	-20.35
1x8	1.50	0.95	-14.81
2x8	1.49	0.56	-11.99
4x8	1.48	0.41	-13.25
2x7	1.48	0.67	-22.75
2x6	1.48	0.54	3.44
1x6	1.45	0.22	-5.37
1x3	1.44	0.25	-0.69
3x6	1.44	0.16	-2.06
5x8	1.44	0.19	-18.30
2x4	1.44	0.24	4.26
4x5	1.44	0.10	4.26
2x3	1.43	0.10	2.84
1x5*	1.42	0.00	-3.46
4x6	1.43	0.04	-3.44
5x6	1.42	0.03	-4.81
3x8	1.42	0.03	-20.82
1x2	1.42	0.03	-3.46
3x5	1.42	0.01	1.42
2x5	1.41	0.00	0.00
3x4	1.41	0.00	0.00
1x4	1.41	0.00	-4.48
Parentais			
7 PI 165896	1.93	1.15	
8 PI 239235	1.76	1.77	
6 PI 123439	1.50	0.63	
1 Gaúcha	1.48	0.59	
2 LA 4910-215	1.41	0.00	
4 BR 80-8858	1.41	0.00	
5 BR 80-14853	1.41	0.00	
3 OC 79230	1.41	0.00	
Média cruzamentos:	1.48	0.44	-7.52
Média parentais:	1.54	0.52	
Média testemunhas:	1,44	0,12	
dms(5%) = 0,11			

* Média estimada

** Médias transformadas para $\sqrt{x + 1}$

Tabela 12 - Média, variância e heterose para o caráter valor agrônômico (VA). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias(**)	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
6X7	1.83	0.42	4.47
3X6	1.81	0.37	3.94
5X6	1.80	0.50	1.12
4X6	1.80	0.32	4.54
5X7	1.79	0.27	-2.21
2X6	1.79	0.60	5.76
4X7	1.78	0.27	0.00
5X8	1.77	0.22	2.86
1X3	1.77	0.31	4.03
1X6	1.77	0.29	4.62
1x5*	1.76	0.00	1.14
2X7	1.76	0.37	-0.57
3X5	1.76	0.17	-3.90
2X3	1.76	0.34	1.14
1X4	1.76	0.28	4.65
4X5	1.76	0.18	-2.25
3X7	1.75	0.31	-0.02
6X8	1.75	0.29	2.90
1X7	1.75	0.40	0.00
2X8	1.75	0.33	5.88
2X5	1.74	0.21	-2.83
3X8	1.74	0.27	1.16
2X4	1.74	0.41	0.58
3X4	1.73	0.21	-3.97
1X8	1.72	0.34	4.15
4X8	1.72	0.44	0.58
7X8	1.71	0.15	-4.01
1X2	1.71	0.37	0.59
Parentais			
7 PI 165896	1.81	0.42	
5 BR 80-14853	1.81	0.12	
3 OC 79-230	1.78	0.12	
6 PI 123439	1.77	0.38	
4 BR 80-8858	1.75	0.08	
2 LA 4910-215	1.72	0.24	
1 Gaúcha	1.69	0.17	
8 PI 239235	1.68	0.38	
Média cruzamentos:	1.76	0.32	1.23
Média parentais:	1.75	0.24	
Média testemunhas:	1.76	0.26	
dms(5%) = 0,10			

* Médias estimadas

** Médias transformadas para $\sqrt{x + 1}$

Tabela 13 - Média, variância e heterose para o caráter altura da inserção da primeira vagem (AI). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias/cm	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
2x8	20.02	29.23	7.46
2x4	16.47	15.87	-21.75
2x3	16.29	30.80	0.55
1x2	16.21	27.51	-22.84
7x8	16.19	16.98	18.05
5x8	16.14	84.95	2.13
2x7	16.16	16.03	-7.85
2x5	15.71	10.62	-24.76
1x8	15.31	26.06	-12.49
4x7	15.13	19.96	15.68
4x5	15.08	11.08	-0.92
4x8	14.73	17.12	-21.56
1x7	14.39	19.60	7.51
3x4	14.40	15.05	13.81
1x4	14.32	16.54	-15.46
3x8	14.18	13.90	-1.40
2x6	13.88	17.62	-16.16
5x7	13.79	15.09	4.45
3x7	13.76	13.24	33.22
1x5*	13.40	0.00	-20.98
3x5	12.93	14.13	0.23
1x3	12.21	13.47	-15.96
6x8	12.18	8.49	-14.46
3x6	11.40	16.28	26.18
1x6	10.98	12.90	19.11
4x6	10.86	7.97	-23.70
6x7	10.78	13.00	2.25
5x6	10.21	10.51	-26.51
Parentais			
2 LA 4910-215	21.26	22.49	
8 PI 239-235	17.33	29.40	
4 BR 80-8858	15.70	17.80	
1 Gaúcha	15.34	12.11	
5 BR 80-1453	14.60	13.25	
7 PI 165896	12.37	15.76	
3 OC 79230	11.23	7.89	
6 PI 123439	8.94	13.35	
Média cruzamentos:	14.23	19.04	-2,78
Média parentais:	14.60	16.51	
Média testemunhas:	13,66	17,22	
dms(5%) = 2,83 cm			

* Médias estimadas

Tabela 14 - Média, variância e heterose para o caráter produção de grãos (PG). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88.

Origem	Médias	Variâncias	Heterose(%)
Cruzamentos:			
2x4	35.38	295.58	12.75
4x5	35.17	277.78	-1.80
2x3	34.82	242.29	16.95
2x5	33.12	254.27	30.16
3x4	32.82	226.82	-30.82
2x8	32.64	335.80	45.79
5x8	32.30	266.83	24.39
1x3	31.98	309.54	22.24
3x8	31.58	307.36	-3.24
4x8	30.81	406.48	-14.73
4x7	29.56	288.74	7.29
1x5*	28.40	0.00	23.10
1x8	28.79	241.81	47.86
3x5	28.36	188.03	-34.78
1x4	27.79	279.55	-14.30
5x7	27.62	188.27	29.78
3x6	27.21	199.01	-6.68
1x2	26.50	237.66	28.15
3x7	26.15	267.94	-8.92
2x7	24.86	152.04	27.87
1x7	24.62	160.15	66.18
2x6	24.57	208.38	17.53
6x8	24.38	187.57	15.75
5x6	24.14	186.39	-5.48
7x8	22.74	138.25	8.43
6x7	22.66	146.31	53.75
4x6	22.64	166.12	-45.46
1x6	19.37	95.28	0.67
Parentais			
4 BR 80-8858	39.96	236.29	
3 OC 79230	37.65	256.71	
5 BR 80-14853	31.01	98.82	
8 PI 239235	26.56	252.39	
2 LA 4910215	26.55	166.21	
1 Gaúcha	19.91	82.49	
6 PI 123439	18.64	63.41	
7 PI 165896	17.08	56.15	
Média cruzamentos:	28.24	231.64	10.72
Média parentais:	27.17	151.56	
Média testemunas:	28.92	207.79	
dms(5%): 9,28 gr			
Média estimada			

Tabela 15 - Média e heterose para o caráter teor de proteína (TP). Oito parentais, 28 progênies F2 obtidas em esquema dialélico. Programa de proteína, Soja, Piracicaba, 1987/88

Origem	Médias	Heterose(%)
Cruzamentos:		
5x8	41.32	7.90
5x7	40.94	7.06
4x5	40.74	-5.44
1x5*	40.10	-11.75
5x6	39.95	-5.14
4x6	39.46	-1.83
1x8	39.22	-0.38
3x4	39.11	1.83
1x2	39.07	0.87
6x8	38.87	6.23
7x8	38.77	13.99
1x7	38.66	-2.20
4x7	38.44	0.39
1x6	38.40	-10.60
2x8	38.36	12.84
2x6	38.28	5.25
3x8	38.12	8.22
3x6	37.92	0.21
3x5	37.91	-10.14
1x3	37.73	-8.86
3x7	37.64	6.70
2x5	37.51	-9.38
2x4	37.48	-3.90
6x7	37.28	-1.12
4x8	37.28	-6.69
1x4	37.12	-20.79
2x7	36.70	4.80
2x3	36.34	0.61
Parentais		
5 BR 80-14835	43.06	0.07
1 Gaúcha	42.15	0.46
4 BR 80-8858	40.69	0.33
6 PI 123439	38.95	0.70
3 OC 79230	36.81	0.25
8 PI 239235	36.44	0.60
7 PI 165896	36.03	0.06
2 LA 4910-215	35.65	0.27
Média cruzamentos:	38.47	-0.35
Média parentais:	38.72	0.34
Média testemunhas:	34,69	0,10
dms(5%) = 2,96%		

* Média estimada

Tabela 16 - Análise de variância para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC).

e relação entre $2Vg_i / (2Vg_i + Vs_{ij})$ para os caracteres teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para o início do florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturidade (DM), altura da planta maturidade (AM), valor agrônomo (VA), acamamento (AC) e altura de inserção da primeira vagem (AI) de acordo com o método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b).
 Diaêlo 8 x 8 com 28 progênies F2 de soja. Piracicaba (1987/88).

Parâmetros	GL	Caracteres								
		TP	PG	DF	AF	DM	AM	VA	AC	AI
		Quadrados Médios								
CGC	7	9,27**	118,55**	44,61**	148,63**	35,07**	595,50**	0,004**	0,0475**	30,29**
CEC	28	1,37**	7,18ns	0,80**	8,46*	1,24**	28,94**	0,0006ns	0,0036**	0,82*
Resíduo	228	0,30	4,98	0,28	5,48	0,59	8,94	0,0006	0,0011	0,52
<hr/>										
$2Vg_i$										
$\frac{2Vg_i}{(2Vg_i + Vs_{ij})}$										
%		53,4	91,2	94,6	90,6	91,4	85,4	100,0	78,9	95,1

Análise realizada com média de 4 repetições para TP e 7 repetições para os demais caracteres

Para TP o GL para resíduo e total são respectivamente, 114 e 155

Vg_i = Variância do efeito (fixo) da capacidade geral de combinação

Vs_{ij} = Variância do efeito fixo da capacidade específica de combinação

*,** = significativo ao nível de probabilidade, respectivamente de 5 e 1% pelo teste de "F".

Obs. Erro experimental (ou resíduo) associado as médias dos tratamentos, obtido através da divisão do GM do resíduo pelo número de repetições.

Tabela 17 - Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g) com os respectivos erros padrões (EP) e as respectivas médias dos parentais para os caracteres teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para o início do florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturidade (DM), altura da planta na maturidade (AM), valor agrônômico (VA), acamamento (AC) e altura de inserção da primeira vagem (AI) de acordo com o método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 8 x 8 com 28 progênies F2. Piracicaba (1987/88).

Efeitos		Caracteres								
(g)		TP (%)	PG (g/planta)	DF (dias)	AF (cm)	DM (dias)	AM (cm)	VA	AC	AI (cm)
_i										
g ₁	(Gaúcha)	0,7475	-2,4815	0,2850	0,0860	1,0328	-5,2990	-0,0202	-0,0235	-0,0932
g ₂	(LA 4910-215)	-1,2125	1,2905	-1,4810	-2,6110	-0,0792	4,9330	0,0132	-0,0445	2,8778
g ₃	(OC 79230)	-0,8715	3,6135	-0,6280	-1,2910	0,8557	-5,6610	0,0057	-0,0535	-1,0842
g ₄	(BR 80-8858)	0,3865	4,2005	-0,0450	-2,4580	0,7688	-6,5290	0,0032	-0,0455	0,3908
g ₅	(BR 80-14853)	1,7465	1,9075	-0,6590	2,4880	0,5967	-3,0600	0,0177	-0,0465	-0,1972
g ₆	(PI 123439)	0,0945	-4,9865	-1,7880	-2,0990	-3,6402	-6,0410	0,0267	0,0055	-3,0312
g ₇	(PI 165896)	-0,6625	-3,9715	-0,6360	-2,6070	-1,8212	8,6610	0,0167	0,1365	-0,3552
g ₈	(PI 239235)	-0,2285	0,4275	4,9520	8,4920	2,2867	12,9960	-0,0302	0,0715	1,4928
EP (g)	_i	0,1607	0,6603	0,1581	0,6924	0,2267	0,8845	0,0069	0,0098	0,2130
EP (g - g)	_{i j}	0,2449	0,9979	0,2390	1,0468	0,3428	1,3372	0,0105	0,0148	0,3220
0		38,5778	28,0094	55,7144	48,1400	155,0492	75,5267	1,7580	1,4906	14,2758
[s(0)]		0,0905	0,3721	0,0891	0,3901	0,1277	0,4983	0,0039	0,0055	0,1200
C.V.g %	_i	2,4550	12,0317	3,7918	7,8594	1,1976	10,1404	1,0489	4,5698	12,0862

Tabela 18 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação dos parentais com eles próprios (S) com os respectivos erros padrões para os caracteres teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para o início do florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturidade (DM), altura da planta na maturidade (AM), valor agrônômico (VA), acamamento (AC) e altura de inserção da primeira vagem (AI). Método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 8 x 8 com 28 progênies F2 de soja. Piracicaba (1987/88).

Efeitos	Caracteres								
(sii)	TP (%)	PG (g/planta)	DF (dias)	AF (cm)	DM (dias)	AM (cm)	VA	AC	AI (cm)
s1,1 (Gaúcha)	2,0866	-3,1364	-0,0844	0,6280	1,0553	-0,0490	-0,0276	0,0364	1,2507
s2,2 (LA 4910-215)	-0,4933	-4,0404	0,1276	-0,8580	0,9893	-3,7627	-0,0116	0,0084	1,2287
s3,3 (OC 79230)	-0,0153	2,4136	0,9716	0,9020	0,7793	1,0553	0,0104	0,0264	-0,8773
s4,4 (BR 80-8858)	1,3587	3,5426	0,4756	1,4760	0,7433	-1,0687	-0,0016	0,0104	0,6427
s5,5 (BR 80-14853)	0,9987	-0,8144	0,5136	4,9640	1,4173	-1,6967	0,0164	0,0124	0,7187
s6,6 (PI 123439)	0,1927	0,6036	-0,3684	0,7180	1,9414	-2,3047	-0,0416	-0,0015	0,7267
s7,7 (PI 165896)	-1,2133	-2,9864	1,0576	-4,3960	-1,0066	-12,5787	0,0184	0,1664	-1,1953
s8,8 (PI 239235)	-1,6713	-2,3044	1,5816	0,2060	0,4473	-3,5187	-0,0176	0,1264	0,0687
EP (s _{ii})	0,4284	1,7608	0,4216	1,8463	0,6045	2,3585	0,0195	0,0269	0,5679
EP (s _{ii} - s _{jj})	0,5950	0,2868	0,5855	2,5641	0,0987	0,3842	0,0100	0,0043	0,0927

Tabela 19 - Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}) com os respectivos erros padrões para os caracteres teor de proteína (TP), produção de grãos (PG), número de dias para o início do florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturidade (DM), altura da planta na maturidade (AM), valor agrônômico (VA), acamamento (AC) e altura de inserção da primeira vagem (AI). Método 2 modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 8 x 8 com 28 progênies F de soja. Piracicaba (1987/88).

Efeitos	Caracteres								
	TP (%)	PG (g/planta)	DF (dias)	AF (cm)	DM (dias)	AM (cm)	VA	AC	AI (cm)
$s_{1,2}$	0,9667	-0,3184	-0,3584	-2,1850	-0,7726	0,0693	-0,0146	-0,0026	-0,8503
$s_{1,3}$	-0,7143	2,8386	-0,0714	-4,2850	-0,6676	-2,6567	0,0264	0,0264	-0,8783
$s_{1,4}$	-2,5823	-1,9384	0,0856	-2,6780	-0,4607	-5,1387	0,0254	-0,0116	-0,2533
$s_{1,5}$	-0,9723	0,9946	0,0096	-1,6940	-0,5286	-5,1277	0,0044	-0,0006	-0,5353
$s_{1,6}$	-1,0103	-1,2014	0,8286	0,6430	0,3017	1,4733	0,0054	-0,0226	-0,1713
$s_{1,7}$	0,0067	3,0636	-0,1634	1,6210	0,6693	5,5213	-0,0045	-0,0236	0,5527
$s_{1,8}$	0,1327	2,8346	-0,1614	7,3220	-0,0487	5,9563	0,0124	-0,0386	-0,3653
$s_{2,3}$	-0,1443	1,9066	-0,4554	1,3720	0,3443	0,5313	0,0094	0,0374	0,2207
$s_{2,4}$	-0,3123	1,8796	-0,0884	0,4590	-0,0387	4,2293	-0,0016	0,0394	-1,0743
$s_{2,5}$	-1,5923	1,9126	1,3856	-1,4370	-0,6066	6,3303	-0,0226	0,0104	-1,2463
$s_{2,6}$	0,8297	0,2566	0,3145	1,4500	-1,1097	6,2813	0,0184	0,0284	-0,2423
$s_{2,7}$	0,0067	-0,4384	-1,1674	1,0680	-0,3386	-3,6383	-0,0156	-0,1026	-0,683
$s_{2,8}$	1,2327	2,9126	0,9890	0,3890	0,5433	5,6443	0,0354	-0,0276	1,3737
$s_{3,4}$	1,0267	-3,0034	0,5586	0,0810	0,2963	-2,5667	-0,0306	0,0184	0,8177
$s_{3,5}$	-1,5333	-5,1704	-1,2574	-2,2070	-0,3816	-0,6257	-0,0216	0,0294	-0,0643
$s_{3,6}$	0,1286	0,5736	-0,2784	3,1500	-0,1447	3,6153	0,0194	-0,0026	1,2397
$s_{3,7}$	0,6057	-1,5014	-0,5604	3,5080	-0,0936	4,3933	-0,0306	-0,0736	0,9237
$s_{3,8}$	0,6616	-0,4704	0,1216	-3,2610	-0,6917	-4,8017	0,0064	-0,0886	-0,5043
$s_{4,5}$	0,0387	1,0526	1,2596	-0,9100	1,7354	0,6223	-0,0126	0,0414	0,6107
$s_{4,6}$	0,4107	-4,5834	0,2786	-1,3430	-2,6576	-3,7667	0,0184	-0,0206	-0,7753
$s_{4,7}$	0,1477	1,3216	-0,9034	3,0250	1,1033	10,2413	0,0084	-0,0516	0,8187
$s_{4,8}$	-1,4463	-1,8274	-2,1414	-1,4240	-1,4647	-1,4837	-0,0046	-0,0366	-1,4293
$s_{5,6}$	-0,4593	-0,7904	-1,1174	-4,9290	-1,1956	-5,6657	-0,0026	-0,0296	-0,8373
$s_{5,7}$	1,2877	1,6746	0,0894	2,3790	-0,4546	6,2723	-0,0026	-0,0006	0,0667
$s_{5,8}$	1,2337	1,9556	-1,2174	-1,1390	-1,4026	1,5873	0,0244	-0,0756	0,5687
$s_{6,7}$	0,1927	3,6084	0,6796	-0,1540	0,2424	2,4133	0,0284	-0,0226	-0,1093
$s_{6,8}$	0,4357	0,9296	0,0316	-0,2530	1,2843	0,2583	-0,0046	0,0724	-0,5573
$s_{7,8}$	-1,0927	-1,7254	0,0900	-2,6550	0,8853	-0,1237	-0,0346	-0,0586	0,7767
EP (s_{ij})	0,4928	2,0242	0,4850	2,1225	0,6950	2,7112	0,0213	0,0301	0,6528
EP ($s_{ij} - s_{ih}$)	0,7287	2,9950	0,7177	3,1404	1,0283	4,0115	0,0315	0,0445	0,9659
EP ($s_{ij} - s_{rl}$)	0,6870	2,8237	0,6766	2,9608	0,9694	3,7821	0,0297	0,0420	0,9107

Tabela 20 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter teor de proteína (TP%).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	39.1	37.9
1x3	37.7	38.3
1x4	37.1	39.5
1x5	40.1	40.7
1x6	38.4	39.2
1x7	38.7	38.5
1x8	39.2	38.9
2x3	36.4	36.5
2x4	37.5	37.8
2x5	37.5	38.9
2x6	38.3	37.5
2x7	36.7	36.7
2x8	38.4	37.2
3x4	39.1	38.1
3x5	37.9	39.3
3x6	37.9	37.8
3x7	37.6	37.1
3x8	38.1	37.5
4x5	40.7	40.5
4x6	39.5	39.1
4x7	38.4	38.3
4x8	37.3	38.8
5x6	40.0	40.2
5x7	40.9	39.5
5x8	41.3	39.9
6x7	37.3	38.0
6x8	38.9	38.5
7x8	38.8	37.7

r = 0.679

rs = 0.5670

1- modelo completo = $(\bar{u} + g_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\bar{u} + g_i + g_j)$

Tabela 21 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter produção de grãos (PG).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	26.5	26.8
1x3	32.0	29.2
1x4	27.8	29.7
1x5	28.4	27.4
1x6	19.3	20.5
1x7	24.6	21.5
1x8	28.8	26.0
2x3	34.8	32.9
2x4	35.4	33.5
2x5	33.1	31.2
2x6	24.6	24.3
2x7	24.9	25.3
2x8	32.6	29.7
3x4	32.8	35.8
3x5	28.4	33.6
3x6	27.2	26.6
3x7	26.2	27.7
3x8	31.6	32.1
4x5	35.2	34.1
4x6	22.6	27.2
4x7	29.6	28.3
4x8	30.8	32.6
5x6	24.1	24.9
5x7	27.6	25.9
5x8	32.3	30.3
6x7	22.7	19.1
6x8	24.4	23.5
7x8	22.7	24.4

r = 0.8614

rs = 0.8538

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 22 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter número de dias para o início florescimento (DF).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	54.2	54.6
1x3	55.3	55.4
1x4	56.0	55.9
1x5	55.4	55.4
1x6	55.0	54.2
1x7	55.2	55.4
1x8	60.8	61.0
2x3	53.2	53.7
2x4	54.1	54.2
2x5	55.0	53.6
2x6	52.8	52.5
2x7	52.4	53.6
2x8	59.3	58.3
3x4	55.6	55.0
3x5	53.2	54.5
3x6	53.0	53.3
3x7	53.9	54.5
3x8	60.2	60.1
4x5	56.3	55.0
4x6	54.2	53.9
4x7	54.1	55.0
4x8	58.5	60.6
5x6	52.2	53.3
5x7	54.3	54.2
5x8	58.8	60.0
6x7	54.0	53.3
6x8	58.9	58.9
7x8	60.1	60.0

r = 0.9502

rs = 0.8971

1- modelo completo = $(\hat{\mu}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{\mu}_i + g_j)$

Tabela 23 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter altura de planta no florescimento (AF).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	43.4	45.6
1x3	42.6	46.9
1x4	43.1	45.8
1x5	49.0	50.7
1x6	46.8	46.2
1x7	47.2	45.6
1x8	64.0	56.7
2x3	45.6	44.2
2x4	43.5	43.0
2x5	46.6	48.0
2x6	44.9	43.5
2x7	44.0	42.9
2x8	55.0	54.6
3x4	44.3	44.2
3x5	47.1	49.3
3x6	47.9	44.8
3x7	47.8	44.3
3x8	52.1	55.3
4x5	47.3	48.2
4x6	42.2	43.5
4x7	46.1	43.1
4x8	52.8	54.2
5x6	43.6	48.5
5x7	50.4	48.0
5x8	58.0	59.1
6x7	43.3	43.5
6x8	54.3	54.6
7x8	51.4	54.1

r = 0.8657

rs = 0.7477

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 24 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter número de dias para maturidade (DM).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	155.2	156.0
1x3	156.3	157.0
1x4	156.4	156.9
1x5	156.2	156.7
1x6	152.1	151.8
1x7	154.9	154.2
1x8	158.3	158.3
2x3	156.2	155.9
2x4	155.7	155.7
2x5	155.0	155.6
2x6	150.2	151.3
2x7	152.8	153.1
2x8	157.8	157.3
3x4	157.0	156.7
3x5	156.1	156.5
3x6	152.1	152.2
3x7	154.0	154.1
3x8	157.5	158.2
4x5	158.2	156.5
4x6	149.5	152.2
4x7	155.1	154.0
4x8	156.6	158.1
5x6	150.8	152.0
5x7	153.4	153.9
5x8	156.5	157.9
6x7	149.8	149.6
6x8	155.0	153.7
7x8	156.4	155.5

r = 0.9309

rs = 0.9245

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 25 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter altura de planta na maturidade (AM).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	75.2	75.1
1x3	61.9	64.5
1x4	58.6	63.7
1x5	62.0	67.1
1x6	65.7	64.2
1x7	84.4	78.9
1x8	89.2	83.2
2x3	75.3	74.8
2x4	78.2	73.9
2x5	83.7	77.4
2x6	80.7	74.4
2x7	85.6	89.1
2x8	99.1	93.4
3x4	60.8	63.3
3x5	66.2	66.8
3x6	67.4	63.8
3x7	82.9	78.5
3x8	78.0	82.8
4x5	66.6	65.9
4x6	59.2	62.9
4x7	87.9	77.6
4x8	80.5	82.0
5x6	60.8	66.4
5x7	87.4	81.1
5x8	87.0	85.4
6x7	80.6	78.1
6x8	82.7	82.5
7x8	97.1	97.2

r = 0.9380

rs = 0.8779

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 26 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter acamamento (AC).

Médias		
Cruzamento		
	1	2
	observada	estimada
1x2	1.42	1.42
1x3	1.44	1.41
1x4	1.41	1.42
1x5	1.42	1.42
1x6	1.45	1.47
1x7	1.58	1.60
1x8	1.50	1.54
2x3	1.43	1.39
2x4	1.44	1.40
2x5	1.41	1.40
2x6	1.48	1.45
2x7	1.48	1.58
2x8	1.49	1.52
3x4	1.41	1.39
3x5	1.42	1.39
3x6	1.44	1.44
3x7	1.50	1.57
3x8	1.42	1.51
4x5	1.44	1.40
4x6	1.43	1.45
4x7	1.53	1.58
4x8	1.48	1.52
5x6	1.42	1.45
5x7	1.58	1.58
5x8	1.44	1.52
6x7	1.61	1.63
6x8	1.64	1.57
7x8	1.64	1.70

r =0.8675

rs=0.8101

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 27 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter valor agronômico (VA).

----- Médias -----		
Cruzamento	1	2
	observada	estimada
1x2	1.71	1.72
1x3	1.77	1.74
1x4	1.76	1.73
1x5	1.76	1.76
1x6	1.77	1.76
1x7	1.75	1.75
1x8	1.72	1.71
2x3	1.76	1.75
2x4	1.74	1.74
2x5	1.74	1.76
2x6	1.79	1.77
2x7	1.76	1.78
2x8	1.75	1.71
3x4	1.73	1.76
3x5	1.76	1.78
3x6	1.81	1.79
3x7	1.75	1.78
3x8	1.74	1.73
4x5	1.76	1.77
4x6	1.80	1.78
4x7	1.78	1.77
4x8	1.72	1.72
5x6	1.80	1.80
5x7	1.79	1.79
5x8	1.77	1.75
6x7	1.80	1.80
6x8	1.75	1.75
7x8	1.71	1.74

r =0.7637

rs=0.7017

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j)$

Tabela 28 - Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r) e de Spearman (rs) entre os valores observados e os valores estimados com base no modelo reduzido para o caráter altura de inserção da primeira vagem (AI).

Cruzamento	Médias	
	1	2
	observada	estimada
1x2	16.2	17.1
1x3	12.2	13.1
1x4	14.3	14.6
1x5	13.4	13.9
1x6	11.0	11.2
1x7	14.4	13.8
1x8	15.3	15.7
2x3	16.3	16.1
2x4	16.5	17.6
2x5	15.7	16.9
2x6	13.9	14.1
2x7	16.2	16.9
2x8	20.0	18.6
3x4	14.4	13.6
3x5	12.9	13.0
3x6	11.4	10.2
3x7	13.8	12.9
3x8	14.2	14.7
4x5	15.1	14.5
4x6	10.9	11.7
4x7	15.1	14.3
4x8	14.7	16.1
5x6	10.2	11.0
5x7	13.8	13.7
5x8	16.1	15.5
6x7	10.8	10.9
6x8	12.2	12.8
7x8	16.2	15.4

r = 0.9374

rs = 0.9370

1- modelo completo = $(\hat{u}_i + g_j + s_{ij})$

2- modelo reduzido = $(\hat{u}_i + g_j + g_{ij})$

Tabela 29 - Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (rF) entre nove caracteres de soja para o grupo de progênies F2 baseado em média de sete repetições. Piracicaba SP. 1987/88.

1								3	3
Caracteres	PG	DF	AF	DM	AM	AI	VA	AC	
2									
TP	-0,03	0,19	0,34	0,05	0,02	-0,07	0,08	0,09	
PG		-0,09	0,15	0,70**	0,03	0,57**	-0,32	-0,44*	
DF			0,62**	0,41*	0,24	0,13	-0,42*	0,17	
AF				0,50**	0,59**	0,34	-0,36	0,29	
DM					0,23	0,65**	-0,74**	-0,12	
AM						0,62**	-0,30	0,62**	
AI							-0,62**	-0,03	
3									
VA									0,04

1 - TP = teor de proteína, PG = produção de grãos, DF = número de dias para o início do florescimento, AF = altura da planta no florescimento, DM = número de dias para maturidade, AF = altura da planta na maturidade, AI = altura de inserção da primeira vagem, VA = valor agrônômico e AC = acamamento.

2 - Baseado em média de 4 repetições.

3 - Médias transformadas para $\sqrt{x + 1}$.

A P Ê N D I C E

Apêndice 1 . Comparação dos valores médios mensais da temperatura média, máxima e mínima, precipitação pluviométrica, umidade relativa e do fotoperíodo entre os períodos; Normal (1917-1975) e experimental (1984) em Piracicaba, São Paulo.

Meses			Jan	Fev	Mar	Abr	Mai	Jun	Jul
<hr/>									
Temp. do Ar (C)	TMed.	1988	26,2	24,6	24,6	23,0	20,2	16,4	15,3
		Normal	23,6	23,5	23,1	21,2	18,5	17,0	16,7
	TMax.	1988	32,4	30,3	31,2	28,6	26,4	23,6	23,5
		Normal	29,7	29,7	29,7	28,1	26,0	24,8	25,1
	TMin.	1988	20,0	18,9	18,1	17,2	14,0	9,2	7,1
		Normal	18,9	19,0	18,1	15,2	11,9	10,3	9,3
<hr/>									
Precipitação		1988	185	328	194	140	104	27	0,0
Pluviométrica(mm)		Normal	221	191	135	63	48	41	24
<hr/>									
Umidade		1988	73	78	70	75	73	65	60
Relativa (%)		Normal	74	76	75	71	72	67	60
<hr/>									
N = Fotoperíodo (horas)			13,4	12,8	12,2	11,6	11,1	10,8	10,9

FONTE: Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"

Departamento de Física e Meteorologia

Apêndice 2 - Descrição da metodologia de KJELDAHL utilizada para determinação do teor de proteína (TP) e executada no Laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

a) Preparo da amostra:

Selecionar o material (sementes de soja) a ser analisado;

Triturar em moinho até que se obtenha uma amostragem bem homogênea.

b) Digestão: Preparo do extrato

Transferir 100mg de material vegetal para balão de KJELDAHL de 100ml. Adicionar mais ou menos 1g da mistura catalisadora ($K_2SO_4 + HgO - 10:1$) e 2ml de H_2SO_4 concentrado. Digerir à temperatura de 70 C, até obter extrato claro. A digestão é considerada completa quando a amostra estiver totalmente clara e sem vestígios de fumaça.

c) Destilação e titulação:

Transferir o extrato para o destilador micro-KJELDAHL, lavando o frasco três a quatro vezes com água destilada. Colocar um frasco de Erlenmeyer de 125ml contendo 20ml de solução de ácido bórico a 2% com mistura de indicadores (12 gotas), na extremidade do tubo de refrigeração do destilador, mergulhando o final do tubo na solução. Juntar 20ml da solução de NaOH a 40-50% ao

extrato e proceder a destilação por quinze minutos. O volume do frasco de Erlenmeyer deverá ser de mais ou menos 50ml.

Retirar o frasco de Erlenmeyer e titular a amônia com a solução de H_2SO_4 de normalidade conhecida, até a cor passar de azul para rosa primitivo. Uma prova em branco deve ser levada conjuntamente com as amostras.

Cálculos:

$$n \text{ eq} \times 14 = \text{mg N}$$

$$N \times V \times 14 = \text{mg N}$$

$$\%N = n \text{ ácido} \times V \text{ gasto} - V \text{ branco} \times 14$$

$$\%P = \%N \times 6,25.$$

Apêndice 3 - Relação dos tratamentos avaliados no experimento, sua origem e respectivas notações utilizadas na dissertação.

Tratamento	Origem	Notação
Cruzamentos		
1	Gaúcha x LA 4910-215	1 x 2
2	Gaúcha x OC 79230	1 x 3
3	Gaúcha x BR 80-8858	1 x 4
4	Gaúcha x BR 80-14853	1 x 5
5	Gaúcha x PI 123439	1 x 6
6	Gaúcha x PI 165896	1 x 7
7	Gaúcha x PI 239235	1 x 8
8	LA 4910-215 x OC 79230	2 x 3
9	LA 4910-215 x BR 80-8858	2 x 4
10	LA 4910-215 x BR 80-14853	2 x 5
11	LA 4910-215 x PI 123439	2 x 6
12	LA 4910-215 x PI 165896	2 x 7
13	LA 4910-215 x PI 239235	2 x 8
14	OC 79230 x BR 80-8858	3 x 4
15	OC 79230 x BR 80-14853	3 x 5
16	OC 79230 x PI 123439	3 x 6
17	OC 79230 x PI 165896	3 x 7
18	OC 79230 x PI 239235	3 x 8
19	BR 80-8858 x BR 80-14853	4 x 5
20	BR 80-8858 x PI 123439	4 x 6
21	BR 80-8858 x PI 165896	4 x 7
22	BR 80-8858 x PI 239235	4 x 8
23	BR 80-8858 x PI 123439	5 x 6
24	BR 80-8858 x PI 165896	5 x 7
25	BR 80-8858 x PI 239235	5 x 8
26	PI 123439 x PI 165896	6 x 7
27	PI 123439 x PI 239235	6 x 8
28	PI 165896 x PI 239235	7 x 8
Parental		
29	Gaúcha	Parental 1
30	La 4910-215	Parental 2
31	OC-79230	Parental 3
32	BR 80-8858	Parental 4
33	BR 80-14853	Parental 5
34	PI 123439	Parental 6
35	PI 165896	Parental 7
36	PI 239235	Parental 8
37	Testemunha BR-80/14853 (Alta proteína)	T1
38	Testemunha BR-80/14887 (Alta proteína)	T2
39	Testemunha Biloxi (Alta proteína)	T3
40	Testemunha PI 230977 (Baixa proteína)	T4

Padrões: IAC-Foscarin-31 (P) e IAC-12 (P) (alta produção).