PREDIÇÃO DO COMPORTAMENTO DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS
DE SOJA AVALIADOS NA GERAÇÃO F EM CULTIVO
DE INVERNO

ROSANGELA MARIA PINTO MOREIRA

Engenheira Agrônoma

Orientadora:

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

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.

PIRACICABA

ESTADO DE SÃO PAULO - BRASIL

MAIO DE 1992

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

M838p Moreira, Rosangela Maria Pinto
 Predição do comportamento de cruzamentos dialélicos de
 soja avaliados na geração F3 em cultivo de inverno. Pira-
 cicaba, 1992.
 95p.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. a de inverno - Cruzamento dialélico • 2. Soja de
inverno - Melhoramento 3. Soja de inverno - Potencial ge-
nético I. Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz,
Piracicaba

CDD 633.34

PREDIÇÃO DO COMPORTAMENTO DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS
DE SOJA AVALIADOS NA GERAÇÃO F₃ EM CULTIVO
DE INVERNO

Rosângela Maria Pinto Moreira

Aprovada em: 29.05.1992

Comissão julgadora:

Prof. Dr. Natal Antonio Vello	ESALQ/USP
Prof. Dr. Ernesto Paterniani	ESALQ/USP
Dr. José Francisco de Ferraz Toledo	CNPSo/EMBRAPA

Prof. Dr. Natal Antonio Vello
Orientador

Aos meus familiares

com carinho e gratidão

Para

Mario David

Hugo

Bernardo

com amor

AGRADECIMENTOS

Expressamos os nossos agradecimentos a todos aqueles que contribuíram para a realização deste trabalho e, de maneira especial, as seguintes pessoas e instituições:

- Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela orientação, ensinamentos e confiança na realização deste trabalho.
- Dr. José Francisco Ferraz de Toledo pela amizade, ensinamentos e incentivo à minha formação científica.
- Docentes do Departamento e Instituto de Genética pela atenção e ensinamentos recebidos.
- Funcionários do laboratório de soja: Marcos Custódio Nekatschalow, Antonio Roberto Cogo, Claudinei Antonio Didoné, Osmair José da Silva, Alvaro Gomes, e principalmente à José Roberto Alonso pelo apoio e dedicação na realização dos trabalhos de campo e laboratório.
- Secretárias Carmem M.S. Fernandez Pilotto e Candida Vanderleia de Oliveira do Departamento de Genética/ESALQ pela atenção e presteza.
- Conselho Nacional de Pesquisa (CNPq) pela concessão da bolsa de estudo.
- CNPq, EMBRAPA e FAPESP pelo apoio financeiro às pesquisas que permitiram realizar esta dissertação.
- Amigos e colegas de curso pela convivência agradável.

- Benedita Aparecida, Ana Maria Meneguim, Sandra Regina da Silva e Josiane Kastelic pela força, amizade e companheirismo.
- Ivone Custódia pela amizade e serviços prestados.
- Mario David, pelo companheirismo, apoio, paciência, dedicação e convivência, que foram muito importantes para realização deste trabalho.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	x
1 - INTRODUÇÃO	1
2 - REVISÃO DE LITERATURA	6
2.1 - Seleção Precoce	6
2.2 - Predição do Potencial Endógamo de Cruzamentos	8
2.3 - Variantes da Metodologia	10
2.4 - Complicações na Predição do Potencial Genético.....	12
3 - MATERIAIS E MÉTODOS	15
3.1 - Materiais	15
3.1.1 - Descrição dos parentais	16
3.2 - Procedimentos Experimentais	16
3.2.1 - Instalação do Experimento	16
3.2.2 - Condições Ambientais	17
3.2.3 - Caracteres Avaliados	18
3.3 - Análises Estatístico-Genéticas	19
3.3.1 - Análise de Variância	19
3.3.2 - Análise genética: efeitos aditivos e dominantes	20
A - Componentes de média	21

B - Componentes da variância	
fenotípica	26
C - Estimativa dos parâmetros:	
m, [d], [h], D e E ou E ₁ e E ₂ pelo método dos quadrados mínimos ponderados	29
3.3.3 - Metodologia de predição	29
4 - RESULTADOS E DISCUSSÃO	34
4.1 - Análise de Médias e Variâncias	34
4.2 - Parâmetros Genéticos	36
4.2.1 - Número de dias para florescimento (NDF)	38
4.2.2 - Número de internódios no florescimento (NIF)	43
4.2.3 - Número de dias para maturidade (NDM)	45
4.2.4 - Altura da planta na maturidade (APM)	48
4.2.5 - Produtividade de planta individual (PPI)	50
5 - CONCLUSÕES	54
BIBLIOGRAFIA	56
TABELAS	63
APÊNDICES	84

PREDIÇÃO DO COMPORTAMENTO DE CRUZAMENTOS DIALÉLICOS DE SOJA
AVALIADOS NA GERAÇÃO F₃ EM CULTIVO DE INVERNO

3

Autor: Rosângela Maria Pinto Moreira

Orientador: Prof. Dr. Natal Antonio Vello

RESUMO

A eficiência da prática de seleção nas gerações iniciais dos programas de melhoramento permite que os melhoristas utilizem mais eficientemente o tempo, os recursos humanos e financeiros e a área disponível. As metodologias desenvolvidas em passado recente para a seleção de parentais permitiram grande avanço na eficiência da condução dos programas de melhoramento e a seleção dos cruzamentos com alto potencial genético para produzir descendentes superiores eliminou a aleatoriedade na escolha de parentais.

A presente pesquisa objetivou testar a metodologia do teste de progênie F₃ apresentada por TOLEDO (1987), aplicada ao melhoramento da cultura da soja, com a qual é possível discriminar, em gerações iniciais, cruzamentos que possuem potenciais genotípicos para o desenvolvimento de novas cultivares, visando ao cultivo de inverno. Foram utilizados dez parentais (Cristalina, EMGOPA-301, IAC-4, IAC-5, IAC-6, IAC-8, IAC-9, IAC-11, Santa Rosa e SS-1) e as progênies F₃ obtidas por cruzamentos dialélicos pelo Setor

de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética, ESALQ, USP.

No período de 07 de fevereiro (semeadura) a 30 de julho de 1989 (colheita do genótipo mais tardio), foi conduzido o experimento em Piracicaba, SP, em local situado a $22^{\circ} 42'$ de latitude Sul, $47^{\circ} 38'$ de longitude Oeste e 537 m de altitude. O experimento foi delineado em blocos casualizados com seis repetições e a parcela foi representada por dez plantas individuais e competitivas, espaçadas de 0,20m. Intercalada às parcelas foram plantadas bordaduras de 'IAC-8', com intuito de uniformizar a competição entre parcelas de tratamentos. O espaçamento utilizado entre parcelas foi de 0,60 m. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) e produtividade de plantas individuais (PPI).

Os parentais e as progênes F_3 apresentaram diferenças significativas entre si para todos os caracteres, evidenciando um elevado potencial para formação de populações com base genética ampla, visando cultivo de inverno. Apenas com poucas gerações (P_1 , P_2 e F_3) foi possível fazer uma análise precoce dos cruzamentos, com resultados satisfatórios para seleção de linhagens. Com base nos componentes de médias (CAVALLI, 1952) e variâncias (HAYMAN, 1960), os parentais assim como os cruzamentos

dos quais eles participaram, apresentaram variação em todos os caracteres, demonstrando grande potencial para seleção de genótipos. O caráter produtividade (PFI), como é bastante influenciado pelo ambiente (caráter com baixa h^2), exige maior número de repetições para obtenção de predições precisas. Com a predição da proporção genotípica de linhagens desejadas dentro de cada cruzamento, é possível discriminar os cruzamentos com maior potencial para geração de linhagens superiores. A Metodologia do teste de progênie F_3 apresentada por TOLEDO (1987), aplicada ao melhoramento da cultura da soja, para o cultivo de inverno, oferece boas possibilidades de sucesso para discriminação de cruzamentos e é de fácil e prática utilização.

PREDICTION OF THE PERFORMANCE DIALLEL CROSSES OF SOYBEAN
EVALUATED IN F₃ GENERATION IN WINTER CROPPING.

3

Author: Rosângela Maria Pinto Moreira

Advise: Prof. Dr. Natal Antonio Vello

Summary

The efficiency of the early selection procedures in a breeding program allows the breeder to rationalize the activities, including time, human and financial resources. The recently developed methodologies for parental selection greatly diminished the randomness inherently of the breeding programs and consequently increased their efficiency.

This work was planned to test the prediction value of the F₃ progenie methodology presented by Toledo (1987), for screening soybean biparental crosses according to their potential to generate superior inbred lines for winter cultivation. Ten parental cultivars (Cristalina, EMGOPA-301, IAC-4, IAC-5, IAC-6, IAC-8, IAC-9, IAC-11, Santa Rosa e SS-1) and their 45 half-diallel F₃ progenies obtained by the Applied Genetics Section of the Genetics Department, ESALQ, USP were grown from Feb 07 (sowing) to July 30 (harvesting of the latest material) of 1989 in Piracicaba, SP. Piracicaba is located at 22° 42' of latitude (South) and 47° 38' of longitude (West) at an altitude of

537m The experimental design was a randomized complete block design with six replications. Each experimental plot consisted of a single row with ten competitive plants. Plant spacing was 20 cm.

Between each experimental plot row a border row of cultivar IAC-8 was sowed to increase the uniformity and competition between plots. The between row spacing was 0,60 m. The following traits were evaluated: number of days from emergency to flowering (NDF), number of plant internodes at flowering (NIF), number of days from emergency to maturity (NDM), plant height at maturity (APF) and seed yield based on individual plant (PPI).

The observed genetic variability between parents within and between F_3 progenies indicated that the materials have high potential to generate populations with broad genetic base.

With the three available generations (P_1 , P_2 and F_3) model fitting procedures to means (CAVALLI, 1952) and variances (HAYMAN, 1960) allowed estimation of m , $[d]$ and $[h]$ and D , H , and E , used for the analysis and screening of the superior parental combinations. The genetic components indicated the presence of genetic variability for all traits studied and evidenced a high potential for selection. The PPI trait, of low heritability, required a comparatively larger number of replication for reliable prediction making. Using the prediction methodology it was possible to select the crosses according to their

breeding potential. The F_3 methodology presented by Toledo, (1987) applied to the soybean winter breeding, offered good possibilities of selecting the crosses and was of easy application.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil ocupa atualmente posição de destaque na produção mundial de soja.

Em 1940/41, a soja no Brasil atingiu uma produção de 457 t em uma área de 702 ha, com uma produtividade de 651 kg/ha (BONATO, 1987). Em 1989, a produção brasileira foi de 23.743.000 t em uma área de 12.258.000 ha com produtividade de 1937 kg/ha (FAO PRODUCTION YEARBOOK, 1989).

Na última safra (1990/91), a produção brasileira caiu aos níveis do final da década 70, com 14,7 milhões de t, devido à escassez de crédito para o cultivo, com conseqüente diminuição da área plantada, e à redução dos investimentos em insumos e tratos culturais pelos agricultores, com reflexos negativos na produtividade de grãos.

Vários fatores contribuíram para a expansão do cultivo da soja no Brasil. Um dos fatores mais importantes foi o desenvolvimento de cultivares que, além de

elevado potencial produtivo, também se mostraram aptos a serem cultivados em todas as regiões brasileiras.

No Brasil, universidades e instituições de pesquisa têm desenvolvido novos conhecimentos técnico-científicos na área de melhoramento e desenvolvido novos cultivares de soja, colocando-os à disposição dos agricultores. Com a disponibilidade de cultivares adaptados às baixas latitudes, tornou-se possível o cultivo de soja em todas as regiões do Brasil (BONATO & DALL'AGNOLL, 1985).

Várias etapas num programa de melhoramento são necessárias para atingir o objetivo que é uma nova cultivar. A primeira etapa é a escolha de parentais que se complementem e forneçam características desejáveis. A escolha de parentais para hibridações em programas de melhoramento de espécies autógamas é usualmente determinada com base em caracteres qualitativos e no comportamento "per se" dos parentais para produtividade de grãos.

Atualmente, alguns métodos que procuram inferir a capacidade de combinação dos parentais com base na diversidade genética, vêm sendo testados em soja. O método mais recente envolve o uso de marcadores moleculares: RFLP (KEIM, 1992) e RAPD (WILLIAMS *et alli*, 1990). A eficiência dos métodos que usam marcadores moleculares, para caracteres quantitativos ainda não é bem conhecida. Além disso, estes métodos exigem materiais e equipamentos caros e de difícil aquisição.

Outro método usado para avaliação da diversidade genética em soja baseia-se no coeficiente de parentesco de Malécot; este método necessita das genealogias dos parentais e considera todos os genes contribuídos pelo macho e pela fêmea (VELLO *et alli*, 1988). Este método não pode ser usado em genótipos exóticos, para os quais as genealogias não são conhecidas. Outros métodos de avaliação de diversidade genética incluem a análise multivariada dos caracteres observados nos parentais, como por exemplo a distância D^2 de Mahalanobis (RAO, 1952).

De acordo com TOLEDO (1987, 1989), a escolha de um cruzamento potencial, com base somente na performance parental tem a desvantagem de não levar em consideração informações sobre as novas ações gênicas e interações que inevitavelmente ocorrem quando novas combinações genotípicas são produzidas pelas hibridações.

As metodologias de seleção usadas em programas de melhoramento de espécies autógamas a partir de hidridações, dividem-se praticamente em duas categorias: uma onde a seleção se inicia nas primeiras gerações de segregação e outra quando o material praticamente atingiu a homozigose. Informações sobre estas metodologias são relatadas por FEHR (1986).

O Teste de Geração Precoce ("Early Generation Testing") é uma metodologia em que é feita uma seleção de progenies em F_2 e os testes de produtividade de grãos são realizados na geração F_2 , ao contrário de outros métodos,

como Genealógico (Pedigree), População (Bulk), Descendência de Semente Única ("SSD") onde os testes de produtividade são realizados apenas em gerações mais avançadas, quando se tem grau elevado de homozigose. Para selecionar cruzamentos em gerações iniciais, seria indicado o método Teste de Geração Precoce. Uma das vantagens deste método é a identificação de progênes superiores em produtividade, que são selecionadas previamente e avaliadas nas gerações posteriores em testes extensivos (WEISS, 1947).

Segundo FEHR (1978), este procedimento não foi amplamente adotado porque as pesquisas indicaram que o número de progênes superiores freqüentemente era semelhante tanto nos cruzamentos com baixa quanto naqueles com alta produtividade nas gerações iniciais.

TOLEDO (1987, 1989) observou que a previsão do potencial dos cruzamentos avaliados com base nos componentes de média e de variância de progênes F_3 , permitem a seleção precoce de cruzamentos, evitando-se que progênes com baixo desempenho cheguem até a fase de testes de produtividade.

A presente pesquisa tem como principal objetivo predizer a escolha de parentais com maior potencial genético baseado na metodologia do teste de progênie F_3 apresentada por TOLEDO (1987). Para tanto, utilizou-se um diallelo 10 x 10 entre genótipos semi-tardios apropriados para a safrinha de inverno, cuja semeadura é feita de janeiro a março no Estado de São Paulo, geralmente após o

cultivo de uma gramínea, como o milho. Este dialelo faz parte do programa em andamento na ESALQ/USP (VELLO, 1991) que procura ampliar a base genética do germoplasma e, simultâneamente, utilizar metodologias de seleção recorrente.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. Seleção Precoce

A eficiência da seleção para produtividade de sementes é talvez o principal e mais difícil problema no melhoramento de espécies autógamas, como a soja.

No início, a seleção era feita em populações heterogêneas, mas com o passar do tempo, a variabilidade natural existente foi gradualmente sendo explorada, a tal ponto que hoje os melhoristas são obrigados a efetuar hibridações para criação de mais variabilidade genética, para que se continue a obter progresso com seleção (OLIVEIRA, 1987).

A hibridação é seguida pela recombinação de genes que controlam caracteres, fazendo surgir novos segregantes. Normalmente, seleciona-se segregantes compatíveis com todos os caracteres desejáveis e, procura-se realizar a seleção precocemente no programa de melhoramento. Com isto, evita-se que progênies com baixo desempenho

cheguem à fase de testes de produtividade.

O Teste de Geração Precoce ("Early Generation Testing") foi proposto inicialmente como um método para identificar cruzamentos que produziriam linhagens puras superiores e eliminaria as progênes ou populações para as quais não se justifica entrar no processo de aumento de endogamia e seleção. Portanto, um dos objetivos deste método é aumentar em gerações iniciais, dentro de um programa de melhoramento, a percentagem de progênes com alta produtividade, as quais seriam submetidas a testes extensivos em gerações mais avançadas (WEISS, 1947; FEHR, 1978).

O termo "Teste de Geração Precoce", de modo geral, está associado ao teste de progênie das plantas F_2 . Plantas F_2 são colhidas individualmente. As sementes F_3 de cada planta F_2 são semeadas e as progênes com características agrônômicas indesejáveis são descartadas. As sementes F_4 , derivadas de plantas F_2 , selecionadas com base nas progênes F_3 , são usadas em testes de produtividade e as parcelas são colhidas em "bulk". As plantas F_5 originadas das melhores progênes são cultivadas em fileiras isoladas (progênes F_6 derivadas de plantas F_5) e as progênes superiores são selecionadas como linhagens puras para testes intensivos nas próximas gerações (FEHR, 1978).

A seleção precoce é baseada em estudos de herdabilidade no sentido amplo e restrito e estudo de

correlação fenotípica, genotípica e de ambiente. Vastas revisões foram feitas por DESTRO (1983), OLIVEIRA (1985) e SHIMOYA (1987) a respeito do Teste de Geração Precoce; estes autores observaram que apesar de dar resultados satisfatórios, a seleção precoce tem apresentado também resultados contraditórios.

As possíveis explicações para o fracasso do teste de geração precoce foram sugeridas por LEFFEL & HANSON (1961) a saber:

- (1) testes inadequados no tempo e no espaço;
- (2) interação genótipos x ambientes;
- (3) heterose atribuída a efeitos epistáticos e de dominância dos genes que não são mantidos nas gerações avançadas;
- (4) heterozigose e heterogeneidade dos genótipos dentro das progênies;
- (5) competição entre plantas e entre parcelas.

2.2. Predição do Potencial Endógamo de Cruzamento

Metodologias para predizer o potencial endógamo de cruzamentos simples têm sido avaliadas por JINKS & PERKINS (1972); JINKS & POONI (1976) e MATHER & JINKS (1982, 1984).

Segundo JINKS & POONI (1976), os componentes genéticos de médias e variâncias de famílias, que são fáceis de estimar nas primeiras gerações de um programa de melhoramento, são os parâmetros necessários para predizer a

distribuição de progênies endógamas que podem ser derivadas pelo método da Descendência de Semente Única (SSD). Com esta análise não há necessidade de ir além de F_2 em um programa de melhoramento, para se ter uma idéia mais precisa dos possíveis resultados finais.

Em estudo mais recente, JINKS & POONI (1980) afirmam que a predição do potencial de um cruzamento para produzir progênies endógamas, que serão selecionadas pelo método da Descendência de Semente Única (SSD), pode ser realizada interpretando-se os resultados coletados com progênies F_3 dos cruzamentos.

JINKS & POONI (1976), POONI *et alli* (1977), observaram que a predição da freqüência de progênies recombinantes, derivadas do cruzamento entre um par de progênies endógamas, pode ser realizada em geração inicial de um cruzamento. De fato, TOLEDO (1987) constatou que a predição do potencial de um cruzamento simples para gerar linhagens puras de interesse, pode ser realizada a partir das médias e variâncias dos parentais e da população F_3 .

As estimativas dos parâmetros preditos com base nos componentes de médias são: aditivo [d], dominante [h], epistática [i] e outros; com base nos componentes de variância são: aditiva (D), dominante (H), epistático (I), ambiental (E) e outros. Estas informações dão uma visão sobre a variabilidade genética e novas ações gênicas formadas, podendo-se também predizer a proporção de genótipos que são superiores ou inferiores aos parentais ou

padrões.

2.3. Variantes da Metodologia

JINKS & POONI (1980) compararam uso de predições utilizando progênies F_3 com o teste triplo (F_2 , F_1 retrocruzamentos do F_2 com P_1 e P_2 "Triple Test Cross"), usando o cruzamento entre as variedades 2 e 12 de **Nicotiana rustica**. Os parâmetros utilizados foram a média e a resposta à variação a época de semeadura. Comparando com amostras casualizadas das respectivas progênies F_7 , produzidas por Descendência de Semente Única, concluíram que não havia diferença entre predições baseadas no Teste Triplo F_2 e progênies F_3 para altura da planta. Para tempo de florescimento houve diferença, porém, esta foi devida ao uso de apenas duas (2) épocas de Semeadura. Concluíram também, que o uso de mais ambientes para predizer resultados serviria apenas para reforçar o uso de progênies F_3 sobre o teste triplo (Triplie Test Cross).

POONI et alii (1980), observaram que em espécies que produzem uma ou poucas sementes por hibridação e a autofecundação é um método fácil, ao invés de usar teste de triplo ("Triplie Test Cross"), pode-se utilizar progênies obtidas por autofecundação para estimar os componentes genéticos aditivo e dominante.

Trabalhando com 28 cruzamentos entre oito cultivares de soja, TOLEDO (1987) calculou as proporções esperadas de linhagens puras com maturidade e florescimento

mais precoce, mais tardio e intermediário aos cultivares padrões. As análises das proporções genotípicas evidenciaram a utilidade da metodologia. Segundo o autor, as consequências são evidentes para os melhoristas que terão acesso a informações precisas no início do programa de melhoramento, pois predizendo-se o possível resultado pode-se decidir como distribuir melhor seus recursos, tempo e objetivos da pesquisa. Na seleção dos melhores materiais genéticos.

O estudo de correlações para produtividade entre as proporções de linhagens superiores preditas e observadas de 17 cruzamentos biparentais em relação a dois padrões e sua média foram respectivamente 0,74; 0,61 e 0,77. Estes valores permitiram a TOLEDO (1989), selecionar os seis melhores cruzamentos, com base em seus potenciais preditos e concluir que a nova metodologia permite seleção precoce dos cruzamentos promissores. Em outro estudo, TOLEDO (1988) obteve as correlações dos cruzamentos, classificados de acordo com os potenciais genéticos previstos e observados, obtidos por três métodos alternativos de seleção de parentais: média dos parentais, média dos parentais mais a respectiva distância genética; e o método proposto de teste de progênies F_3 . O potencial genético dos cruzamentos foi avaliado pela capacidade dos mesmos gerarem descendentes superiores (linhagens F_4) aos padrões BR-5 e Paraná. A superioridade da metodologia proposta por TOLEDO (1987) ficou bastante evidenciada pelas várias

comparações realizadas.

Em trabalho mais recente, TOLEDO (1989), avaliou o controle e o potencial genético (BR-13, FT-2, BR 85-29009 e OC-8) de combinações biparentais utilizando as gerações F_2 e F_3 . As características observadas foram: dias para florescimento e maturidade, desenvolvimento de planta, produtividade e estabilidade. Em uma das conclusões, o autor afirma que mesmo utilizando um número reduzido de gerações, o experimento é satisfatório e que a queda na precisão das estimativas obtidas pode ser compensada por uma repetição no tempo ou, alternativamente, no número de famílias e indivíduos das progênes F_2 e F_3 .

2.4. Complicações na Predição do Potencial Genético

Segundo JINKS & POONI (1976), interação genótipos $\times$ ambientes e ligação podem parecer, à primeira vista, distúrbios sérios numa predição. No entanto, eles podem ter seus efeitos compensados, e em geral, não viesam as predições.

Os autores consideram que somente a epistasia deve produzir alterações de magnitude expressiva, que justifiquem fazer ajustes pela sua presença, quando se realiza predições. Para corrigir o componente epistático [1] basta estimá-lo a partir de parentais, progênes F_2 e retrocruzamentos, ou, de teste triplo (F_2 e retrocruzamentos do F_2 com P_1 e P_2).

Com relação à interação genótipos $\times$ ambientes esta

pode ser minimizada se todas as predições com base na performance das progênies derivadas por endogamia, seus parentais e a geração F₁ forem plantadas no mesmo ambiente.

E para detectar a existência de ligação gênica basta utilizar um programa de teste triplo ou avaliar as variâncias entre e dentro de progênies F₃.

Usando modelos teóricos, simulações e exemplos práticos, POONI et alii (1977) demonstraram a direção e magnitude dos desvios da normalidade das médias preditas e os efeitos consequentes da utilização das predições realizadas na presença de epistasia e interação genótipos x ambientes. Na prática, as predições foram satisfatórias para nove caracteres nas gerações de progênies derivadas do cruzamento entre as variedades 1 e 5 de *Nicotiana rustica*.

POONI et alii (1977) concluíram que tanto epistasia quanto interação genótipos x ambientes, dificilmente conduziriam a uma decisão errada na escolha entre cruzamentos alternativos ou na determinação do tamanho da amostra requerida para produção de linhagens puras.

JINKS & POONI (1976) usaram valores de epistasia para fazer a correção linear das médias esperadas para a distribuição de linhagens puras, no intuito de remover as discrepâncias entre os resultados predito e observado. Observaram que epistasia não prejudicava as predições, pois podia ser facilmente compensada.

Para realizar as predições são necessários dois

ambientes: aquele onde as predições são estimadas e aqueles onde elas são testadas. Segundo JINKS & POONI (1976), MATHER & JINKS (1982), TOLEDO (1987), a presença de interação não invalida os resultados preditos, a menos que os ambientes sejam tão diferentes a ponto de causar inversão no comportamento dos genótipos.

Experiências (JINKS & POONI, 1976; MATHER & JINKS, 1982; POONI *et alii*, 1977) demonstram que os valores estimados da variância aditiva (D) sem estimar o componente epistático não dificultam as predições. Entretanto, o uso de médias e variâncias de progênies F_3 para estimar $m, (D + I + E)$ tem provado a realização de confiáveis predições em muitas situações práticas (JINKS & POONI, 1980; THOMAS *et alii*, 1986).

Com relação à ligação gênica, se houver dúvidas sobre sua presença, progênies F_3 podem ser combinadas com outras gerações (F_2 , RC_1 e RC_2 por exemplo) para determinar a direção e magnitude da correção que pode ser feita na predição (JINKS & POONI, 1982; POONI & JINKS, 1978; POONI *et alii*, 1977). Além do mais, a estimativa de D é submetida a raiz quadrada na fórmula de predição, o que minimiza possíveis desvios na predição (TOLEDO *et alii*, 1984). Além disso o teste estatístico utilizado é robusto (SNEDECOR & COCHRAN, 1980).

3. MATERIAIS E MÉTODOS

3.1. Materiais

O método de predição precoce de JINKS & POONI (1980) e TOLEDO (1987) foi usado para avaliar o potencial genético de cruzamentos biparentais envolvendo dez parentais de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) com ciclo semi-tardio. Os parentais compreendem as seguintes cultivares comerciais e linhagens experimentais: Cristalina, EMGOPA-301, IAC-4, IAC-5, IAC-6, IAC-8, IAC-9, IAC-11, Santa Rosa e SS-1. Para facilitar o uso das tabelas de resultados, os dez parentais estão identificados nos apêndices 1, 2 e 3. Os genótipos Cristalina, IAC-8, IAC-9 e IAC-11 são os mais recomendados para cultivo de inverno no Estado de São Paulo, cuja semeadura é feita entre os meses de janeiro e março, geralmente em rotação com uma gramínea, como por exemplo o milho.

Estes genótipos foram selecionados com base no comportamento superior em testes conduzidos 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. Devido apresentarem tolerância às variações do fotoperíodo (período juvenil), níveis altos de produtividade (VELLO, 1991) e divergência genética, estimada pelos coeficientes de parentesco baseados nas genealogias (HIROMOTO & VELLO, 1986; VELLO *et alii*, 1988).

As sementes da geração F_3 dos parentais representam uma continuação do estudo desenvolvido por NASS (1989) e foram colhidas em julho/agosto de 1988.

3.1.1. Descrição dos Parentais

A descrição das principais características agronômicas das cultivares utilizadas como parentais estão apresentadas nos Apêndices 1, 2 e 3. Conforme se observa nos referidos apêndices, os parentais apresentam características bastante distintas.

3.2. Procedimentos Experimentais

3.2.1. Instalação do experimento

O experimento foi instalado no dia 07/02/89 com as progênies F_3 dos cruzamentos possíveis entre os dez genótipos de soja, exceto pelo cruzamento entre EMGOPA-301 x IAC-5, para o qual não foi possível a obtenção de sementes F_2 .

Para a instalação do experimento foram realizadas uma aração, duas gradagens e uma adubação com a mistura

NPK 3 - 15 - 15 no sulco. A disponibilidade de água foi completada com irrigações periódicas, sempre que necessárias.

O delineamento utilizado foi em blocos completos casualizados com seis repetições. Os dados experimentais foram obtidos de 60 (sessenta) plantas F_3 de cada um dos 10 parentais e de cada um dos 44 (quarenta e quatro) cruzamentos (não recíprocos) do dialelo 10×10 . Cada parcela foi composta de 15 (quinze) plantas de cada progênie F_3 ou de cada parental. As 15 plantas da parcela foram distribuídas em uma fileira, mantendo-se o espaçamento de 0,20 m entre plantas. Entre duas fileiras de parcelas foi intercalada uma fileira de bordadura ('IAC-8'), com semeadura em fileira corrida e estande de 20 plantas por metro. O espaçamento entre fileiras foi de 0,60 m. Com este sistema de plantio procurou-se manter a competição entre fileiras em níveis comparáveis aos cultivos comerciais. Em cada parcela foram amostradas aleatoriamente e avaliadas dez (10) plantas competitivas.

3.2.2. Condições ambientais

O estudo foi realizado na área experimental da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, SP, situada a $22^{\circ} 42' 30''$ de latitude sul, $47^{\circ} 38' 00''$ de longitude oeste e 537m de altitude em relação ao nível do mar.

As temperaturas e umidades relativas médias e o

total de precipitação pluvial, por decêndio, durante o período em que foi conduzido o experimento, são apresentados no Apêndice 4.

De maneira geral, as condições climáticas foram satisfatórias, mesmo porque a complementação de água foi realizada sempre que necessário.

Foi realizada apenas uma aplicação de inseticida, de caráter preventivo contra percevejos.

3.2.3 Caracteres avaliados

As observações foram realizadas em dez (10) plantas competitiva dentro das parcelas, para os seguintes caracteres:

NDF: Número de dias para o início do florescimento; corresponde ao período entre a data de semeadura e a antese da primeira flor.

NIF: Número de internódios na haste principal no início do florescimento, contados à partir do nó cotiledonar até o ápice da haste principal.

NDM: Número de dias para maturidade; corresponde ao período entre a data de semeadura e a data em que aproximadamente 95% das vagens estão maduras (amarelas e secas).

APM: Altura da planta na maturidade; compreende a distância em centímetros entre o colo e a inserção da vagem mais distal da haste principal.

PPI: Produtividade de planta individual em gramas de

sementes por planta.

3.3. Análises Estatístico-Genéticas

3.3.1. Análise de variância

A análise de variância foi realizada em blocos completos casualizados com seis repetições. A análise de variância foi realizada para os parentais e para as progêneses F_3 individualmente, constando em um total de 54 análises. O modelo estatístico utilizado para análise genética dos caracteres, foi representado pela seguinte expressão (MATHER & JINKS, 1982):

$$Y_{ij} = u + L_i + e_{j(i)}$$

Y_{ij} = valor observado na parcela que recebeu o tratamento i e repetição j ;

u = média geral;

L_i = efeito do i parental ou progênie F_3

$e_{j(i)}$ = efeito do erro experimental entre plantas dentro do i -ésimo tratamento. Assumiu-se normalidade e independência dos erros com média zero e variância σ^2 .

A análise estatística para o conjunto de parentais e progêneses F_3 foi analisada de acordo com o seguinte modelo:

$$Y = u + B_i + P_j + (BP)_{ij} + e_{h(ij)}$$

onde,

u = média geral

B_i = efeito do i-ésimo bloco
 P_j = efeito do j-ésimo genótipo
 $(BP)_{ij}$ = interação entre i-ésimo bloco com o j-ésimo genótipo
 $e_{h(ij)}$ = efeito do erro experimental. Assumem-se normalidade e independência dos erros, com média zero e variância σ^2 .

Para todas as análises que foram realizadas neste estudo, deve-se ter em mente as implicações da utilização de um modelo fixo de análise estatística. O uso de um modelo fixo decorre da escolha deliberada dos genótipos incluídos no experimento e implica em que as inferências possíveis de serem realizadas devem-se limitar ao material nele incluído.

3.3.2. Análise genética: efeitos aditivos e dominantes

A análise genética foi realizada de acordo com a teoria de predição de JINKS & POONI (1980) e TOLEDO (1987) onde os cruzamentos são avaliados com base nos componentes de média e variância de progênies F_3 .

Os modelos genéticos foram ajustados às médias e variâncias, seguindo-se a metodologia descrita em detalhes por MATHER & JINKS (1982, 1984). Sendo que a simbologia adotada é a mesma utilizada pelos autores.

A - Componentes de Média

Quando se realiza um experimento, estimam-se as médias dos tratamentos. O controle genético deve variar de acordo com o cruzamento. O modelo genético vai então descrever as diferenças na expressão fenotípica.

Considerando um loco gênico pode-se esquematizar assim:

Neste esquema, a média dos parentais é m , ou seja, a origem usada para medir o efeito dos diferentes alelos de cada loco gênico; " d " representa o efeito genético aditivo que corresponde ao efeito de um loco em homozigose; " h " representa o efeito genético de dominância que corresponde ao efeito do loco em heterozigose.

Considera-se " A " como o alelo que aumenta a expressão do caráter e " a " como o alelo que diminui a expressão do caráter.

Ao coletar num material todas as plantas do tipo AA, a média geral do caráter será: $m + d$. Para as plantas "aa" a média geral do caráter será: $m - d$. E para Aa, será: $m + h$.

Se $h = 0$, o alelo em questão não exibe dominância; se $h = d$ há dominância completa; com $0 < h < d$ há

dominância parcial e se $h > d$, há sobredominância, sendo h/d o grau de dominância do loco.

Evidentemente, m , d e h são expressos na mesma unidade com que é medida a média do caráter estudado.

Na variação contínua não se distingue individualmente os k genes que contribuem para a mesma. Mas, considerando duas linhagens homozigóticas, o afastamento de cada uma delas da média dos parentais, refletirá a ação simultânea de todos os k genes que afetam o caráter pelo qual as linhagens se diferem.

Então:

$$[d] = S(d+) - S(d-)$$

$$[h] = S(h)$$

Onde :

$[d]$ = componente de média devido aos locos em homozigose;

$[h]$ = componente de média devido aos locos em heterozigose.

O componente genético aditivo $[d]$ assume sempre valor positivo por definição, e é estimado usando como P_1 o parental de maior valor e P_2 o de menor valor. Com relação ao componente genético dominante, se $[h]$ é positivo a dominância é direcional no sentido de aumentar o caráter.

Para descrever a estrutura genética das médias dos materiais utilizados, trabalha-se com valores esperados, a partir do cruzamento de genótipos homozigóticos.

Em um cruzamento entre genótipos homozigóticos, considera-se P_1 como genótipo superior (com maior expressão do caráter) e P_2 como genótipo inferior (com menor expressão do caráter), então:

$$\bar{P}_1 = m + [d]$$

$$\bar{P}_2 = m - [d], \text{ onde;}$$

m = média do caráter

$[d]$ = afastamento da média

Considerando-se apenas um gene, quando uma geração F_3 é produzida por autofecundação de indivíduos F_2 , ela compreenderá $3/8$ AA, $1/4$ Aa e $3/8$ aa.

Considerando a população como um todo, o loco A/a contribuirá com:

$3/8 d + 1/4 h - 3/8 d = 1/4 h$, para o afastamento da média F_3 da média dos parentais. Levando-se em conta todos os k genes, o fenótipo médio será:

$$F_3 = m + 1/4 [h]$$

Esta formulação de genótipos médios em termos de m , $[d]$ e $[h]$ pode ser estendida para todos os tipos de progênies produzidas pelas quase infinitas combinações de sistemas de acasalamento entre os descendentes do cruzamento inicial.

Para o método utilizou-se:

$$\bar{P}_1 = m + [d]$$

$$\bar{P}_2 = m - [d] \quad e$$

$$\bar{P}_3 = m + 1/4 [h]$$

Estas relações esperadas são usadas para testar a adequação do modelo (MATHER & JINKS, 1982).

A adequação do modelo aditivo-dominante pode ser testado, predizendo as médias das progênes a partir das estimativas de m , $[d]$ e $[h]$.

As equações disponíveis para estimar m , $[d]$ e $[h]$ são obtidas igualando-se as médias das progênes observadas às suas expectativas, em termos destes três parâmetros. Então, a média será: $m = 1/2 (\bar{P}_1 + \bar{P}_2)$, e a variância: $V(m) = 1/4 [V(\bar{P}_1) + V(\bar{P}_2)]$

O erro padrão de " m " pode ser obtido como $\sqrt{V(m)}$.

Através do teste " t " foi verificado se as estimativas de m , $[d]$ e $[h]$ são diferentes de zero (0).

Então:

$$t = \frac{\hat{m}}{\sqrt{V(m)}}$$

A sua probabilidade é achada numa tabela de " t ", usando-se como número de graus de liberdade, o número de plantas observadas por cruzamento para cada caráter - 1.

As estimativas do efeito aditivo $[d]$ e da variância podem ser obtidas:

$$[d] = 1/2 (\bar{P}_1 - \bar{P}_2)$$

$$V(d) = 1/4 [V(\bar{P}_1) + V(\bar{P}_2)] \text{ e o}$$

$$\text{erro padrão} = \sqrt{V(d)}$$

Então, testando-se com o mesmo número de graus de liberdade calculado anteriormente,

$$t = \frac{[d]}{\sqrt{V(d)}}$$

Para o cálculo de $[h]$, efeito de dominância, tem-se:

$$[h] = 4 [\bar{F}_3 - 1/2 (\bar{P}_1 + \bar{P}_2)]$$

onde a variância:

$$V(h) = 16 V(\bar{F}_3) + 4 V(\bar{P}_1) + 4 V(\bar{P}_2)$$

$$\text{sendo que o erro padrão} = \sqrt{V(h)}$$

e o teste t:

$$t = \frac{[h]}{\sqrt{V(h)}}$$

usando-se cálculo semelhante para o número de graus de liberdade.

Os componentes de média m , $[d]$ e $[h]$ foram estimados e testados para todas as progênies F_3 oriundas dos cruzamentos entre os 10 (dez) parentais.

Quando a estimativa de $[h]$, componente dominante,

foi nula, foi possível testar o modelo envolvendo m e $[d]$, pelo teste de X^2 com o grau de liberdade restante.

B - Componentes da Variância Genotípica e Fenotípica

A variação dentro das linhagens homozigóticas (P_1 e P_2) é exclusivamente ambiental, porque todos os indivíduos dentro de uma linhagem têm o mesmo genótipo. Embora os parentais representem populações homozigóticas, existe a possibilidade deles não serem completamente homogêneos.

As variâncias das medidas do caráter nos parentais fornecem estimativas da variação ambiental e de sua contribuição para as variações de gerações descendentes (F_2 , F_3 , etc.), nas quais a variação genética estará também presente devido à segregação para as diferenças gênicas entre P_1 e P_2 .

Esta variação ambiental é designada pelo termo "E"; e com relação aos componentes genéticos, eles são independentes entre si devido ao delineamento experimental utilizado; $E = (V_{P1} + V_{P2})1/2$

Considerando a geração F_3 , derivada de autofecundação dos indivíduos F_2 , a contribuição de A/a para a variância (V_{TF3}) será então:

$$V_{TF3} = \frac{3}{4} d^2 + \frac{3}{16} h^2$$

componente de dominância da variação, uma vez que quando a dominância está ausente em todos os locos, todos os h_s somam 0 (zero) e $H = 0$ (zero).

Igualmente, se a dominância é completa em todos os locos, todos $h = \pm d$ e $H = D$; com sobredominância em todos os locos, todos $h > d$ e $H > D$. Visto que $D = S(d)^2$ e $H = S(h)^2$, são quantidades quadráticas, ao contrário, portanto, de $[d]$ e $[h]$, os valores de D e H não serão influenciados pela distribuição dos alelos parentais e, pela direcção da dominância dada pelo sinal de h .

No caso de existirem interações genótipos x ambientes, definidas pela diferença entre as variâncias dentro de P_1 e P_2 , há a possibilidade de se estimar, separadamente:

$$E_1 = V_{P1} \quad \text{e} \quad E_2 = V_{P2},$$

onde:

E = variância ambiental comum na ausência de interação genótipos x ambientes.

E_1 = variância ambiental devido ao parental 1.

E_2 = variância ambiental devido ao parental 2

**C - Estimativa dos Parâmetros m , $[d]$, $[h]$, D e E ou E_1 e E_2
pelo Método dos Quadrados Mínimos Ponderado**

Para estimar os parâmetros genéticos e ambientais de médias e variâncias, usou-se um programa de computador (TOLEDO, 1991). O programa utiliza o método dos quadrados mínimos ponderados, que além de fornecerem estimativas não viesadas e de mínima variância, permitem o teste de qualidade do ajuste do modelo quando o número de parâmetros estimados for menor que o número de gerações disponíveis (CAVALLI, 1952 e HAYMAN, 1960).

3.3.3. Metodologia de Predição

O método de predição usado corresponde àquele de JINKS & POONI (1980) e TOLEDO (1987).

De acordo com a teoria apresentada por TOLEDO (1987), a probabilidade de ocorrer desvios aditivos ($[d]$) da média, em uma amostra casualizada de linhas endógamas, obtidas de um cruzamento simples é:

$$\int_{[d]}^{\infty} f(x) dx, \quad \int_{-\infty}^{-[d]} f(x) dx.$$

Isto ocorre porque a distribuição das progênies segue uma distribuição normal, quando o número de locos (k) é alto e as integrais acima correspondem à abscissa abaixo para a distribuição fenotípica e genotípica respectivamente,

$$\frac{[d]}{\sqrt{D + E}} \quad \text{e} \quad \frac{[d]}{\sqrt{D}}$$

Usando a variância total (incluindo E) obtém-se a predição fenotípica. Se usar a porção genética faz-se a predição genotípica. Somente as predições genotípicas não serão variáveis de ano para ano ou de experimento para experimento na ausência de interação genótipos x ambientes.

A média das progênies F_3 ($\bar{F}_3$) foi calculada para cada cruzamento.

Neste estudo, as estimativas de D foram realizadas com relação à variância total da população F_3 (V_{TF3} obtida de cada cruzamento), ao invés da metodologia original que trabalha com a variância entre médias de progênies F_3 (V_{iF_3}). Esta modificação se deve à estrutura do experimento instalado no campo.

Similarmente, foi obtida a média e a variância dos genótipos parentais (VP_1 e VP_2), avaliados como padrões no experimento. Assim:

$$\bar{F}_3 = m + 1/4 [h] + 1/16 [l] \quad e,$$

$$V_{TF_3} = 3/4 D + 3/16 H + E$$

Para predizer informações obtidas na geração F_3 e parentais, considerou-se as seguintes aproximações: $F_3 \approx m$ (admitindo que $1/4 (h)$ e $1/16 (l)$ são desprezíveis) e $V_{TF_3} = 3/4 D + E$ (admitindo que $3/16 H$ é desprezível).

Para calcular as predições genotípicas são requeridos:

$$E = 1/2 (V_{P1} + V_{P2}),$$

onde V_{P1} e V_{P2} são variâncias dos parentais envolvidos no cruzamento; obtém-se D assim:

$$D = 3/4 \left[2 V_{TF} - (V_{P1} + V_{P2}) \right]$$

Na realidade, utilizou-se um programa de computador (TOLEDO, 1991), para estimar D através do método dos quadrados mínimos ponderados.

Segundo as considerações teóricas, as proporções genotípicas esperadas foram obtidas assim a partir de valores tabelados correspondentes à razão:

$$= \frac{[\text{padrão}] - \bar{F}_3}{\sqrt{D}}$$

onde:

$\bar{F}_3$ = média do caráter estimado

Padrão = média do padrão escolhido

D = variância genética aditiva

Após obter estes valores, verifica-se numa tabela de t, a proporção esperada de genótipos em cada cruzamento para cada caráter, que serão inferiores ou superiores aos padrões escolhidos. O número de graus de liberdade é calculado diminuindo-se um do número de observações realizadas por progênie para o caráter em estudo.

As proporções genotípicas foram calculadas para os seguintes caracteres: número de dias para início do

florescimento (NDF); número de internódios no início do florescimento (NIF); número de dias para maturidade (NDM); altura da planta na maturidade (APM); produtividade de planta individual (PPI).

Foram considerados como padrões, o maior e o menor parental entre os 10 (dez) parentais e a média geral entre os 10 (dez) parentais. Neste estudo, os cálculos das proporções genotípicas foram realizados assim:

Proporção de linhagens puras mais tardias (>) que a cultivar SS-1 ; mais precoces (<) que a cultivar Santa Rosa; mais tardias ou precoces em relação à média dos dez parentais.

Padrões usados:

(a) número de dias para início do florescimento (NIF):

< Santa Rosa	:	37,3 dias
> SS - 1	:	51,3 dias
< média geral entre os dez parentais	:	45,9 dias

(b) número de internódios no início do florescimento (NDF):

< Santa Rosa	:	7,1 internódios
> SS - 1	:	10,3 internódios
> média geral entre os dez parentais	:	9,1 internódios

(c) número de dias para maturidade (NDM):

< Santa Rosa	:	89,6 dias
> SS - 1	:	106,1 dias
< média geral entre os dez parentais	:	100,7 dias

(d) altura da planta na maturidade (APM):

 < Santa Rosa : 31,6 cm

 > SS - 1 : 63,6 cm

 > média geral entre os dez parentais : 50,5 cm

(e) produtividade de plantas individuais (PPI):

 < Santa Rosa : 61,2 grs

 > SS - 1 : 15,3 grs

 > média geral entre os dez parentais : 10,9 grs

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de Médias e Variâncias

Os valores e respectivas significâncias dos quadrados médios das análises de variância em blocos casualizados para os caracteres número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) e produtividade de planta individual (PPI) são apresentados nas Tabelas 1 e 2. Todos os caracteres foram avaliados considerando a média das observações de plantas individuais avaliadas na parcela. Para todos os caracteres analisados são apresentados também os coeficientes de variação experimental.

Na análise de variância considerando o grupo dos 10 (dez) parentais (Tabela 1), os coeficientes de variação foram satisfatórios. Para os caracteres NDF e NDM os valores de CV foram abaixo dos 5%. Para NIF e APM os

valores foram aproximadamente de 10%, valores semelhantes foram observados por NASS (1989).

O caráter PPI mostrou CV acima de 40%, que apesar de ser um valor alto, é esperado uma vez que este caráter sofre grande variação com o ambiente. No inverno as variações ambientais são maiores que no verão. Conforme se observa no apêndice 4.

Na Tabela 2, observa-se que os CV obtidos para os 5 (cinco) caracteres, avaliados no grupo das progênes F₃ foram superiores aos obtidos no grupo das parentais. Para os caracteres NDM e NDF, os CV's foram próximos de 10%, para NIF e APM foram próximos de 20% e para PPI acima de 50%.

Comparando os valores dos Resíduos das Tabelas 1 e 2, pode-se observar que o grupo das progênes F₃ apresentam erro experimental superior ao grupo dos parentais para os cinco caracteres. Este fato é esperado uma vez que as progênes F₃ apresentam segregação genética obtida com o cruzamento. Os parentais apresentam apenas variação devido ao ambiente e a população não ser completamente homogênea.

Os quadrados médios para os genótipos parentais e progênes F₃ foram significativos ao nível de 1% pelo teste F, para todos os caracteres avaliados, significando que existem diferenças fenotípicas que podem estar associadas principalmente às diferenças genotípicas; estas observações também foram realizadas por NASS (1989).

As médias observadas e as variâncias dos parentais e das progênes F₃ (Tabela 3), mostram que existe

grande variabilidade nesse conjunto, evidenciando a possibilidade de seleção de cruzamentos potenciais para gerar linhagens superiores.

4.2. Parâmetros Genéticos

Os modelos genéticos foram ajustados, às médias e variâncias apresentados na Tabela 3 para os cinco (5) caracteres agronômicos. Os componentes de média estimados foram: m , $[d]$ e $[h]$, que são apresentados nas Tabelas 4 a 8.

O ajuste do modelo genético aditivo-dominante foi realizado apenas nos cruzamentos onde os valores de $[h]$ foram 0 (zero), assim, restou pelo menos um grau de liberdade para testar o modelo pelo teste χ^2 (conformidade).

Os componentes da variância fenotípica estimados foram: D e E ou E_1 e E_2 , apresentados nas Tabelas 9 a 18. A avaliação da qualidade do ajuste do modelo só foi possível nos cruzamentos em que restou 1 (um) grau de liberdade para o teste χ^2 (conformidade).

Os valores de H , variância dominante, não foram estimados porque pelo método dos quadrados mínimos ponderados, com três equações (P_1 , P_2 , F_3) pode-se estimar 2 (dois) parâmetros, no caso D e E . Mesmo porque para a predição do potencial genotípico admite-se que a porção dominante (H) assume valores desprezíveis que são anulados.

O modelo aditivo-dominante presume que os genes envolvidos são independentes entre si quanto à produção de seus efeitos, ou em outras palavras, que o efeito total de

todos os genes que afetam o caráter (ou pelo menos, o efeito total de todos aqueles genes que afetam as observações feitas) é a simples soma de seus efeitos individuais (MATHER & JINKS, 1982, 1984).

Neste estudo, quando foi possível testar o modelo, nota-se que ele foi estatisticamente adequado, fornecendo as melhores estimativas possíveis de todos os parâmetros necessários para explicar as diferenças entre as médias de progênies e, também, facilmente poderia ser estendido a situações mais complexas, desde que houvesse dados de mais gerações.

Segundo TOLEDO *et alii* (1989) e TOLEDO *et alii* (1991), com a utilização de poucas gerações, tem-se um número reduzido de graus de liberdade nas análises, reduzindo a sensibilidade de detecção de efeitos genéticos, no entanto, não há comprometimento dos resultados obtidos.

Outro parâmetro usado para mensurar a potencialidade dos cruzamentos é a proporção de genótipos desejáveis dentro de cada cruzamento.

Os resultados das proporções genotípicas esperadas, expressas em percentagens da distribuição de progênies F_{oo} de cada cruzamento para os cinco caracteres são apresentados nas Tabelas 19, 20 e 21. Estes resultados fornecem informações mais precisas dos cruzamentos que probabilisticamente obterão sucesso na seleção de linhagens superiores.

TOLEDO *et alii* (1991) compararam estudos das médias e variâncias das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , RC_1 e RC_2 ,

que são mais usuais, com um grupo mais restrito de gerações: P_1 , P_2 , F_2 , F_3 . O objetivo foi verificar se o grupo restrito forneciam resultados confiáveis. As gerações do grupo restrito são fáceis de obter em praticamente todas as espécies de autopolinização. Concluíram que para detectar e estimar efeitos genéticos aditivos, dominantes e efeitos de ambiente, o grupo restrito é adequado e fornece informações tão precisas quanto o outro grupo. E que o grupo restrito também permite detectar interações do tipo genótipos x ambientes e ligações gênicas.

4.2.1. Número de dias para florescimento (NDF)

A Tabela 3 mostra que o NDF variou de 37 dias (Santa Rosa e IAC-4) até 51 dias (IAC-6 e SS-1) entre os parentais. Os parentais apresentaram variâncias baixas para NDF, sugerindo que os mesmos estão em homozigose e que as populações de onde foram amostrados são homogêneas.

Observa-se que entre as médias das progênes F_3 , o NDF variou de 38 dias no cruzamento IAC-4 x Santa Rosa a 52 dias no cruzamento IAC-9 x SS-1, muito semelhante ao intervalo observado nos parentais. Os cruzamentos mais tardios foram IAC-6 x IAC-9 (50,5 dias), IAC-6 x IAC-11 (50,6 dias), IAC-6 x SS-1 (51,9 dias) e IAC-9 x SS-1 (52,4 dias). As respectivas variâncias foram de 2,10; 2,43; 1,30 e 11,29 (dias)². Os cruzamentos mais precoces foram IAC-4 x IAC-6 (39,6 dias) e IAC-4 x Santa Rosa (37,6 dias) e respectivas variâncias 13,3 e 1,3 (dias)².

É interessante observar que as maiores variâncias² obtidas para NDF (variância média de 94,51 dias² ou desvio médio de 9,7 dias) envolveram o parental SS-1, exceto no cruzamento IAC-6 x SS-1 que obteve uma variância de 1,7 dias², significando que pode ter havido uma similaridade entre os parentais SS-1 e IAC-6.

Os modelos genéticos ajustados a estas médias e variâncias são apresentados na Tabela 4.

Pode-se observar que a menor e a maior média ajustada obtida das progênes F₃ para NDF foram 37,48 dias (IAC-4 x Santa Rosa) e 51,33 dias (IAC-6 x SS-1) respectivamente, fornecendo uma amplitude aproximada de 14 dias. Estes valores informam a grande variabilidade existente entre os cruzamentos.

Observa-se efeito genético aditivo [d] significativo para quase todos os cruzamentos, confirmando a existência de variabilidade genética dentro dos cruzamentos. Apenas o cruzamento IAC-6 x SS-1 não apresentou efeito aditivo, significando que a soma dos d's de todos os genes que tendem a aumentar o fenótipo se anulam com os d's que tendem a diminuí-lo. Na realidade, [d] pequeno não quer dizer que há falta de variabilidade e sim que os genes podem estar dispersos nos parentais. Um valor grande de [d] indica associação de genes dos parentais e a presença de variabilidade. O efeito genético aditivo mede o afastamento da linhagem com maior expressão do caráter da média dos parentais (NATHER & JINKS, 1982).

Os cruzamentos que apresentam os maiores afastamentos [d] foram IAC-4 x IAC-6 (6,88 dias), IAC-4 x SS-1 (6,89 dias), IAC-6 x Santa Rosa (6,97 dias) e Santa Rosa x SS-1 (7,01 dias). Percebe-se que esses parentais apresentam uma grande variabilidade.

Efeito genético dominante [h] significativo foi observado em 41% dos cruzamentos, assumindo valores negativos e positivos. Observou-se dominância ambidirecional.

O fato de [h] > [d] como observado em todos os casos indicaria sobredominância, porém, segundo MATHER & JINKS (1982), não há razão de postular sobredominância de qualquer um dos genes envolvidos, uma vez que o excesso de [h] sobre [d] pode se dar meramente pelo fato dos d's dos vários genes se cancelarem em proporção maior do que os seus h's.

Nas Tabelas 9 e 10 observa-se a existência de variância genética aditiva (D) e interação genótipos x ambientes (E_1 e E_2), onde E_1 e E_2 correspondem respectivamente às variâncias devido o parental 1 e 2; na ausência de interação genótipos x ambientes, o efeito ambiental comum passa a ser E .

Os cruzamentos IAC-4 x Santa Rosa e IAC-6 x SS-1, não apresentaram variância genética aditiva, sendo que as diferenças fenotípicas observadas foram devido ao efeito do ambiente no cruzamento.

Observam-se desde valores elevados de variância genética aditiva, como no cruzamento entre IAC-9 x SS-1

(168,29 dias) até valores não significativo como no cruzamento Cristalina x IAC-11 (1,11 dias). Essa amplitude vem confirmar a existência de variabilidade genética de diferentes magnitudes entre os cruzamentos.

A existência dos parâmetros E_1 e E_2 (variâncias ambientais) foi observada em 50% dos cruzamentos (Tabela 9) demonstrando que o efeito ambiental sobre cada parental no cruzamento é significativo e diferenciado, fato indicativo da interação genótipos x ambientes (g x e); mesmo se tratando de um grupo de cultivares semi-tardios, foram observadas diferenças no NDF.

A Tabela 19 fornece os resultados das proporções genotípicas esperadas de progênes F_2 . De acordo com esta tabela, se o objetivo é selecionar cruzamentos mais precoces que o cultivar Santa Rosa (37 dias) deve-se optar em trabalhar com os cruzamentos IAC-4 x IAC-6 (56,44%), IAC-4 x SS-1 (54,46%) e IAC-11 x SS-1 (59,77%). Para materiais que sejam mais tardios que SS-1 (51 dias), os melhores cruzamentos foram Cristalina x SS-1 (85,20%), EMGOPA-301 x IAC-6 (64,51%), EMGOPA-301 x SS-1 (65,88%), IAC-4 x SS-1 (90,90%), IAC-5 x SS-1 (65,19%), IAC-6 x IAC-9 (68,62%), IAC-6 x IAC-11 (74,87%), IAC-8 x IAC-9 (84,42%), IAC-8 x SS-1 (92,59%), IAC-9 x SS-1 (93,44%) e Santa Rosa x SS-1 (96,71%).

Percebe-se que os parentais SS-1, Cristalina, EMGOPA-301, IAC-6 e IAC-9 apresentam um grande potencial para retardar o florescimento mesmo em cultivo de inverno.

A probabilidade acima de 50% de selecionar materiais que tenham o início do florescimento inferior à média dos parentais (43,89 dias) pode ser observado em 21 cruzamentos.

Para alcançarem níveis altos de produtividade em cultivos de inverno, as cultivares devem apresentar período juvenil longo, tolerância às baixas temperaturas e pouca exigência em água.

Nas revisões realizadas por NASS (1989), BONATO (1989) e HIROMOTO (1990), as influências de fatores ambientais sobre os genótipos de soja são muito pronunciadas nos genótipos mais tardios. Os genótipos mais tardios são os que oferecem melhores possibilidades para cultivo de inverno (plantio em fevereiro), principalmente devido ao menor efeito da temperatura sobre o desenvolvimento e a produtividade destes genótipos. O deslocamento da época de plantio tem como consequência o encurtamento do ciclo que pode limitar drasticamente a maioria dos genótipos de soja, atualmente disponíveis para o cultivo de inverno. Quanto ao período juvenil (número de dias entre a emergência da plântula e o começo do processo de indução do florescimento), a estratégia utilizada em programas de melhoramento tem sido a incorporação de genes para o período juvenil longo, de maneira a tornar possível que um mesmo genótipo seja superior e estável em suas características, em diferentes épocas de cultivo.

Como os parentais utilizados neste estudo,

apresentaram período juvenil acentuado, níveis altos de produtividade e divergência genética, foi possível detectar através dos componentes de médias e variâncias e proporções genotípicas F_{oo} , resultados satisfatórios para seleção de linhagens.

4.2.2. Número de internódios no florescimento (NIF)

A Tabela 3 mostra também que a média do NIF variou de 6,7 no parental IAC-4 a 10,4 no parental Cristalina. As variâncias dos parentais foram relativamente baixas, sugerindo que os mesmos estão em homozigose para o NIF, ou que as populações são homogêneas. Nas progênies F_3 , o NIF variou de 6,8 no cruzamento IAC-4 x Santa Rosa a 10,8 no cruzamento IAC-8 x IAC-9. Os cruzamentos com maiores valores de média para NIF foram aqueles formados pelos parentais IAC-6, IAC-8, IAC-9, IAC-11 e SS-1. As variâncias observadas tiveram uma amplitude de 0,7 (IAC-5 x Santa Rosa) a 7,4 (Cristalina x SS-1). Os maiores valores foram observados nos cruzamentos Cristalina x SS-1 (7,4), EMGOPA-301 x SS-1 (7,1), IAC-5 x SS-1 (6,8) e IAC-9 x SS-1 (7,1). Verifica-se que o parental SS-1 participou dos cruzamentos com maior variância para NIF, indicando que este genótipo pode contribuir com genes para aumentar o NIF dos cruzamentos. Esta mesma observação veio confirmar os resultados obtidos por NASS (1989) que trabalhou com a geração F_2 destes mesmos 44 cruzamentos.

As menores médias ajustadas (Tabela 5) dadas pelos

cruzamentos foram IAC-4 x IAC-5, IAC-4 x Santa Rosa, IAC-5 x IAC-6, IAC-5 x Santa Rosa, IAC-6 x Santa Rosa e IAC-9 x Santa Rosa que apresentaram valores próximos a 7 internódios. Os cruzamentos Cristalina x EMGOPA-301, Cristalina x IAC-6, Cristalina x IAC-8, Cristalina x IAC-9, Cristalina x IAC-11, EMGOPA-301 x SS-1, IAC-8 x IAC-9 e IAC-11 x SS-1 apresentaram uma média de 10 internódios.

De acordo com a Tabela 5, apenas o cruzamento IAC-8 x IAC-9 não apresentou efeito genético aditivo para NIF, todos os demais cruzamentos apresentaram valores que não foram muito expressivos variando entre 0,16 (Cristalina x IAC-8 e Cristalina x IAC-9) a 1,89 (IAC-4 x SS-1 e IAC-5 x SS-1). Uma amplitude estreita (1,7) pode ser explicada pelo fato dos componentes aditivos (d) dos vários genes se encontrarem dispersos nos parentais ou pelo fato da baixa variabilidade existente para este caráter, significando que os parentais são bem similares para este caráter.

Observa-se que 14 dos 44 cruzamentos apresentaram efeito genético dominante [h]. Apesar de assumir valores negativos e positivos, os genes dominantes são importantes para NIF.

Os valor extremo de variância genética aditiva observadas nas Tabelas 11 e 12 variam de até 5 internódios (D), valores estes que sugerem a existência de variabilidade genética que não pôde ser observada na Tabela 3.

Os cruzamentos Cristalina x IAC-9, IAC-4 x Santa

Rosa, IAC-6 x IAC-9, IAC-6 x IAC-11 e IAC-9 x IAC-11 não apresentaram variância aditiva para NIF, demonstrando com isto, pouco valor para efeito de seleção.

A presença de efeito ambiental sobre os cruzamentos é evidente; em 17 dos 44 cruzamentos, o efeito ambiental sobre cada parental é significativo (Tabela 11). Se existem E_1 e E_2 e são diferentes ($E_1 \neq E_2$) existe interação genótipos x ambientes. De acordo com a Tabela 19, os cruzamentos com proporções genotípicas acima do padrão SS-1 (10 internódios) foram Cristalina x IAC-5 (70,68%), Cristalina x IAC-6 (88,41%), Cristalina x IAC-11 (91,75%), Cristalina x SS-1 (94,28%), EMGOPA-301 x IAC-9 (70,68%), IAC-5 x SS-1 (85,20%), IAC-6 x IAC-8 (76,28%), IAC-6 x SS-1 (86,79%), IAC-8 x IAC-9 (72,07%), IAC-8 x IAC-11 (90,90%), IAC-8 x SS-1 (90,06%), IAC-9 x SS-1 (94,28%) e Santa Rosa x SS-1 (94,28%). Valores superiores à média geral do conjunto de parentais podem ser observados em 57% dos cruzamentos, indicando possibilidade de aumentar NIF na maioria dos cruzamentos.

4.2.3. Número de dias para maturidade (NDM)

A média e variância do caráter NDM nos parentais e nas progênes F_3 são apresentadas na Tabela 3.

Os parentais apresentaram maturidade média de 100,7 dias. Os parentais Santa Rosa e IAC-4 foram os mais precoces com 89,6 e 87,2 dias respectivamente; os mais tardios foram Cristalina (108,8 dias), IAC-8 (106,4

dias) e SS-1 (106,1 dias). Portanto há uma amplitude de aproximadamente 22 dias para os parentais atingirem a maturidade. Esta amplitude é de considerável importância prática, visto que se trata de um cultivo de inverno. Embora estejam no limite máximo de precocidade.

O NDM das progênes F_3 (100,3 dias) é semelhante ao NDM médio dos parentais. O cruzamento mais precoce foi IAC-4 x Santa Rosa (87,1 dias) e o mais tardio foi IAC-9 x SS-1 (111,5 dias), dando uma amplitude de 24,4 dias. NASS (1989) também observou que o cruzamento F_2 mais precoce foi IAC-4 x Santa Rosa (113,39 dias); porém em seu estudo, o mais tardio envolveu o parental Cristalina e neste estudou envolveu o parental SS-1. Porém, não há diferenças significativas entre os cruzamentos mais tardios envolvendo SS-1 e Cristalina.

As variâncias dos parentais foram relativamente altas para NDM, sugerindo que os mesmos podem não estar totalmente homozigotos ou as populações não são homogêneas, ou podem ter sido influenciadas pelo ambiente, para NDF. As variâncias dentro de progênes F_3 foram relativamente altas, variando de 22 (dias) F_2 (Cristalina x IAC-9) a 19,3 (dias) F_2 (IAC-9 x SS-1), sendo que a variância média dentro das progênes F_3 foi de aproximadamente 19,49 (dias) F_2 .

A variabilidade genética para NDM é observada na Tabela 6; existem valores significativos de efeitos genéticos aditivos. Neste caso, existem valores

relativamente satisfatórios para comprovar essa variabilidade. A m para NDM varia de 88 dias (IAC-4 x Santa Rosa) a 107 dias (Cristalina x IAC-8, Cristalina x SS-1).

A maioria dos efeitos genéticos dominantes são negativos e significativos (Tabela 6), indicando que o alelo dominante está presente no parental inferior.

Nas Tabelas 13 e 14, observa-se a existência de variabilidade genética aditiva em 82% dos cruzamentos; a interação genótipos x ambientes também é significativa. O cruzamento IAC-8 x SS-1 (na Tabela 14) alcançou a maior ² variância genética aditiva, com 485,17 (dias) ou cerca de 22 dias de desvio aditivo. Os demais cruzamentos com o parental 'SS-1' também mostraram valores altos de variância genética aditiva. Tais cruzamentos têm alto potencial para deixar segregantes transgressivos para NDM (com período juvenil longo).

De acordo com as probabilidades da Tabela 20, genótipos mais precoces que o cultivar Santa Rosa (89,6 dias) podem ser selecionados dos seguintes cruzamentos: Cristalina x IAC-4 (80,24%), IAC-4 x IAC-5 (80,63%), IAC-4 x IAC-6 (83,64%), IAC-4 x SS-1 (77,71%), IAC-11 x Santa Rosa (73,46) e IAC-11 x SS-1 (94,28%). A seleção de genótipos mais tardios que o cultivar SS-1 (106,1 dias), deve ser promissora nos cruzamentos: Cristalina x EMGOPA-301 (92,59%), Cristalina x IAC-6 (70,68), Cristalina x IAC-8 (90,06%), Cristalina x IAC-11 (89,23%), Cristalina x SS-1 (89,23%), EMGOPA-301 x IAC-6

(85,20%), EMGOPA-301 x IAC-9 (94,28%), IAC-5 x SS-1 (73,46%), IAC-8 x IAC-9 (95,92%), IAC-8 x SS-1 (90,06%), IAC-9 x SS-1 (76,99%) e Santa Rosa x SS-1 (86,79%). Ainda de acordo com a Tabela 20, os cruzamentos com plantas mais precoces que a média geral dos parentais foram: Cristalina x IAC-5 (76,99%), Cristalina x Santa Rosa (92,59%), EMGOPA-301 x IAC-11 (95,92%), EMGOPA-301 x Santa Rosa (94,28%), EMGOPA-301 x SS-1 (72,07%), IAC-4 x IAC-8 (76,99%) e IAC-8 x SS-1 (72,27%). Observa-se que existe um grande número de cruzamentos potenciais para seleção de plantas com valores desejados de NDM.

4.2.4. Altura da planta na maturidade (APM)

Os parentais apresentaram APM média de 50,37cm com variação de 29,2 cm (IAC-4) a 68,5cm (IAC-8) observados na Tabela 3.

As variâncias dos parentais foram altas, sugerindo que os mesmos podem ter sido influenciados pelo ambiente, ou então não estão totalmente homozigotos ou as populações não são homogêneas para os genes que controlam a APM.

As progênes F_3 apresentaram APM de 50,5 cm, semelhante à média dos parentais na maturidade. A APM das progênes variou de 28,5 cm (IAC-4 x Santa Rosa) a 64,9cm (IAC-5 x IAC-9), sendo as respectivas variâncias de 30,5 e 125,0 (cm)². Observou-se que os parentais IAC-4 e Santa Rosa apresentaram APM, NDM, NIF e NDF com as menores estimativas, mostrando que mantiveram a mesma tendência nas

suas progênies. O mesmo fato foi observado por NASS (1989) para geração F_2 . As maiores estimativas de NIF e APM podem ser observadas para IAC-8 e IAC-9. Uma amplitude de 36,4 cm, observada nestes resultados, relata a existência de variabilidade suficiente para a prática de seleção para APM.

Pela Tabela 7, o cruzamento entre IAC-8 x SS-1 foi o que obteve maior valor da média para APM (65.93 cm). O menor valor da média para APM coube ao cruzamento entre IAC-4 x Santa Rosa com valor equivalente a 29,90 cm. Apenas o cruzamento Cristalina x IAC -11 não mostrou efeito genético aditivo significativo.

Pode-se observar também que o componente dominante também é importante para este caráter, onde apenas 27% dos cruzamentos obtiveram estimativa igual a 0 (zero). Este fato não significa necessariamente que não há dominância para APM, pois dominâncias em direções opostas, podem cancelar-se no somatório dos seus efeitos (MATHER & JINKS, 1984). Foi observada dominância ambidirecional entre cruzamento. Este cancelamento não ocorre com componente da variância dominante (H); todavia, este foi considerado nulo no processo de predição adotado.

No presente caso, estimativas mostram que os componentes aditivo e de dominância são da mesma ordem de grandeza e, desde que [h] é significativamente positivo, os alelos que aumentam a altura final têm que ser mais frequentemente dominantes do que os alelos que a

diminuem.

Reunindo as informações obtidas pelos componentes de médias aos componentes de variância apresentados nas Tabelas 15 e 16, conclui-se que existe grande variabilidade genética entre os cruzamentos. Exceto os cruzamentos Cristalina x IAC-9, Cristalina x IAC-11, IAC-4 x Santa Rosa, IAC-6 x IAC-11, IAC-6 x SS-1 e IAC-8 x IAC-11, não mostraram variância genética aditiva.

Também são observados valores significativos de interação genótipos x ambientes para APM avaliada pela significância do efeito em cada parental envolvido no cruzamento (Tabelas 15 e 16).

A Tabela 20 fornece dados sobre a predição do potencial dos cruzamentos para selecção de plantas com APM superiores ao maior parental SS-1 (63,6cm). Destacaram-se os cruzamentos: Cristalina x IAC-8 (76,99%), EMGOPA-301 x IAC-8 (83,64%), EMGOPA-301 x SS-1 (92,59%), IAC-5 x SS-1 (86,79%), IAC-8 x IAC-9 (86,79%), IAC-8 x SS-1 (94,28%) e Santa Rosa x SS-1 (85,20%). Além disso plantas com APM superiores a média dos parentais (50,5 cm) podem ser seleccionadas em 16 cruzamentos.

4.2.5. Produtividade de planta individual (PPI)

Na Tabela 3 são apresentados os dados referentes à média e à variância para PPI dos parentais e das progênes F₃. A avaliação da produtividade foi realizada através do peso de grãos em plantas individuais (PPI) nas parcelas.

Os parentais produziram em média 10,8 g/planta, variando de 6,2 g/planta (Santa Rosa) a 15,3 g/planta (SS-1).

As variâncias obtidas para os parentais foram bastante altas, sugerindo que existe interação genótipos $\times$ ambientes e/ou que os mesmos não atingiram homozigose para PPI ou as populações não são homogêneas para PPI. A interação genótipos $\times$ ambientes foi detectada em 79,5% dos cruzamentos (Tabela 17). Este fato era esperado, uma vez que PPI é um caráter quantitativo e como tal é bastante influenciado pelo ambiente.

A PPI média das progênes F_3 foi de 10,82 g/planta, semelhante à média do conjunto de parentais. A produtividade das progênes variou de 6 g/planta no cruzamento IAC-4 $\times$ Santa Rosa a 15,5 g/planta no cruzamento Santa Rosa $\times$ SS-1. Entre as progênes F_3 , 20 apresentaram média superior ao conjunto dos parentais, sendo que nenhuma progênie apresentou resultado superior ao parental mais produtivo (SS-1).

Os componentes de média do caráter PPI para os 44 cruzamentos estão mostrados na Tabela 8. Observam-se efeitos aditivos significativos para 88,6% dos cruzamentos; além disso, 18 dos 44 cruzamentos mostraram efeitos dominantes significativos.

A média genotípica ($\hat{\mu}$) da PPI variou de 6,4 g/planta no cruzamento IAC-5 $\times$ Santa Rosa a 14,94 g/planta observada no cruzamento entre Cristalina $\times$ SS-1.

É interessante observar nas Tabelas 17 e 18 é que mais de 50% dos cruzamentos não apresentaram variância genética aditiva para PPI. A interação genótipos x ambientes também foi significativa para 79,5% dos cruzamentos envolvidos no experimento (Tabela 17). O caráter PPI apresenta herdabilidade (h^2) muito baixa e, por esta razão, o experimento precisaria ter número maior de repetições para permitir a detecção de variância genética aditiva. Neste caso, seria interessante aumentar o número de graus de liberdade da análise de variância, que pode ser obtido modificando-se o delineamento experimental de blocos casualizados para o delineamento inteiramente casualizados com maior número de repetições.

Os cruzamentos apresentando variância genética aditiva significativa, (7,14 a 126,50 (g/planta) 2) têm potencial para seleção de plantas superiores em PPI.

Segundo CARNIELLI (1989) é viável o emprego de parcelas em forma de covas em experimentos de melhoramento de soja, quando for necessária a avaliação de grandes quantidades de genótipos com limitações de semente e área experimental. As parcelas em forma de covas são também utilizados por TOLEDO (1987) e VELLO (1991).

Com relação às proporções esperadas de genótipos (Tabela 20) superiores ao melhor parental (SS-1 - 15,3 g/planta), os seguintes cruzamentos destacaram-se: Cristalina x IAC-6 (98,18%), Cristalina x SS-1 (86,79%), EMGOPA-301 x IAC-8 (73,46%), EMGOPA-301 x SS-1

(85,99%), IAC-8 x IAC-9 (98,18%), IAC-8 x IAC-11
(83,64%), IAC-8 x SS-1 (98,18%), IAC-9 x SS-1 (73,46%) e
Santa Rosa x SS-1 (98,18%).

5. CONCLUSÕES

A interpretação dos resultados do estudo realizado permite concluir que:

- 1) Os parentais apresentam variabilidade genética suficiente que permite antever a obtenção de sucesso no desenvolvimento de novas cultivares.
- 2) Entre os cruzamentos e os cinco caracteres avaliados houve uma variação muito grande quanto aos resultados, sugerindo que os parentais possuem características complementares.
- 3) Com base nos componentes de médias e de variâncias, os parentais e os cruzamentos dos quais eles participaram apresentaram variação em todos caracteres, demonstrando grande potencial para seleção, objetivando o desenvolvimento de genótipos para o cultivo de inverno ou em baixas latitudes.
- 4) Para avaliar PPI faz-se necessário um número maior de repetições, uma vez que este caráter é muito influenciado pelo ambiente.

- 5) Apenas com poucas gerações (P_1 , P_2 e F_3) é possível fazer uma análise precoce dos cruzamentos, com resultados satisfatórios para seleção de genótipos.
- 6) O uso de predição da proporção genotípica de linhagens com características desejáveis, dentro de cada cruzamento, é uma maneira eficiente e prática para discriminar cruzamentos.
- 7) A metodologia do Teste de Progênie F_3 apresentada por TOLEDO (1987), aplicado ao melhoramento da cultura da soja, oferece boas possibilidades de sucesso para a discriminação de cruzamentos e é de fácil e prática utilização.
- 8) Os cruzamentos com maior potencial genético para seleção de linhagens superiores para cultivo de inverno foram:
Cristalina x SS-1, EMGOPA-301 x SS-1, IAC-8 x IAC-9,
IAC-8 x SS-1, IAC-9 x SS-1, Santa Rosa x SS-1.

BIBLIOGRAFIA

BONATO, E. R. Herança do tempo para o florescimento e para a maturidade em variantes naturais de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, 1989. 166 p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

BONATO, E. R. & BONATO, A. L. V. A soja no Brasil: história e estatística. Londrina, EMBRAPA-CNPSO, 1987. 61p. (Documento, 21).

BONATO, E. R. & DALL'AGNOLL, A. Soybean in Brazil - Production and research. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH Conference, 3., Ames, 1984. **Proceedings**. Boulder, Westview, 1985. p.1248-56.

CARNIELLI, A. Representabilidade de parcelas com tamanho reduzido para avaliação de caracteres agronômicos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, 1989. 135p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" / USP).

CAVALLI, L. L. An analysis of linkage in quantitative inheritance. In: **Quantitative Inheritance**. E.C.R. Reeve and C.H. Waddington, eds. HMSO, London, 1952. p. 135-144.

DESTRO, D. **Teste de geração precoce na seleção de linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1983. 11p. ("Magister Scientiae" - Universidade Federal de Viçosa)

ESCOLA SUPERIOR DE AGRICULTURA "LUIZ DE QUEIROZ". Departamento de Física e Meteorologia. Dados meteorológicos de Piracicaba. Piracicaba, 1989.

FEHR, W. R. Breeding. In: NORMAN, A. G., ed. **Soybean physiology, agronomy and utilization**. New York, Academic Press, 1978. p. 120-155.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**, v.1, Macmillan Publishing Company, N.Y., 1986. 536p.

HAYMAN, B. I. Maximum likelihood estimation of genetic components of variation. **Biometrics**, Stuttgart, 16:369-381.

HIROMOTO, D. M. **Parentais exóticos como fonte de genes para precocidade e produtividade da soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Piracicaba, 1990. 110p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

HIROMOTO, D. M. & VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 9:295-

306, 1986.

JINKS, J. L. & PERKINS, J. M. Predicting the properties of recombinant inbred lines. *Heredity*, Edinburgh, **28**:299-303, 1972.

JINKS, J.L. & POONI, H. S. Predicting the properties of pure breeding lines extractable from a cross in the presence of linkage. *Heredity*, Edinburgh, **49**:265-270. 1982.

JINKS, J.L. & POONI, H.S. Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent. *Heredity*, Edinburgh, **36**:253-266, 1976.

JINKS, J.L. & POONI, H.S. Comparing prediction of mean performance and environmental sensitivity of recombinant inbred lines based upon F_3 and triple test cross families. *Heredity*, Edinburgh, **45**:305-312, 1980.

KEIM, M.; BEAVIS, W.; SHUPP, J. & FREESTONE, R. Evaluation of soybean RFLP marker diversity adapted germoplasm. Departament of Biology, Northern Arizona University, Flagstaff Az 860011-5640, 1992, 26 p.(no prelo)

LEFFEL, R. C. & HANSON, W. D. Early generation testing of diallel crosses of soybeans. *Crop Science*, Madison, **1**(3):169-174, 1961.

MATHER, K. & JINKS, J. L. *Biometrical genetics*. 3rd.

ed. n. Chapman and Hall, London, 1982. 396p.

MATHER, K. and JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica.** Ribeirão Preto. Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 249p.

NASS, L. L. **Potencialidade de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) para cultivo de inverno avaliado por cruzamentos dialélicos.** Piracicaba, 1989. 122p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - USP).

OLIVEIRA, A. B. **Estimativas de herdabilidade e de correlações em linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) derivadas pelo teste de geração precoce.** Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1983. 98p. ("Magister Scientiae" - Universidade Federal de Viçosa).

OLIVEIRA, A. B.; SEDIYAMA T.; SEDIYAMA C.S.; REIS, M.S. & SILVA, J.S. **Avaliação do teste de geração precoce no desenvolvimento de genótipos de soja com características agronômicas específicas.** **Revista Ceres.** Viçosa, **34** (196):598-618, 1987.

POONI, H. S. & JINKS, J. L. **Predicting the properties of recombinant inbred lines derived by single seed descent for two or more characters simultaneously.** **Heredity,** Edinburgh, **40**:349-361, 1978.

- POONI, H. S.; JINKS, J. L. & CORNISH, M. A. The causes and consequences of non-normality in predicting the properties of recombinant inbred lines. **Heredity**, Edinburgh, **38**:329-338, 1977.
- POONI, H. S.; JINKS, J. L. & POONI, G. S. A general method for the detection and estimation of additive, dominance and epistatic variation for metrical traits. **Heredity**, Edinburgh, **44**:177-192, 1980.
- QUARTELY BULLETIN OF STATISTICS 1989 FAO. Rome, **4**:49 ,1989.
- RAO, R. C. **Advanced Statistical Methods in Biometric Reserch**. John Wiley and Sons. 1952. 390p.
- SHIMOYA, A. Comportamento de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) nas gerações F9 e F10, selecionados pelo método do teste de geração precoce. Viçosa, M.G., 1987. 132p. ("Magister Scientiae - Universidade Federal de Viçosa).
- SNEDECOR, G. W. & COCHRAN W. G. **Statistical Methods**. Ames, Iowa, USA. 7a. edição. 1980. 507p.
- THOMAS, W.T.B., TAPSELL, C.R. & POWELL, W. The application of cross prediction in spring barley breeding. In: Proc. VI MEETING OF EUCARPIA SECTION, BIOMETRICS IN PLANT BREEDING, Birmingham, U.K. p.89-90. 1986.
- TOLEDO, J.F.F. de. Predicting the inbreeding and the

outcrossing potential of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) varieties. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, 10:543-558, 1987.

TOLEDO, J.F.F. Genética quantitativa das características de interesse para o melhoramento de soja - previsão e exploração do potencial genético de cruzamentos de soja. In: **RESULTADOS DE PESQUISA DE SOJA 1987/88**. Londrina, 1988. 407p. (EMBRAPA-CNPSO - Documentos, 36).

TOLEDO, J.F.F. Quantitative genetics in soybean breeding. In: IV CONFERENCIA MUNDIAL DE INVESTIGACION IN SOJA, Buenos Aires, 1989. p.909-914.

TOLEDO, J.F.F. Programa de computador para estimar parâmetros genéticos, componentes de médias e variâncias, pelo método dos quadrados mínimos ponderados. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, 26:1023-39, 1991.

TOLEDO, J.F.F. & KIIHL, R.A.S. Genética quantitativa das características de interesse para o melhoramento de soja - Avaliação de potencial genético de cruzamentos de soja. In: **RESULTADOS DE PESQUISA DE SOJA 1988/89**. Londrina, PR, 1989. p.224-31.

TOLEDO, J. F. F. de, POONI, H. S. & JINKS, J. L. Predicting the transgressive potentials of *Nicotiana rustica* crosses for superior recombinant inbreds and second cycle

- hybrids. **Proceedings of the Fifth Meeting of the Biometrics Section of Eucarpia**, Hohenheim, Stuttgart. 1984. p.151-166.
- TOLEDO, J. J. F.; ROSSINI, M. C.; SOUZA R. F. & LEÃO, F. F. Genetical analysis of a soybean biparental cross and comparative model fitting to means and variances of two sets of generations. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, 14:1041-64, 1991.
- VELLO, N. A.; HIROMOTO, D. M.; AZEVEDO FILHO, A. J. B. V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira Genética**, Ribeirão Preto, 11:679-97, 1988.
- VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ/USP. In: CÂMARA, G. M. S., ed. **Simpósio sobre a cultura e produtividade da soja**. Piracicaba, FEALQ, 1991. 27p. (no prelo).
- WEISS, M. G.; WEBER, C. R. & KALTON, R. R. Early generation testing in soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, 39(9):791-811, 1947.
- WILLIAMS, J.G.K.; KUBELIK, A.R.; LIVAK, K.J.; RAFALSKI, J.A. & TINGEY, S.V. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. **Nucleic Acids Research**, Wilmington, 18(22):6531-35, 1990.

TABELAS

Tabela 1 - Análise de variância do número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APH) e produtividade de planta individual (PPI) dos 10 (dez) parentais. Soja semi-tardia, dialelo 10 x 10, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

FONTES DE VARIÇÃO	GL	CARACTERES				
		NDF	NIF	NDM	APH	PPI
		QUADRADOS MÉDIOS (QM)				
		**	**	**	**	**
Blocos	5	15,53	23,16	87,67	3363,87	569,31
Genótipos	9	1931,98**	145,39**	4541,29**	11389,79**	926,68**
Blocos x genótipos	45	3,044**	2,45**	181,84**	393,97**	85,08**
Resíduo	655	1,73	1,16	11,96	46,82	27,41
Unidade		dias	n	dias	cm	g/planta
Média Geral		45,88	9,14	100,63	50,37	10,84
CV%		2,86	11,81	3,44	13,59	48,29

** = significativo ao nível de probabilidade de 1% pelo teste "F"

Tabela 2 - Análise de variância do número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) e produtividade de planta individual (PPI) das 44 (quarenta e quatro) progênies F₃. Soja semi-tardia, dialelo 10 x 10, Piracicaba, semeadura em 07.02.1999

FONTES DE VARIÇÃO	GL	CARACTERES				
		NDF	NIF	NDM	APM	PPI
		QUADRADOS MÉDIOS (QM)				
Blocos	5	70,94**	91,66**	216,84**	12674,23**	1528,39**
Genótipos	43	1054,76**	70,41**	2771,09**	5441,08**	507,58**
Blocos x genótipos	214	29,544	3,56	115,85	288,59	73,83
Resíduo	2844	26,34	2,83	70,49	123,49	38,61
Unidade		dias	n	dias	cm	g/planta
Média Geral		45,86	9,27	100,35	50,52	10,82
CV%		11,20	18,13	8,37	21,99	57,40

** = significativo ao nível de probabilidade de 1% pelo teste "F"

Tabela 3 - Médias e variâncias fenótípicas (60 plantas = 6 repetições x 10 plantas/parcela) dos parentais e de cruzamentos F para os caracteres NDF, NIF, NDM, APM e PPI. Soja semi-tardia, dialelo 10 x 10, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

GENÓTIPOS		NDF		NIF		NDM		APM		PPI	
		variân-		variân-		variân-		variân-		variân-	
		média	cia	média	cia	média	cia	média	cia	média	cia
		(dias)		(n)	(dias)		(cm)			(g/planta)	
Cristalina	(1)	47,6	1,5	10,4	1,3	108,8	4,7	53,9	15,4	15,2	54,2
EMGOPA-301	(2)	46,5	2,0	8,7	1,0	101,4	6,3	51,1	58,8	8,9	26,6
IAC-4	(3)	37,6	1,6	6,7	0,8	87,2	7,4	29,2	39,9	6,7	10,4
IAC-5	(4)	42,1	0,9	7,9	1,2	91,8	23,1	46,7	58,5	6,3	8,6
IAC-6	(5)	51,3	2,0	9,9	1,3	104,8	26,1	59,2	32,5	11,8	38,4
IAC-8	(6)	49,9	3,3	10,0	1,1	106,4	11,1	68,5	92,6	14,1	18,7
IAC-9	(7)	48,5	1,0	10,0	1,3	104,8	6,5	48,9	35,5	11,9	26,6
IAC-11	(8)	46,8	2,6	10,0	1,5	105,7	17,1	53,6	56,9	12,2	31,2
Santa Rosa	(9)	37,3	0,9	7,1	0,6	89,6	10,2	30,6	16,7	6,2	10,4
SS-1	(10)	51,3	1,7	10,3	1,5	106,1	7,9	63,6	64,9	15,3	47,3
1 x 2		48,5	20,5	9,6	2,3	106,9	62,4	57,2	96,9	14,3	48,9
1 x 3		40,9	13,4	8,2	1,7	96,4	40,9	40,8	55,7	10,5	27,8
1 x 4		44,2	18,3	8,5	2,1	99,1	43,1	48,1	83,4	8,7	22,8
1 x 5		48,8	6,9	9,9	1,8	107,5	25,1	50,0	43,1	12,6	44,3
1 x 6		48,3	8,7	10,3	1,9	106,5	16,2	62,1	80,4	15,2	49,0
1 x 7		48,3	5,6	10,3	1,1	108,7	5,0	51,8	31,6	15,0	42,4
1 x 8		48,9	2,9	10,2	1,6	105,7	18,0	55,3	43,6	13,7	41,2
1 x 9		42,1	17,1	9,0	4,0	99,7	89,9	49,8	95,9	12,2	43,9
1 x 10		49,2	103,1	10,1	7,4	108,3	238,1	56,2	255,6	13,9	101,8
2 x 3		40,7	12,2	7,7	1,9	94,5	29,3	41,3	69,1	8,8	27,3
2 x 5		49,1	18,2	9,7	2,9	104,7	60,4	57,5	125,2	11,7	43,2
2 x 6		48,0	10,8	9,8	1,3	103,8	22,4	62,6	95,7	14,0	33,9
2 x 7		48,9	16,6	9,8	2,5	106,6	53,8	50,1	143,8	10,6	37,4
2 x 8		46,0	16,4	9,5	1,9	101,1	53,6	51,8	92,9	10,7	38,4
2 x 9		42,5	12,3	8,4	1,7	97,9	39,5	42,9	80,7	8,9	22,5
2 x 10		50,1	93,9	10,3	7,1	106,6	238,3	61,8	313,6	14,2	65,3
3 x 4		40,2	7,3	7,6	1,7	90,2	20,0	39,5	85,7	6,4	7,2
3 x 5		39,6	13,3	7,5	2,7	90,7	38,9	35,3	118,2	7,5	17,3
3 x 6		44,5	18,6	8,7	1,8	97,8	90,8	48,4	111,2	9,9	37,1
3 x 7		43,2	18,3	8,8	3,0	96,6	55,8	39,5	90,6	9,7	31,3
3 x 8		42,0	16,4	8,6	2,5	93,4	39,8	40,0	78,6	8,3	16,2
3 x 9		37,6	1,3	6,8	0,9	87,1	7,8	28,5	30,5	6,0	11,4
3 x 10		42,7	58,3	8,8	5,5	93,2	131,8	40,8	216,6	10,1	57,8
4 x 5		46,7	18,7	9,4	2,3	98,5	34,0	54,8	162,7	7,8	14,9
4 x 6		45,7	11,8	9,0	1,6	97,4	46,2	57,1	197,7	9,7	19,0

Continua

Tabela 3 - Médias e variâncias fenotípicas (60 plantas = 6 repetições x 10 plantas/parcela) dos parentais e de cruzamentos F₃ para os caracteres NDF, NIF, NDM, APM e PPI. Soja semi-tardia dialelo 10 x 10, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989. (Continuação).

GENÓTIPOS	NDF		NIF		NDM		APM		PPI	
	média (dias)	variân- cia	média (n)	variân- cia	média (dias)	variân- cia	média (cm)	variân- cia	média (g/planta)	variân- cia
4 x 7	46,3	28,2	9,5	3,9	98,1	46,9	54,9	186,3	10,4	30,4
4 x 8	44,1	16,0	9,2	2,8	95,7	62,3	55,6	108,8	9,6	18,6
4 x 9	42,3	1,8	8,1	0,7	93,2	17,1	47,7	60,7	6,7	9,2
4 x 10	46,7	75,1	9,8	6,8	100,7	214,1	60,2	348,1	11,2	50,5
5 x 6	49,3	10,6	10,0	2,0	104,0	14,1	58,8	74,2	10,5	34,9
5 x 7	50,5	4,4	10,6	1,3	108,5	38,8	53,6	61,0	11,1	38,7
5 x 8	50,6	5,9	10,0	1,4	103,4	18,9	53,3	43,4	9,0	39,4
5 x 9	43,3	18,3	8,7	2,0	94,5	59,5	45,4	140,7	9,1	25,8
5 x 10	51,9	1,7	10,4	1,7	105,7	11,8	57,8	45,3	10,8	25,8
6 x 7	50,5	14,9	10,8	2,7	105,9	24,1	64,9	125,0	15,4	54,1
6 x 8	47,1	11,7	10,2	2,0	102,9	10,7	58,7	88,0	14,0	64,0
6 x 9	41,0	12,3	7,8	2,2	93,0	31,7	41,6	150,7	9,0	23,3
6 x 10	50,2	108,2	10,6	6,1	108,5	373,2	64,7	369,4	15,4	109,8
7 x 8	47,5	4,0	9,7	1,3	101,9	9,5	49,7	49,7	11,1	22,3
7 x 9	42,9	18,6	8,8	3,7	96,8	59,2	39,8	81,3	8,9	29,5
7 x 10	52,4	127,6	10,5	7,1	111,5	291,4	54,2	213,1	13,2	65,9
8 x 9	40,77	14,6	8,0	2,7	91,8	52,8	38,5	99,9	7,0	16,2
8 x 10	43,9	44,9	8,8	5,0	94,3	61,6	45,7	173,0	9,2	43,6
9 x 10	51,8	116,0	10,5	6,4	108,9	253,8	60,9	225,2	15,5	123,7

Tabela 4 - Número de dias para florescimento (NDF). Componentes de médias ($\bar{m}$ = média do genótipo; d = componente genético aditivo; h = componente genético dominante). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	$\bar{m}$	d	h	χ^2	GL	Prob
1 x 2	47,08 ± 0,12	0,55 ± 0,12	5,56 ± 2,25			
1 x 3	42,59 ± 0,11	5,04 ± 0,11	-6,63 ± 1,87			
1 x 4	44,83 ± 0,09	2,77 ± 0,09	-	1,48	1	0,22
1 x 5	49,39 ± 0,11	1,83 ± 0,12	-	3,26	1	0,07
1 x 6	48,69 ± 0,13	1,10 ± 0,14	-	1,13	1	0,29
1 x 7	48,10 ± 0,91	0,44 ± 0,96	-	0,72	1	0,40
1 x 8	47,23 ± 0,12	0,40 ± 0,12	6,85 ± 0,99			
1 x 9	42,46 ± 0,10	5,15 ± 0,10	-	0,49	1	0,48
1 x 10	49,48 ± 0,11	1,86 ± 0,11	-	0,04	1	0,84
2 x 3	42,04 ± 0,12	4,49 ± 0,12	-5,30 ± 1,86			
2 x 5	48,93 ± 0,12	2,39 ± 0,13	-	0,15	1	0,70
2 x 6	47,79 ± 0,14	1,25 ± 0,15	-	0,38	1	0,54
2 x 7	47,53 ± 0,11	1,00 ± 0,11	5,61 ± 2,05			
2 x 8	46,60 ± 0,13	0,15 ± 0,13	-2,84 ± 2,05			
2 x 9	41,96 ± 0,10	4,61 ± 0,10	-	2,00	1	0,16
2 x 10	48,94 ± 0,12	2,41 ± 0,12	-	0,93	1	0,33
3 x 4	39,84 ± 0,09	2,25 ± 0,09	-	1,54	1	0,21
3 x 5	44,43 ± 0,12	6,88 ± 0,12	9,15 ± 1,79			
3 x 6	43,77 ± 0,14	6,18 ± 0,14	-	2,15	1	0,14
3 x 7	43,04 ± 0,10	5,49 ± 0,10	-	0,10	1	0,75
3 x 8	42,18 ± 0,12	4,64 ± 0,12	-	0,19	1	0,66
3 x 9	37,48 ± 0,79	0,12 ± 0,10	-	0,62	1	0,43
3 x 10	44,42 ± 0,11	6,89 ± 0,11	-	3,68	1	0,06
4 x 5	46,69 ± 0,10	4,62 ± 0,11	-	0,0003	1	0,99
4 x 6	45,95 ± 0,13	3,89 ± 0,13	-	0,28	1	0,59
4 x 7	45,31 ± 0,08	3,23 ± 0,08	-	2,01	1	0,16
4 x 8	44,43 ± 0,11	2,37 ± 0,11	-	0,54	1	0,46
4 x 9	39,70 ± 0,08	2,37 ± 0,08	10,36 ± 0,72			
4 x 10	46,71 ± 0,09	4,64 ± 0,09	-	0,0007	1	0,98
5 x 6	50,59 ± 0,10	0,72 ± 0,10	-5,35 ± 1,80			
5 x 7	49,92 ± 0,11	1,39 ± 0,11	2,27 ± 1,14			
5 x 8	49,07 ± 0,13	2,24 ± 0,13	6,01 ± 1,35			
5 x 9	44,28 ± 0,10	6,97 ± 0,11	-	3,29	1	0,07
5 x 10	51,33 ± 0,12		2,13 ± 0,62	0,02	1	0,89

Continua

Tabela 4 - Número de dias para florescimento (NDF). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; d = componente genético aditivo; h = componente genético dominante). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989. (Continuação).

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	d [d]	h [h]	χ^2	GL	Prob
6 x 7	49,20 $\pm$ 0,13		5,17 $\pm$ 2,02	2,03	1	0,16
6 x 8	48,36 $\pm$ 0,16	1,52 $\pm$ 0,16	-4,94 $\pm$ 1,86			
6 x 9	43,60 $\pm$ 0,13	6,27 $\pm$ 0,13	-10,29 $\pm$ 1,87			
6 x 10	50,60 $\pm$ 0,14	0,74 $\pm$ 0,14	-	0,12	1	0,73
7 x 8	47,64 $\pm$ 0,10	0,86 $\pm$ 0,11	-	0,62	1	0,43
7 x 9	42,93 $\pm$ 0,08	5,60 $\pm$ 0,08	-	0,001	1	0,99
7 x 10	49,95 $\pm$ 0,10	1,41 $\pm$ 0,10	-	2,92	1	0,09
8 x 9	42,08 $\pm$ 0,12	4,75 $\pm$ 0,12	-5,24 $\pm$ 1,96			
8 x 10	49,09 $\pm$ 0,13	2,25 $\pm$ 0,13	-20,82 $\pm$ 3,41			
9 x 10	44,34 $\pm$ 0,10	7,01 $\pm$ 0,10	29,88 $\pm$ 5,77			

Tabela 5 - Número de Internódios no Florescimento (NIF). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; d = componente genético aditivo; h = componente genético dominante). Teste X para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos f, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	d	h	$\bar{A}$ X	GL	Prob.
1 x 2	9,56 ± 0,08	0,83 ± 0,09	-	0,21	1	0,64
1 x 3	8,56 ± 0,09	1,82 ± 0,09	-1,33 ± 0,35			
1 x 4	9,15 ± 0,10	1,23 ± 0,10	-2,40 ± 0,81			
1 x 5	10,10 ± 0,09	0,22 ± 0,10	-	1,21	1	0,26
1 x 6	10,23 ± 0,08	0,16 ± 0,10	-	0,13	1	0,72
1 x 7	10,23 ± 0,08	0,16 ± 0,09	-	0,05	1	0,82
1 x 8	10,21 ± 0,09	0,19 ± 0,10	-	0,10	1	0,75
1 x 9	8,72 ± 0,08	1,65 ± 0,08	-5,44 ± 0,34			
1 x 10	7,73 ± 0,08	0,99 ± 0,08	0,06 ± 0,78			
2 x 3	7,73 ± 0,07	0,99 ± 0,08	-	0,007	1	0,94
2 x 5	9,39 ± 0,09	0,63 ± 0,09	-	2,56	1	0,11
2 x 6	9,38 ± 0,09	1,33 ± 0,09	1,58 ± 0,72			
2 x 7	9,38 ± 0,09	0,67 ± 0,09	4,20 ± 0,86			
2 x 8	9,38 ± 0,08	0,65 ± 0,10	-	0,35	1	0,55
2 x 9	7,89 ± 0,08	0,82 ± 0,08	1,91 ± 0,71			
2 x 10	9,66 ± 0,09	0,91 ± 0,09	-	3,52	1	0,06
3 x 4	7,39 ± 0,08	0,60 ± 0,09	-	2,25	1	0,13
3 x 5	8,34 ± 0,09	1,60 ± 0,09	-3,34 ± 0,87			
3 x 6	8,45 ± 0,77	1,67 ± 0,09	-	2,02	1	0,16
3 x 7	8,39 ± 0,09	1,66 ± 0,09	1,80 ± 0,90			
3 x 8	8,42 ± 0,08	1,65 ± 0,09	-	1,29	1	0,26
3 x 9	6,88 ± 0,06	0,17 ± 0,07	-	0,39	1	0,53
3 x 10	8,64 ± 0,09	1,89 ± 0,09	-	0,21	1	0,65
4 x 5	7,33 ± 0,09	0,59 ± 0,09	10,45 ± 0,68			
4 x 6	8,39 ± 0,09	1,65 ± 0,09	2,31 ± 0,73			
4 x 7	8,40 ± 0,09	1,66 ± 0,09	4,33 ± 1,05			
4 x 8	8,37 ± 0,09	1,63 ± 0,09	3,27 ± 0,91			
4 x 9	7,49 ± 0,08	0,42 ± 0,08	2,50 ± 0,53			
4 x 10	8,63 ± 0,09	1,89 ± 0,09	4,73 ± 1,37			
5 x 6	8,34 ± 0,09	1,60 ± 0,09	6,69 ± 0,77			
5 x 7	8,40 ± 0,09	1,66 ± 0,09	8,87 ± 0,67			
5 x 8	8,37 ± 0,09	1,63 ± 0,09	6,58 ± 0,71			
5 x 9	6,91 ± 0,07	0,17 ± 0,07	7,01 ± 0,76			
5 x 10	8,63 ± 0,09	1,89 ± 0,09	6,99 ± 0,73			

Tabela 5 - Número de Internódios no Florescimento (NIF). Componentes de médias ($\bar{m}$ = média do genótipo; d = componente genético aditivo; h = componente genético dominante). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989. (Continuação)

CRUZAMENTOS	$\bar{m}$	d	h	χ^2	GL	Prob.
6 x 7	10,05 ± 0,10	-	3,11 ± 0,90	0,001	1	0,98
6 x 8	8,39 ± 0,09	1,65 ± 0,09	6,43 ± 0,46			
6 x 9	8,56 ± 0,08	1,49 ± 0,08	-3,19 ± 0,48			
6 x 10	8,63 ± 0,09	1,89 ± 0,09	7,80 ± 1,27			
7 x 8	8,40 ± 0,09	1,66 ± 0,09	5,40 ± 0,67			
7 x 9	6,91 ± 0,07	0,17 ± 0,07	7,58 ± 1,07			
7 x 10	8,63 ± 0,09	1,89 ± 0,09	7,65 ± 1,42			
8 x 9	8,54 ± 0,09	1,47 ± 0,09	-2,14 ± 0,89			
8 x 10	10,26 ± 0,10	0,26 ± 0,10	-5,67 ± 1,20			
9 x 10	8,79 ± 0,09	1,72 ± 0,09	6,64 ± 1,38			

tabela 6 - Número de dias para maturidade (NOM). Componentes de médias ($\hat{m}$ = média do genótipo; $\hat{d}$ = componente genético aditivo; $\hat{h}$ = componente genético dominante). teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos
F, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989.
3

CRUZAMENTOS	$\hat{m}$	$\hat{d}$	$\hat{h}$	χ^2	GL	Prob.
1 x 2	105,20 $\pm$ 0,20	3,67 $\pm$ 0,20	-	3,16	1	0,08
1 x 3	98,02 $\pm$ 0,21	10,79 $\pm$ 0,21	-6,61 $\pm$ 3,29			
1 x 4	100,13 $\pm$ 0,30	8,62 $\pm$ 0,31	-	1,82	1	0,18
1 x 5	106,96 $\pm$ 0,30	1,89 $\pm$ 0,33	-	0,98	1	0,32
1 x 6	107,60 $\pm$ 0,26	1,21 $\pm$ 0,26	-4,42 $\pm$ 2,19			
1 x 7	106,80 $\pm$ 0,20	2,01 $\pm$ 0,20	7,43 $\pm$ 1,34			
1 x 8	107,23 $\pm$ 0,29	1,57 $\pm$ 0,29	-6,32 $\pm$ 1,26			
1 x 9	99,24 $\pm$ 0,23	9,50 $\pm$ 0,24	-	0,13	1	0,72
1 x 10	107,47 $\pm$ 0,21	1,34 $\pm$ 0,21	-	0,18	1	0,67
2 x 3	94,36 $\pm$ 0,27	7,16 $\pm$ 0,23	-	0,08	1	0,78
2 x 5	103,30 $\pm$ 0,34	1,70 $\pm$ 0,35	-	2,26	1	0,13
2 x 6	103,90 $\pm$ 0,25	2,47 $\pm$ 0,26	-	0,03	1	0,87
2 x 7	103,12 $\pm$ 0,22	1,67 $\pm$ 0,22	14,04 $\pm$ 3,72			
2 x 8	103,55 $\pm$ 0,30	2,11 $\pm$ 0,30	-9,81 $\pm$ 3,00			
2 x 9	95,54 $\pm$ 0,25	5,90 $\pm$ 0,25	9,61 $\pm$ 3,24			
2 x 10	103,82 $\pm$ 0,23	2,34 $\pm$ 0,23	-	2,14	1	0,14
3 x 4	89,71 $\pm$ 0,20	2,30 $\pm$ 0,32	-	1,30	1	0,25
3 x 5	96,01 $\pm$ 0,36	8,77 $\pm$ 0,36	-21,37 $\pm$ 3,30			
3 x 6	96,86 $\pm$ 0,27	9,59 $\pm$ 0,27	-	0,71	1	0,40
3 x 7	96,01 $\pm$ 0,23	8,70 $\pm$ 0,23	2,29 $\pm$ 5,81			
3 x 8	96,44 $\pm$ 0,30	9,21 $\pm$ 0,30	-12,27 $\pm$ 1,46			
3 x 9	88,44 $\pm$ 0,26	1,21 $\pm$ 0,26	-5,53 $\pm$ 1,72			
3 x 10	96,60 $\pm$ 0,24	9,44 $\pm$ 0,24	-13,96 $\pm$ 5,61			
4 x 5	98,33 $\pm$ 0,37	6,51 $\pm$ 0,43	-	0,06	1	0,81
4 x 6	98,83 $\pm$ 0,34	7,30 $\pm$ 0,36	-	3,33	1	0,07
4 x 7	90,29 $\pm$ 0,31	6,56 $\pm$ 0,32	-	0,07	1	0,79
4 x 8	98,72 $\pm$ 0,39	6,94 $\pm$ 0,39	-11,98 $\pm$ 4,20			
4 x 9	90,71 $\pm$ 0,36	1,07 $\pm$ 0,36	9,89 $\pm$ 2,43			
4 x 10	99,01 $\pm$ 0,33	7,14 $\pm$ 0,33	-	0,89	1	0,35
5 x 6	105,50 $\pm$ 0,31	0,81 $\pm$ 0,31	-6,10 $\pm$ 2,19			
5 x 7	104,79 $\pm$ 0,27	-	14,6 $\pm$ 3,27	0,0002	1	0,99
5 x 8	105,33 $\pm$ 0,40	-	-7,4 $\pm$ 2,10	1,16	1	0,28
5 x 9	97,21 $\pm$ 0,30	7,57 $\pm$ 0,30	-10,79 $\pm$ 4,17			
5 x 10	105,54 $\pm$ 0,27	0,62 $\pm$ 0,34	-	0,15	1	0,69

Continua

Tabela 6 -- Número de dias para maturidade (NDM). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; $\bar{d}$ = componente genético aditivo; $\bar{h}$ = componente genético dominante). teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-lardia, 44 cruzamentos dialélicos F₃, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	$\bar{d}$	$\bar{h}$	χ^2	Gl	Prob.
6 x 7	105,63 ± 0,24	0,81 ± 0,26	-	0,18	1	0,68
6 x 8	106,02 ± 0,33	0,37 ± 0,33	-12,33 ± 2,14			
6 x 9	98,02 ± 0,30	8,37 ± 0,30	-20,01 ± 3,12			
6 x 10	106,28 ± 0,27	0,14 ± 0,27	-	0,87	1	0,35
7 x 8	105,22 ± 0,30	0,87 ± 0,30	-13,31 ± 1,97			
7 x 9	97,19 ± 0,24	7,58 ± 0,25	-	0,14	1	0,71
7 x 10	105,45 ± 0,23	0,66 ± 0,23	24,28 ± 8,36			
8 x 9	97,65 ± 0,46	8,01 ± 0,46	-23,57 ± 3,74			
8 x 10	105,98 ± 4,00	46,52 ± 4,00	-	0,59	1	0,44
9 x 10	97,80 ± 0,26	8,24 ± 0,26	44,22 ± 8,50			

Tabela 7 - Altura da planta na maturidade (APH). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; $\bar{A}^2$ = componente genético aditivo; $\bar{h}$ = componente genético dominante). Teste X para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos.

F, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	$\bar{A}^2$ [d]	$\bar{h}$ [h]	$\bar{A}^2$ X	GL	Prob.
1 x 2	52,50 ± 0,54	1,36 ± 0,54	18,80 ± 2,36			
1 x 3	41,42 ± 0,41	12,37 ± 0,44	-	0,44	1	0,51
1 x 4	50,28 ± 0,52	3,50 ± 0,52	-8,79 ± 4,90			
1 x 5	56,52 ± 0,44	2,66 ± 0,44	-26,07 ± 4,57			
1 x 6	61,42 ± 0,57	7,50 ± 0,62	-	0,53	1	0,47
1 x 7	51,52 ± 0,36	2,42 ± 0,42	-	0,30	1	0,58
1 x 8	53,79 ± 0,42	-	6,04 ± 3,71	0,09	1	0,76
1 x 9	42,21 ± 0,35	11,65 ± 0,35	30,43 ± 4,86			
1 x 10	58,76 ± 0,53	4,90 ± 0,53	10,41 ± 7,88			
2 x 3	40,48 ± 0,53	11,01 ± 0,61	-	0,88	1	0,35
2 x 5	55,16 ± 0,60	4,02 ± 0,60	9,54 ± 6,12			
2 x 6	59,81 ± 0,79	8,66 ± 0,79	11,16 ± 6,06			
2 x 7	50,04 ± 0,55	1,11 ± 0,59	-	0,0017	1	0,97
2 x 8	52,21 ± 0,57	1,21 ± 0,66	-	0,16	1	0,69
2 x 9	40,85 ± 0,54	10,29 ± 0,54	8,11 ± 4,86			
2 x 10	57,40 ± 0,67	6,26 ± 0,67	17,66 ± 9,19			
3 x 4	37,97 ± 0,60	8,73 ± 0,60	6,00 ± 5,07			
3 x 5	44,21 ± 0,53	14,97 ± 0,53	-35,55 ± 5,50			
3 x 6	48,75 ± 0,64	19,56 ± 0,72	-	0,09	1	0,76
3 x 7	39,16 ± 0,48	9,83 ± 0,52	-	0,12	1	0,73
3 x 8	41,40 ± 0,60	12,15 ± 0,60	5,43 ± 4,90			
3 x 9	29,90 ± 0,46	0,66 ± 0,46	5,50 ± 3,27			
3 x 10	46,45 ± 0,62	17,21 ± 0,62	-22,66 ± 7,50			
4 x 5	44,21 ± 0,53	14,97 ± 0,53	42,16 ± 6,76			
4 x 6	48,86 ± 0,73	19,61 ± 0,73	32,81 ± 7,78			
4 x 7	39,00 ± 0,52	9,84 ± 0,52	63,32 ± 7,14			
4 x 8	50,13 ± 0,66	3,43 ± 0,66	22,00 ± 5,88			
4 x 9	38,63 ± 0,53	8,07 ± 0,53	36,43 ± 4,29			
4 x 10	55,18 ± 0,67	8,48 ± 0,67	20,05 ± 9,85			
5 x 6	63,82 ± 0,73	4,65 ± 0,73	-19,98 ± 5,07			
5 x 7	53,96 ± 0,45	5,13 ± 0,50	-	0,15	1	0,70
5 x 8	56,36 ± 0,59	2,82 ± 0,59	-12,09 ± 4,09			
5 x 9	44,91 ± 0,42	14,32 ± 0,44	-	0,11	1	0,74
5 x 10	61,42 ± 0,60	2,24 ± 0,60	-14,33 ± 4,10			

Continua

Tabela 7 - Altura da planta na maturidade (APM). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; $\bar{A}^2$ = componente genético aditivo; h = componente genético dominante). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos

F, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989. (Continuação)

3

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	$\bar{A}^2$ [d]	h [h]	χ^2 X	GL	Prob.
6 x 7	50,69 ± 0,73	9,77 ± 0,73	24,70 ± 6,34			
6 x 8	61,01 ± 0,78	7,46 ± 0,78	-9,41 ± 5,70			
6 x 9	49,51 ± 0,68	18,96 ± 0,68	31,72 ± 6,85			
6 x 10	65,93 ± 0,75	2,37 ± 0,79	-	0,32	1	0,57
7 x 8	51,23 ± 0,58	2,31 ± 0,58	-5,95 ± 4,26			
7 x 9	39,74 ± 0,41	9,18 ± 0,43	-	0,001	1	0,99
7 x 10	56,29 ± 0,59	7,37 ± 0,59	-8,24 ± 7,90			
8 x 9	42,05 ± 0,53	11,50 ± 0,53	-14,27 ± 4,69			
8 x 10	58,60 ± 0,67	5,06 ± 0,67	-51,68 ± 7,14			
9 x 10	47,11 ± 0,55	16,55 ± 0,55	55,12 ± 2,96			

Tabela 3 - Produtividade de planta individual (PPI). Componentes de médias ($\hat{A}$ = média do genótipo; $\hat{d}$ = componente genético aditivo; $\hat{h}$ = componente genético dominante). Teste X para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	$\hat{A}$ m	$\hat{d}$	$\hat{h}$	2 X	GL	Prob.
1 x 2	12,02 ± 0,56	6,26 ± 0,56	9,26 ± 4,06			
1 x 3	10,70 ± 0,39	4,15 ± 0,45	-	0,21	1	0,65
1 x 4	10,73 ± 0,49	4,42 ± 0,49	-7,95 ± 3,04			
1 x 5	13,03 ± 0,43	1,63 ± 0,59	-	1,09	1	0,30
1 x 6	14,78 ± 0,45	0,62 ± 0,51	-	0,40	1	0,53
1 x 7	14,01 ± 0,45	1,79 ± 0,53	-	2,29	1	0,13
1 x 8	13,69 ± 0,46	1,46 ± 0,56	-	0,001	1	0,99
1 x 9	11,00 ± 0,42	4,77 ± 0,46	-	2,75	1	0,10
1 x 10	14,94 ± 0,54	0,85 ± 0,61	-	1,01	1	0,31
2 x 3	8,03 ± 0,33	1,22 ± 0,37	-	1,79	1	0,18
2 x 5	7,60 ± 0,37	1,29 ± 0,37	16,39 ± 3,65			
2 x 6	11,47 ± 0,42	5,16 ± 0,43	-10,12 ± 3,56			
2 x 7	10,47 ± 0,38	1,51 ± 0,44	-	0,07	1	0,79
2 x 8	10,50 ± 0,40	1,67 ± 0,47	-	0,02	1	0,88
2 x 9	7,93 ± 0,32	1,54 ± 0,37	-	3,73	1	0,05
2 x 10	12,52 ± 0,46	3,29 ± 0,52	-	3,39	1	0,07
3 x 4	6,44 ± 0,21	0,18 ± 0,26	-	0,09	1	0,76
3 x 5	9,22 ± 0,44	2,55 ± 0,44	-6,72 ± 2,65			
3 x 6	10,29 ± 0,31	3,67 ± 0,34	-	0,24	1	0,63
3 x 7	9,39 ± 0,32	2,67 ± 0,36	-	0,35	1	0,56
3 x 8	8,98 ± 0,30	2,55 ± 0,37	-	3,59	1	0,06
3 x 9	6,43 ± 0,20	-	14,56 ± 3,00	0,79	1	0,38
3 x 10	10,97 ± 0,46	4,30 ± 0,46	-3,61 ± 4,09			
4 x 5	9,04 ± 0,43	2,73 ± 0,43	-5,10 ± 2,60			
4 x 6	10,05 ± 0,29	3,02 ± 0,33	-	0,58	1	0,45
4 x 7	9,11 ± 0,35	2,81 ± 0,35	5,20 ± 3,10			
4 x 8	9,39 ± 0,31	3,03 ± 0,36	-	0,30	1	0,58
4 x 9	6,40 ± 0,21	-	-	0,96	2	0,62
4 x 10	10,88 ± 0,40	4,54 ± 0,42	-	0,20	1	0,66
5 x 6	12,91 ± 0,40	1,14 ± 0,49	-9,04 ± 3,44			
5 x 7	11,65 ± 0,41	-	-	0,72	2	0,70
5 x 8	12,03 ± 0,51	-	12,14 ± 3,77	0,19	1	0,66
5 x 9	9,01 ± 0,36	2,83 ± 0,41	-	0,003	1	0,87
5 x 10	13,52 ± 0,57	1,75 ± 0,57	-10,73 ± 3,38			

Continua

Tabela 3 - Produtividade de planta individual (PPI). Componentes de médias ($\bar{A}$ = média do genótipo; $\bar{d}$ = componente genético aditivo; $\bar{h}$ = componente genético dominante). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja Semi-lardia, 44 cruzamentos dialélicos F₃, Piracicaba, Semeadura em 07.02.1989. (Continuação)

CRUZAMENTOS	$\bar{A}$ m	$\bar{d}$	$\bar{h}$	χ^2	GL	Prob.
6 x 7	12,99 ± 0,42	1,07 ± 0,42	9,47 ± 4,07			
6 x 8	13,27 ± 0,40	0,89 ± 0,44	-	0,54	1	0,46
6 x 9	10,11 ± 0,35	3,94 ± 0,35	-4,64 ± 2,81			
6 x 10	14,76 ± 0,46	0,64 ± 0,49	-	0,27	1	0,60
7 x 8	12,06 ± 0,45	-	-3,91 ± 3,01	0,11	1	0,74
7 x 9	9,01 ± 0,33	2,86 ± 0,36	-	0,04	1	0,84
7 x 10	13,51 ± 0,46	1,65 ± 0,51	-	0,13	1	0,72
8 x 9	9,20 ± 0,40	3,03 ± 0,40	-8,78 ± 2,56			
8 x 10	13,75 ± 0,53	1,52 ± 0,53	-18,22 ± 3,96			
9 x 10	10,72 ± 0,46	4,55 ± 0,46	19,05 ± 6,22			

tabela 2 - Número de dias para florescimento (NOF). Componentes de variância aditiva (σ^2_A = variância aditiva; σ^2_E = variância ambiental devido o parental 1; σ^2_E = variância ambiental devido o parental 2). Teste do χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	σ^2_A	σ^2_E	σ^2_E	χ^2	GL	Prob
1 x 4	22,81 ± 4,22	1,54 ± 0,27	0,06 ± 0,15			
1 x 6	8,36 ± 2,02	1,54 ± 0,27	3,31 ± 0,61			
1 x 7	5,81 ± 1,29	1,54 ± 0,27	1,03 ± 0,17			
1 x 8	1,11 ± 0,77	1,54 ± 0,27	2,59 ± 0,45			
1 x 9	21,15 ± 3,99	1,54 ± 0,27	0,08 ± 0,16			
2 x 7	20,05 ± 3,05	2,02 ± 0,36	1,03 ± 0,17			
2 x 9	14,42 ± 2,04	2,02 ± 0,36	0,08 ± 0,16			
3 x 4	7,68 ± 1,61	1,62 ± 0,28	0,06 ± 0,15			
3 x 6	21,52 ± 4,31	1,62 ± 0,28	3,31 ± 0,61			
3 x 9	-	1,62 ± 0,24	0,08 ± 0,15	0,001	1	0,99
4 x 5	23,04 ± 4,49	0,06 ± 0,15	2,03 ± 0,36			
4 x 6	13,00 ± 2,91	0,06 ± 0,15	3,31 ± 0,61			
4 x 8	19,03 ± 3,82	0,06 ± 0,15	2,59 ± 0,45			
4 x 10	99,00 ± 18,23	0,06 ± 0,15	1,65 ± 0,28			
5 x 7	3,82 ± 1,07	2,03 ± 0,36	1,03 ± 0,17			
5 x 9	22,51 ± 4,36	2,03 ± 0,36	0,08 ± 0,16			
6 x 7	16,98 ± 3,57	3,31 ± 0,61	1,03 ± 0,17			
6 x 9	13,60 ± 2,99	3,31 ± 0,61	0,08 ± 0,16			
6 x 10	140,90 ± 25,30	3,31 ± 0,61	1,65 ± 0,28			
7 x 8	2,92 ± 1,02	1,03 ± 0,17	2,59 ± 0,45			
8 x 9	17,09 ± 3,45	2,59 ± 0,45	0,08 ± 0,16			
9 x 10	153,02 ± 29,24	0,08 ± 0,16	1,65 ± 0,28			

tabela 10 - Número de dias para florescimento (NDF). Componentes de variância (σ^2 = variância aditiva; E , variância ambiental). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, sementeira em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	σ^2	E	χ^2	GL	Prob
1 x 2	24,99 ± 4,70	1,77 ± 0,22	1,19	1	0,28
1 x 3	15,70 ± 3,13	1,50 ± 0,19	0,05	1	0,82
1 x 5	6,84 ± 1,64	1,77 ± 0,22	1,22	1	0,27
1 x 10	135,33 ± 23,24	1,60 ± 0,19	0,09	1	0,76
2 x 3	13,77 ± 2,97	1,82 ± 0,22	0,78	1	0,38
2 x 5	21,63 ± 4,38	2,02 ± 0,25	0,0003	1	0,99
2 x 6	10,94 ± 2,77	2,63 ± 0,34	3,65	1	0,06
2 x 8	18,73 ± 3,82	2,31 ± 0,29	1,01	1	0,32
2 x 10	6,99 ± 1,69	1,83 ± 0,22	0,66	1	0,42
3 x 5	15,28 ± 2,99	1,82 ± 0,23	0,79	1	0,37
3 x 7	22,62 ± 4,22	1,32 ± 0,16	3,53	1	0,06
3 x 8	18,99 ± 3,76	2,11 ± 0,26	3,53	1	0,06
3 x 10	75,53 ± 3,23	1,64 ± 0,20	0,006	1	0,96
4 x 7	36,35 ± 6,70	0,94 ± 0,11	0,54	1	0,46
4 x 9	1,20 ± 0,44	0,87 ± 0,11	0,02	1	0,91
5 x 6	10,66 ± 2,46	2,64 ± 0,34	3,50	1	0,06
5 x 8	4,79 ± 1,47	2,32 ± 0,29	0,95	1	0,33
5 x 10	-	1,79 ± 0,18	0,80	2	0,67
6 x 8	11,66 ± 2,06	2,22 ± 0,37	0,23		
7 x 9	23,57 ± 4,74	0,26 ± 0,12	0,37		
7 x 10	160,29 ± 31,31	1,34 ± 0,16	3,85		
8 x 10	151,89 ± 29,24	2,11 ± 0,26	3,36	1	0,07

Tabela 11 - Número de internódios no florescimento (NIF). Componentes de variância aditiva (σ^2_A = variância aditiva; E_1 , variância ambiental devido o parental 1; E_2 = variância ambiental devido o parental 2). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₃, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	σ^2_A D	E_1	E_2	χ^2	GL	Prob
1 x 6	8,36 ± 2,02	1,54 ± 0,27	3,31 ± 0,61			
1 x 7	-	1,20 ± 0,19	1,25 ± 1,19	0,35	1	0,46
1 x 8	1,11 ± 0,77	1,54 ± 0,27	2,59 ± 0,43			
1 x 9	3,92 ± 0,96	1,54 ± 0,27	0,60 ± 0,11			
2 x 5	1,92 ± 0,75	0,96 ± 0,17	2,03 ± 0,36			
3 x 5	2,21 ± 0,64	0,81 ± 0,14	1,34 ± 0,24			
3 x 8	1,71 ± 0,59	0,81 ± 0,14	1,53 ± 0,27			
3 x 10	5,82 ± 1,26	0,81 ± 0,14	1,44 ± 0,24			
4 x 9	-	1,12 ± 0,16	0,57 ± 0,10	1,06	1	0,30
5 x 7	-	1,33 ± 0,22	1,31 ± 0,20	0,002	1	0,97
5 x 8	-	1,33 ± 0,22	1,52 ± 0,24	0,005	1	0,95
5 x 9	1,38 ± 0,51	1,34 ± 0,24	0,60 ± 0,11			
6 x 9	1,78 ± 0,55	1,10 ± 0,20	0,60 ± 0,11			
7 x 8	-	1,28 ± 0,20	1,49 ± 0,23	0,19	1	0,67
7 x 9	3,71 ± 0,96	1,31 ± 0,22	0,59 ± 0,11			
8 x 9	2,16 ± 0,66	1,53 ± 0,27	0,60 ± 0,11			
9 x 10	7,12 ± 1,61	0,60 ± 0,11	1,45 ± 0,25			

Tabela 12 - Número de internódios no florescimento (NIF). Componentes de variância (D = variância aditiva; E = variância ambiental). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, 3
semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	D	E	χ^2	GL	Prob
1 x 2	0,69 ± 0,60	1,77 ± 0,22	1,19	1	0,28
1 x 3	0,89 ± 0,48	1,58 ± 0,19	0,05	1	0,82
1 x 4	22,57 ± 4,22	1,38 ± 0,17	0,88	1	0,35
1 x 5	7,28 ± 1,63	1,44 ± 0,18	0,30	1	0,59
1 x 10	7,92 ± 1,69	1,49 ± 0,18	0,06	1	0,81
2 x 3	1,29 ± 0,47	0,89 ± 0,11	0,46	1	0,50
2 x 6	0,80 ± 0,38	1,03 ± 0,13	0,28	1	0,60
2 x 7	1,76 ± 0,60	1,14 ± 0,14	1,54	1	0,22
2 x 8	0,83 ± 0,48	1,26 ± 0,16	3,40	1	0,07
2 x 9	1,28 ± 0,42	0,78 ± 0,07	3,53	1	0,06
2 x 10	7,81 ± 1,68	1,21 ± 0,15	2,67	1	0,10
3 x 4	0,85 ± 0,41	1,02 ± 0,12	2,67	1	0,10
3 x 6	1,19 ± 0,45	0,94 ± 0,12	1,45	1	0,23
3 x 7	2,52 ± 0,70	1,07 ± 0,12	3,70	1	0,05
3 x 9	0,67 ± 0,24	0,71 ± 0,08	1,65	1	0,20
4 x 5	1,38 ± 0,59	1,28 ± 0,16	0,14	1	0,70
4 x 6	0,64 ± 0,43	1,17 ± 0,15	0,16	1	0,69
4 x 7	3,58 ± 0,96	1,27 ± 0,15	0,09	1	0,77
4 x 8	1,86 ± 0,69	1,37 ± 0,17	0,88	1	0,35
4 x 10	7,34 ± 1,65	1,34 ± 0,16	0,50	1	0,48
5 x 6	1,02 ± 0,50	1,23 ± 0,16	0,57	1	0,45
5 x 10	0,89 ± 0,45	1,40 ± 0,17	0,10	1	0,75
6 x 7	1,94 ± 0,67	1,22 ± 0,15	0,46	1	0,50
6 x 8	0,84 ± 0,53	1,33 ± 0,17	1,63	1	0,20
6 x 10	6,40 ± 1,44	1,29 ± 0,16	1,14	1	0,29
7 x 10	7,58 ± 1,75	1,38 ± 0,16	0,18	1	0,67
8 x 10	6,50 ± 1,62	1,49 ± 0,18	0,06	1	0,81

tabela 13 - Número de dias para maturidade (NMF). Componentes de variância aditiva (σ^2_A = variância aditiva; σ^2_E , variância ambiental devido o parental 1; σ^2_E = variância ambiental devido o parental 2). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semitardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	σ^2_A D	σ^2_E E1	σ^2_E E2	χ^2	GL	Prob
1 x 4	38,98 ± 10,30	4,68 ± 0,81	23,13 ± 3,29			
1 x 5	12,76 ± 6,68	4,68 ± 0,81	26,15 ± 4,70			
1 x 6	11,15 ± 3,97	4,68 ± 0,81	11,07 ± 2,06			
1 x 8	9,46 ± 4,73	4,68 ± 0,81	17,07 ± 2,75			
1 x 9	110,04 ± 21,08	4,68 ± 0,81	10,21 ± 1,00			
1 x 10	309,03 ± 53,67	4,68 ± 0,81	7,93 ± 1,34			
2 x 5	58,37 ± 14,72	6,31 ± 1,12	26,14 ± 4,70			
2 x 6	18,33 ± 5,87	6,31 ± 1,12	11,07 ± 2,06			
2 x 8	55,91 ± 12,62	6,31 ± 1,12	17,07 ± 2,75			
3 x 4	6,33 ± 5,37	7,45 ± 1,29	23,13 ± 4,00			
3 x 5	29,52 ± 9,30	7,45 ± 1,29	26,15 ± 4,70			
3 x 6	108,68 ± 20,77	7,45 ± 1,29	11,07 ± 2,06			
3 x 8	36,75 ± 9,36	7,45 ± 1,29	17,07 ± 2,75			
3 x 9	-	7,21 ± 1,17	9,75 ± 1,52	0,32	1	0,58
4 x 6	38,79 ± 11,64	23,13 ± 4,00	11,07 ± 2,06			
4 x 7	42,77 ± 11,40	23,13 ± 4,00	6,53 ± 1,10			
4 x 9	-	23,39 ± 3,35	10,26 ± 1,75	0,01	1	0,91
4 x 10	264,78 ± 51,35	23,13 ± 4,00	7,93 ± 1,34			
5 x 6	-	23,25 ± 3,44	10,44 ± 1,87	1,50	1	0,20
5 x 7	29,76 ± 9,70	26,15 ± 4,70	6,53 ± 1,10			
5 x 8	-	-	20,61 ± 2,11	3,44	2	0,08
5 x 9	55,06 ± 14,52	26,15 ± 4,70	10,21 ± 1,00			
5 x 10	-	22,41 ± 3,22	7,55 ± 1,25	2,40	1	0,12
6 x 7	20,36 ± 5,93	11,07 ± 2,06	6,53 ± 1,10			
6 x 8	-	10,32 ± 1,81	15,59 ± 2,38	1,38	1	0,22
7 x 8	-	6,32 ± 1,04	15,70 ± 2,27	0,84	1	0,36
8 x 9	41,36 ± 10,31	6,53 ± 1,10	16,07 ± 2,75			

tabela 14 - Número de dias para maturidade (NDM). Componentes de variância (σ^2 = variância aditiva; σ^2_A , variância ambiental). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	σ^2 D	σ^2_A E	σ^2 X	GL	Prob.
1 x 2	75,92 ± 14,30	5,48 ± 0,68	1,43	1	0,23
1 x 3	45,24 ± 9,43	6,07 ± 0,74	3,45	1	0,06
1 x 7	-	5,40 ± 0,54	2,35	2	0,31
2 x 3	29,87 ± 7,22	6,89 ± 0,85	0,45	1	0,50
2 x 7	63,13 ± 12,52	6,42 ± 0,78	0,02	1	0,89
2 x 9	41,72 ± 9,21	8,26 ± 1,03	3,57	1	0,06
2 x 10	306,13 ± 56,17	7,16 ± 0,87	0,86	1	0,35
3 x 7	65,04 ± 12,90	6,96 ± 0,84	0,30	1	0,58
3 x 10	165,44 ± 29,94	7,69 ± 0,93	0,07	1	0,79
4 x 5	12,69 ± 9,11	24,51 ± 3,05	0,22	1	0,64
4 x 8	56,57 ± 15,21	20,10 ± 2,46	1,52	1	0,22
6 x 9	28,16 ± 7,87	10,62 ± 1,36	0,10	1	0,75
6 x 10	485,17 ± 87,31	9,35 ± 1,17	1,79	1	0,18
7 x 9	67,83 ± 15,10	8,28 ± 1,01	3,30	1	0,06
7 x 10	378,90 ± 71,54	7,23 ± 0,86	0,66	1	0,42
8 x 10	71,10 ± 14,70	8,28 ± 1,01	3,30	1	0,07
9 x 10	326,44 ± 63,98	9,02 ± 1,10	1,06	1	0,30

Tabela 15 - Altura da planta na maturidade (APM). Componentes de variância (D = variância aditiva;

E, variância ambiental devido o parental $\frac{1}{2}$; F = variância ambiental devido o parental $\frac{2}{2}$ 2). teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44

cruzamentos dialélicos F, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

3

CRUZAMENTOS	$\frac{1}{2}$ D	$\frac{1}{2}$ F1	$\frac{1}{2}$ F2	$\frac{2}{2}$ X	$\frac{1}{2}$ Gl.	$\frac{1}{2}$ Prob.
1 x 2	79,71 $\pm$ 23,29	15,43 $\pm$ 2,69	58,84 $\pm$ 10,40			
1 x 3	37,33 $\pm$ 13,92	15,43 $\pm$ 2,69	39,90 $\pm$ 6,89			
1 x 4	61,98 $\pm$ 20,45	15,43 $\pm$ 2,69	58,48 $\pm$ 10,10			
1 x 5	25,62 $\pm$ 10,96	15,42 $\pm$ 2,68	32,45 $\pm$ 5,83			
1 x 6	35,16 $\pm$ 21,62	15,42 $\pm$ 2,69	92,57 $\pm$ 17,19			
1 x 7	-	16,21 $\pm$ 2,73	39,40 $\pm$ 5,51	1,09	1	0,30
1 x 8	-	15,77 $\pm$ 2,71	62,38 $\pm$ 8,56	0,68	1	0,41
1 x 9	106,49 $\pm$ 22,59	15,42 $\pm$ 2,68	16,67 $\pm$ 2,94			
1 x 10	207,27 $\pm$ 58,10	15,42 $\pm$ 2,68	64,91 $\pm$ 10,97			
2 x 5	106,07 $\pm$ 31,02	58,84 $\pm$ 10,40	32,45 $\pm$ 5,83			
2 x 7	120,05 $\pm$ 34,32	58,84 $\pm$ 10,40	35,50 $\pm$ 6,00			
2 x 9	57,31 $\pm$ 19,95	58,84 $\pm$ 10,40	16,67 $\pm$ 2,94			
2 x 10	335,60 $\pm$ 74,59	58,84 $\pm$ 10,40	64,91 $\pm$ 10,97			
3 x 6	59,70 $\pm$ 28,43	39,70 $\pm$ 6,39	92,57 $\pm$ 17,19			
3 x 9	-	41,31 $\pm$ 5,92	16,92 $\pm$ 2,91	0,13	1	0,72
3 x 10	210,91 $\pm$ 49,92	39,70 $\pm$ 6,39	64,91 $\pm$ 10,97			
4 x 5	156,30 $\pm$ 39,73	58,48 $\pm$ 10,10	32,45 $\pm$ 5,83			
4 x 7	105,70 $\pm$ 44,94	58,48 $\pm$ 10,10	35,50 $\pm$ 6,00			
4 x 9	30,77 $\pm$ 15,37	58,48 $\pm$ 10,10	16,67 $\pm$ 2,95			
4 x 10	331,09 $\pm$ 83,96	58,48 $\pm$ 10,10	64,91 $\pm$ 10,97			
5 x 6	15,64 $\pm$ 20,75	32,45 $\pm$ 5,83	92,57 $\pm$ 17,19			
5 x 8	-	32,21 $\pm$ 5,52	56,32 $\pm$ 8,43	0,02	1	0,89
5 x 9	154,08 $\pm$ 33,71	32,45 $\pm$ 5,83	16,67 $\pm$ 2,95			
5 x 10	-	31,92 $\pm$ 5,51	63,10 $\pm$ 9,11	0,11	1	0,74
6 x 7	91,26 $\pm$ 32,08	92,57 $\pm$ 17,19	35,50 $\pm$ 6,00			
6 x 8	-	99,71 $\pm$ 15,83	59,16 $\pm$ 9,79	0,55	1	0,46
6 x 9	120,15 $\pm$ 38,20	92,57 $\pm$ 17,19	16,67 $\pm$ 2,95			
6 x 10	387,51 $\pm$ 87,45	92,57 $\pm$ 17,19	64,91 $\pm$ 10,97			
7 x 9	73,56 $\pm$ 21,14	35,50 $\pm$ 6,00	16,67 $\pm$ 2,94			
7 x 10	217,13 $\pm$ 52,96	35,50 $\pm$ 6,00	64,91 $\pm$ 10,97			
8 x 9	94,13 $\pm$ 24,52	56,99 $\pm$ 9,85	16,67 $\pm$ 2,95			
8 x 10	149,35 $\pm$ 42,25	56,99 $\pm$ 9,85	64,91 $\pm$ 10,96			
9 x 10	219,37 $\pm$ 57,60	56,45 $\pm$ 9,98	64,91 $\pm$ 10,97			

tabela 16 -- Altura da planta na maturidade (APM). Componentes de variância (σ^2 = variância aditiva;

σ^2 = variância ambiental). Teste χ^2 para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja

semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₂, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

3

CRUZAMENTOS	σ^2	σ^2	σ^2	χ^2	Ol.	Prob.
	D	E	X			
2 x 3	26,65 ± 10,68	49,15 ± 6,07	2,43		1	0,12
2 x 6	27,01 ± 27,30	74,07 ± 9,59	3,00		1	0,03
2 x 8	33,38 ± 21,48	57,89 ± 7,14	0,02		1	0,90
3 x 4	48,71 ± 21,18	49,19 ± 6,01	2,39		1	0,12
3 x 5	109,21 ± 27,13	36,32 ± 4,53	0,68		1	0,41
3 x 7	70,57 ± 21,73	37,65 ± 4,55	0,23		1	0,63
3 x 8	40,26 ± 19,64	48,45 ± 5,92	2,08		1	0,15
4 x 6	134,56 ± 49,73	74,30 ± 9,40	3,27		1	0,07
4 x 8	68,00 ± 27,50	57,73 ± 7,05	0,01		1	0,92
5 x 7	35,93 ± 15,42	34,07 ± 4,18	0,13		1	0,72
7 x 8	4,77 ± 14,11	46,01 ± 5,56	3,74		1	0,05

Tabela 1/ - Produtividade de planta individual (PPI). Componentes de variância (D = variância

aditiva; F₁ = variância ambiental devido ao parental 1; F₂ = variância ambiental devido ao

parental 2). Teste X para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia,

44 cruzamentos dialélicos F₁, Piracicaba, semeadura em 07.02.1989.

3

CRUZAMENTOS	D	F ₁	F ₂	X	GL	Prob.
1 x 2	-	59,36 ± 7,34	27,73 ± 4,50	0,86	1	0,36
1 x 3	-	50,61 ± 6,83	10,29 ± 1,76	0,41	1	0,52
1 x 4	-	47,02 ± 6,25	8,37 ± 1,44	1,83	1	0,18
1 x 5	-	53,29 ± 8,19	37,96 ± 6,40	0,41	1	0,84
1 x 6	16,77 ± 12,99	54,19 ± 7,43	18,69 ± 3,47			
1 x 7	-	55,36 ± 8,05	26,88 ± 4,39	0,05	1	0,82
1 x 8	-	53,42 ± 8,03	30,99 ± 5,12	0,03	1	0,97
1 x 9	-	53,79 ± 8,44	10,64 ± 1,85	1,83	1	0,18
2 x 3	11,78 ± 7,45	26,56 ± 4,70	10,43 ± 1,80			
2 x 9	-	29,30 ± 4,20	10,73 ± 1,85	0,81	1	0,37
2 x 10	37,04 ± 16,60	26,56 ± 4,70	47,35 ± 8,00			
3 x 4	-	9,51 ± 1,47	7,95 ± 1,28	1,57	1	0,21
3 x 5	-	9,76 ± 1,70	32,87 ± 4,61	2,28	1	0,13
3 x 6	29,99 ± 8,92	10,43 ± 1,80	18,69 ± 3,47			
3 x 7	17,07 ± 7,91	10,43 ± 1,80	26,61 ± 4,50			
3 x 8	-	10,04 ± 1,70	28,12 ± 3,74	1,21	1	0,27
3 x 10	38,57 ± 14,22	10,43 ± 1,80	47,35 ± 8,00			
4 x 5	-	0,20 ± 1,40	31,90 ± 4,52	3,43	1	0,06
4 x 6	7,14 ± 5,26	8,59 ± 1,50	18,70 ± 3,47			
4 x 7	17,04 ± 7,08	8,59 ± 1,48	26,61 ± 4,50			
4 x 8	-	8,52 ± 1,45	30,32 ± 4,21	0,09	1	0,77
4 x 9	-	8,52 ± 1,36	10,25 ± 1,61	0,02	1	0,89
4 x 10	30,09 ± 13,26	8,59 ± 1,50	47,35 ± 8,00			
5 x 6	-	42,43 ± 6,30	19,60 ± 3,51	0,87	1	0,35
5 x 7	-	41,45 ± 6,47	27,82 ± 4,47	0,67	1	0,41
5 x 8	-	40,32 ± 6,45	32,37 ± 5,24	0,32	1	0,57
5 x 9	-	39,46 ± 5,59	10,43 ± 1,82	0,06	1	0,81
6 x 7	33,99 ± 13,84	38,43 ± 6,70	18,69 ± 3,47			
6 x 9	-	37,60 ± 5,36	10,30 ± 1,80	0,44	1	0,84
7 x 8	-	26,74 ± 4,24	31,43 ± 4,75	0,007	1	0,73
7 x 9	14,65 ± 8,17	26,61 ± 4,50	10,36 ± 1,83			
7 x 10	38,55 ± 7,30	26,61 ± 4,50	47,35 ± 8,00			
8 x 9	-	28,25 ± 4,00	9,77 ± 1,72	1,14	1	0,28
8 x 10	-	32,10 ± 5,26	49,28 ± 7,34	0,24	1	0,62
9 x 10	126,50 ± 31,65	10,36 ± 1,83	47,55 ± 8,00			

Tabela 18 - Produtividade de Planta individual (PPI). Componentes de variância (D = variância¹ aditiva; E, variância² ambiental). Teste X³ para adequação do modelo aditivo/dominante. Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F, Piracicaba, sementeira em 07.02.1989.

CRUZAMENTOS	D	E	X	GL	Prob.
1 x 10	68,23 ± 24,37	50,66 ± 6,14	0,31	1	0,58
2 x 5	14,37 ± 11,69	32,40 ± 4,08	2,11	1	0,15
2 x 6	14,80 ± 9,39	22,82 ± 2,92	1,81	1	0,18
2 x 7	14,41 ± 9,70	26,59 ± 3,25	0,0001	1	0,99
2 x 8	12,62 ± 10,11	26,98 ± 3,58	0,43	1	0,51
3 x 9	-	10,73 ± 1,08	0,19	2	0,91
5 x 10	-	37,36 ± 3,75	5,71	2	0,06
6 x 8	42,48 ± 16,33	32,17 ± 3,96	2,22	1	0,14
6 x 10	88,83 ± 26,63	43,16 ± 5,31	0,70	1	0,40

tabela 17 - Proporções genotípicas esperadas de progênies F₂ para número de dias para florescimento
(NDF) e número de internódios no início do florescimento (NIF). Soja semi-tardia, 44
cruzamentos dialélicos F₂. Piracicaba, semeadura em 07-02-1989.

3

CRUZAMENTOS	N D F		N I F			
	(STA. ROSA)	(SS - 1)	(X GERAL)	(STA. ROSA)	(SS - 1)	(X GERAL)
1 x 2	2,70	50,4	61,12	0,41	40,74	55,73
1 x 3	36,90	1,02	21,00	1,38	0,01	4,12
1 x 4	15,14	13,77	72,77	74,77	70,63	67,23
1 x 5	0,02	34,30	27,08	30,30	88,41	76,28
1 x 6	0,06	30,30	41,49	27,08	-	67,93
1 x 7	0,01	21,75	32,26	-	-	-
1 x 8	-	2,46	0,59	0,49	91,75	30,30
1 x 9	30,30	4,72	42,07	34,30	51,88	95,92
1 x 10	31,27	85,20	78,18	28,09	74,23	72,07
2 x 3	36,43	0,59	16,32	60,45	2,35	22,13
2 x 5	1,31	64,51	50,01	6,17	67,24	67,24
2 x 6	0,23	32,77	53,16	0,02	43,85	27,08
2 x 7	1,16	59,77	51,24	4,31	70,63	60,45
2 x 8	4,62	22,51	97,47	1,05	38,63	66,56
2 x 9	17,25	2,24	39,07	25,35	7,43	54,46
2 x 10	-	65,88	11,32	25,35	-	67,24
3 x 4	29,83	14,06	4,22	59,77	0,5	10,45
3 x 5	56,44	0,43	10,88	78,43	6,17	26,43
3 x 6	12,25	14,31	76,28	14,31	14,31	69,31
3 x 7	21,75	9,05	57,77	28,89	35,36	84,42
3 x 8	28,43	3,51	39,07	25,35	17,57	70,63
3 x 9	-	-	-	57,10	-	-
3 x 10	54,46	70,70	76,71	48,74	54,46	70,06
4 x 5	5,17	34,30	96,71	48,74	45,05	79,16
4 x 6	2,19	12,25	75,92	1,16	7,82	88,41
4 x 7	13,77	41,49	94,28	20,64	67,93	82,88
4 x 8	12,01	10,03	68,62	12,50	42,66	77,04
4 x 9	-	-	0,27	-	-	-
4 x 10	35,36	65,19	73,44	32,77	85,20	79,16
5 x 6	-	55,12	30,30	0,58	76,28	38,07
5 x 7	-	68,62	2,03	-	-	-
5 x 8	-	74,87	3,35	-	-	-
5 x 9	21,00	7,24	59,10	17,57	17,57	73,46
5 x 10	-	-	-	-	86,79	3,94

Continua

Tabela 19 - Proporções genotípicas esperadas de progênies F₂ para número de dias para florescimento
 (NDF) e número de internódios no início do florescimento (NIF). Soja semi-tardia, 44
 cruzamentos dialélicos F₂. Piracicaba, semeadura em 07-02-1989. (Continuação)

3

CRUZAMENTOS	N D F			N I F		
	Z			Z		
	(X STA. ROSA)	(X SS - 1)	(X GLRAL)	(X STA. ROSA)	(X SS - 1)	(X GLRAL)
6 x 7	0,26	84,42	26,64	0,90	72,07	22,51
6 x 8	0,50	27,13	91,75	0,16	90,90	23,30
6 x 9	32,26	0,71	10,55	60,45	6,30	33,79
6 x 10	27,97	92,59	97,47	16,93	90,06	56,44
7 x 8	-	2,84	35,36	-	-	-
7 x 9	25,35	8,50	54,46	30,63	44,45	86,79
7 x 10	24,93	93,44	62,47	22,13	94,20	61,00
8 x 9	40,91	54,46	21,75	55,12	17,01	46,27
8 x 10	59,77	55,78	06,79	51,24	56,44	70,06
9 x 10	24,51	96,71	63,83	20,64	94,28	60,45

Tabela 20 - Proporções genotípicas esperadas de progênie F para número de dias para maturidade (NDM); altura de planta na maturidade (APH). Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F. Piracicaba, semeadura em 07-02-1979.

3

CRUZAMENTOS	NDM			APH		
	Z			Z		
	(STA. ROSA)	(SS - 1)	(X GERAL)	(STA. ROSA)	(SS - 1)	(X GERAL)
1 x 2	4,17	92,59	48,74	73,46	48,74	48,74
1 x 3	31,76	15,14	55,12	14,31	0,09	11,55
1 x 4	00,63	27,08	75,77	3,51	4,17	73,46
1 x 5	16,93	70,68	6,03	0,12	0,51	91,75
1 x 6	-	70,06	7,82	-	75,77	5,17
1 x 7	-	-	-	-	-	-
1 x 8	-	89,23	10,45	-	-	-
1 x 9	34,30	55,12	92,59	7,82	18,40	94,28
1 x 10	29,36	89,23	66,56	15,14	66,56	73,46
2 x 3	37,52	3,51	27,08	6,03	0,02	7,82
2 x 5	4,74	85,20	61,12	1,46	58,40	74,29
2 x 6	0,19	59,77	48,74	-	83,64	2,84
2 x 7	3,43	74,28	48,74	10,45	23,30	95,72
2 x 8	12,50	50,61	95,92	0,16	4,41	82,88
2 x 9	19,72	20,64	94,28	14,31	0,44	76,70
2 x 10	34,30	98,18	72,07	10,45	92,59	55,12
3 x 4	00,63	-	0,02	27,08	0,12	11,55
3 x 5	83,64	0,50	6,03	73,46	0,42	15,14
3 x 6	43,85	43,85	75,77	3,82	4,17	77,16
3 x 7	39,19	24,10	61,12	32,77	0,39	18,40
3 x 8	53,81	3,74	23,30	18,40	0,08	10,45
3 x 9	-	-	-	-	-	-
3 x 10	77,71	32,26	58,42	55,12	14,31	52,30
4 x 5	1,45	3,51	55,12	6,03	49,12	73,46
4 x 6	21,37	16,32	59,77	4,17	61,12	61,12
4 x 7	19,57	22,51	68,62	7,82	55,12	73,46
4 x 8	42,66	17,25	63,16	0,40	32,77	55,12
4 x 9	-	-	-	0,39	0,39	63,14
4 x 10	50,61	73,46	-	15,14	06,77	61,12
5 x 6	-	-	-	-	23,30	3,51
5 x 7	0,14	66,56	15,14	0,11	11,55	61,12
5 x 8	-	-	-	-	-	-
5 x 9	51,88	11,55	40,33	27,08	15,14	63,41
5 x 10	-	-	-	-	-	-

Continua

Tabela 20 - Proporções genotípicas esperadas de progênies F para número de dias para maturidade
 (NDM); altura de planta na maturidade (APH). Soja semi-tardia, 44 cruzamentos
 dialélicos F, Piracicaba, semeadura em 07-02-1987. (Continuação)

3

CRUZAMENTOS	N D M			A P H		
	X			Z		
	(STA. ROSA)	SS - 1	(X GERAL)	(STA. ROSA)	SS - 1	(X GERAL)
6 x 7	0,07	95,92	26,20	0,12	86,79	10,45
6 x 8	-	-	-	-	-	-
6 x 9	53,16	1,45	15,14	40,91	14,17	45,03
6 x 10	39,19	90,06	72,07	10,45	94,28	48,74
7 x 8	-	-	-	-	-	73,33
7 x 9	39,19	26,20	68,83	33,27	0,09	22,30
7 x 10	26,20	76,79	59,77	11,55	54,82	80,64
8 x 9	73,46	2,84	17,25	45,05	0,08	18,40
8 x 10	94,28	16,32	46,27	24,10	15,14	70,63
9 x 10	78,89	86,79	66,56	5,17	85,20	48,74

Tabela 21 - Proporções genotípicas esperadas de progênies F₂ para produtividade de planta individual
 (PPI). Soja semi-tardia, 44 cruzamentos dialélicos F₁. Piracicaba, semeadura em
 01-02-1989.

CRUZAMENTOS	P P I %		
	(STA. ROSA	) SS - 1	) X GERAL
1 x 2	-	-	-
1 x 3	-	-	-
1 x 4	-	-	-
1 x 5	-	-	-
1 x 6	2,98	98,18	29,83
1 x 7	-	-	-
1 x 8	-	-	-
1 x 9	-	-	-
1 x 10	35,89	85,79	72,01
2 x 3	45,66	6,03	55,12
2 x 5	14,86	34,83	82,88
2 x 6	4,41	73,46	82,88
2 x 7	24,93	21,75	93,44
2 x 8	20,64	19,92	95,11
2 x 9	-	-	-
2 x 10	19,57	85,99	59,77
3 x 4	-	-	-
3 x 5	-	-	-
3 x 6	50,61	32,77	85,20
3 x 7	40,33	17,57	76,99
3 x 8	-	-	-
3 x 9	-	-	-
3 x 10	53,16	40,91	89,23
4 x 5	-	-	-
4 x 6	89,23	3,76	66,56
4 x 7	31,27	24,10	90,06
4 x 8	-	-	-
4 x 9	-	-	-
4 x 10	36,97	46,27	98,85
5 x 6	-	-	-
5 x 7	-	-	-
5 x 8	-	-	-
5 x 9	-	-	-
5 x 10	-	-	-

Continua

Tabela 21 - Proporções genotípicas esperadas de prole F₂ para produtividade de planta individual
(PPI). Soja semi-tardia, 11 cruzamentos dialélicos F₁. Piracicaba, semeadura em
07/02-1999. (Continuação)

CRUZAMENTOS	P P I X		
	(STA. ROSA	) SS - J	) X GERAL
4 x 7	11,55	98,18	45,05
6 x 8	23,30	83,64	63,83
6 x 9	-	-	-
6 x 10	33,27	98,18	63,83
7 x 8	-	-	-
7 x 9	48,74	9,63	61,12
7 x 10	26,20	73,46	71,39
8 x 9	-	-	-
8 x 10	-	-	-
9 x 10	41,49	98,18	68,62

APENDICES

Apêndice 1 - Descrição de algumas características agronômicas das cultivares parentais.

DENOMINAÇÃO DO CULTIVAR	GENEALOGIA	MÉTODO DE MELHORAMENTO	ANO DE LANÇAMENTO	INSTITUIÇÃO	ÁREA DE RECOMEN- DAÇÃO
Cristalina (1)	UFV - 1	Bulk	1979	FT	PR, SP, MS, MT, GO(S), DF, TO, MG BA
EMGOPA-391 (2)	IAC-4 X Júpiter	Genealógico	1981	EMBRAPA/ENGOPA	MT, DF, GO (S,N)
IAC - 4 (3)	IAC-2 X Hardee	Genealógico	1975	UFV/IAC/IPEAME	PR, SP, MS
IAC - 5 (4)	Popul. F8-59-1	Bulk	1975	IAC	GO(S), DF, TO
IAC - 6 (5)	Popul. RB 72-1	Bulk	1979	IAC	SP, MT, DF GO(S), TO
IAC - 8 (6)	Bragg X E 70-51	Genealógico	1980	IAC	SP, MS, MT GO(N), DF, TO, MG, BA RO
IAC-9 (7)	Popul. RB 72-1	Bulk	1981	IAC	SP, MT
IAC - 11 (8)	Paraná X (DAVIS X IAC 73-1364)	Genealógico	1984	IAC/EPAMIG	SP, MG
Santa Rosa (9)	D49-772 X La 41-1219	Genealógico	1967	IAC; ex-EPGAS/MA	RS, SC, PR SP, MS, DF GO(S), TO, MG
SS - 1 (10)	Mutação natural em Paraná		1987	OCEPAR	PR, SP

FONTE: BAG - Soja, EMBRAPA/CNPSo.

Apêndice 2 - Descrição de algumas características agronômicas das cultivares parentais.

DENOMINAÇÃO DO CULTIVAR	CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS						
	DIAS		ALT. (cm)		ACAM.*	DEISC.**	P100%
	Flor.	Mat.	Pl.	Ins.			
Cristalina (1)	67	149	80	12	3	1	14
ENGOPA-301 (2)	78	143	115	10	1	1	15
IAC - 4 (3)	58	129	76	10	1	1	10
IAC - 5 (4)	54	126	110	14	3	1	16
IAC - 6 (5)	78	151	110	12	2	1	14
IAC - 8 (6)	55	129	100	10	3	1	10
IAC - 9 (7)	70	139	92	10	2	1	10
IAC - 11 (8)	58	131	108	14	1	1	14
Santa Rosa (9)	58	120	79	12	2	1	17
SS - 1 (10)	55	121	98	16	2	1	16

FONTE: BAG - Soja, EMBRAPA/CNPSo

* ACAMAMENTO=> Escala: 1 - todas as plantas eretas / até 5 - todas as plantas acamadas

** DEISCÊNCIA=> Escala: 1 - todas as plantas indeiscentes.

Apêndice 3 - Descrição de algumas características agronômicas das cultivares parentais.

DENOMINAÇÃO DO CULTIVAR	CARACTERÍSTICAS BOTÂNICAS				%	
	1 Flor	2 Pub.	3 VAG.	HÁBITO	ÓLEO	PROTEÍNA
Cristalina (1)	RO	CI	MC	Det	21,58	40,45
EMBOPA-301 (2)	RO	MA	MC	Det	22,09	41,93
IAC - 4 (3)	BR	CI	MC	Det	22,59	40,39
IAC - 5 (4)	RO	MA	MC	IND	21,90	41,41
IAC - 6 (5)	RO	MA	MC	Det	22,29	41,39
IAC - 8 (6)	RO	MA	MC	Det	21,84	40,87
IAC - 9 (7)	RO	CI	MC	Det	20,84	41,57
IAC - 11 (8)	BR	CI	ME	Det	21,89	36,71
Santa Rosa (9)	BR	MA	MC	Det	23,10	40,20
SS - 1 (10)	BR	CI	ME	Det	20,10	34,80

FONTE: BAG - Soja, EMBRAPA/CNPSo

1 Cor de Flor: BR = Branca; RO = Roxa

2 Cor da Pubescência: CI = Cinza; MA = Marrom

3 Cor da Vagem: MC = Marrom claro; ME = Marrom escuro

Apêndice 4 - Médias de temperaturas, umidade relativa do ar e precipitação pluvial acumulada, por decêndio, durante o período de permanência do experimento no campo, Piracicaba - SP.

MESES	PERÍODO (DECÊNDIO)	TEMPERATURA °C max. min.	U.R. %	PRECIPITAÇÃO mm/alt.
fev./89	1o.	28,9 19,0	70,0	188,0
	2o.	30,3 17,3	57,6	59,0
	3o.	30,8 19,9	67,5	52,3
	no mês			299,3
mar./89	1o.	31,1 18,7	64,1	0,0
	2o.	29,8 18,7	69,1	40,8
	3o.	31,1 18,5	66,6	58,2
	no mês			99,0
abr./89	1o.	31,7 18,4	64,6	22,4
	2o.	28,8 17,3	68,2	56,4
	3o.	29,3 13,8	63,1	23,1
	no mês			101,9
maio/89	1o.	26,6 15,2	70,1	23,3
	2o.	26,8 10,1	62,9	0,0
	3o.	24,7 7,4	68,6	2,7
	no mês			33,0
jun./89	1o.	27,2 12,2	68,2	20,2
	2o.	21,9 9,8	71,3	22,1
	3o.	23,3 7,4	72,7	4,7
	no mês			47,0
jul./89	1o.	22,9 8,3	66,1	0,0
	2o.	24,0 5,1	58,4	0,0
	3o.	25,5 10,0	64,0	85,2
	no mês			85,2
ago./89	1o.	24,9 8,6	62,2	0,0
	2o.	26,6 8,9	53,2	0,0
	3o.	28,0 13,7	65,6	32,0
	no mês			32,0
set./89	1o.	24,8 12,6	75,6	10,7
	2o.	26,2 13,9	65,6	12,2
	3o.	26,9 14,1	61,1	13,2
	no mês			36,1

FONTE: Estação climatológica da ESMALQ/USP - Piracicaba - SP.