ANÁLISE GENÉTICA DE UM DIALELO ENTRE GENÓTIPOS
PRECOCES DE SOJA [GLYCINE MAX (L.) MERRILL]

FRANCISCO RODRIGUES FREIRE FILHO
Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

Tese apresentada à Escola
Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz", da Uni-
versidade de São Paulo, pa-
ra obtenção do título de
Doutor em Agronomia. Área
de Concentração: Genética
e Melhoramento de Plantas.

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Abril - 1988

F866a

Freire Filho, Francisco Rodrigues
Análise genética em um dialelo entre genóti-
pos precoces de soja Glycine max (L.) Merrill.
Piracicaba, 1988.
224p. ilustr.

Tese - ESALQ
Bibliografia

1. Soja - Cruzamento dialélico. 2. Soja -
Genética. I. Escola Superior de Agricultura
Luiz de Queiroz, Piracicaba.

CDD 633.34

ANÁLISE GENÉTICA DE UM DIALELO ENTRE GENÓTIPOS
PRECOCES DE SOJA [*Glycine max* (L.) MERRIL]

FRANCISCO RODRIGUES FREIRE FILHO

Aprovada em 19.04.88

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Natal Antonio Vello	ESALQ/USP
Prof. Dr. Décio Barbin	ESALQ/USP
Prof. Dr. Gerhard Bandel	ESALQ/USP
Prof. Dr. Júlio Marcos Filho	ESALQ/USP
Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi	ESALQ/USP

7-1-1 | 115.

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

Orientador

*À minha mãe Neide
À minha avó Laura
À memória de minha tia Nereide
Ao meu pai Francisco e aos meus
irmãos*

DEDICO

*À minha esposa Célia
Aos meus filhos Simei e
Samuel*

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- A Deus que me possibilitou alcançar este importante e alme
jado objetivo;
- Ao Professor Dr. Natal Antonio Vello pela atenção, orienta
ção, ensinamentos e decisiva colaboração na realização
deste trabalho;
- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA) e
ao Departamento de Genética da Escola Superior de Agri-
cultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, que me possibilitaram
a realização deste curso;
- Aos Professores do Departamento de Genética da ESALQ, pela
atenção e ensinamentos e em particular aos Professores
Drs. Gerhard Bandel e Roland Vencovsky que juntamente
com o Professor Natal Antonio Vello, compuseram a banca
do meu exame geral de qualificação;
- Aos colegas Clodoaldo José da Anunciação Filho e Marcos Ka-
zuyuki Kamikoga pela atenção e indispensável colaboração
nos trabalhos experimentais;
- A todos os colegas do curso e em particular a Clodoaldo Jo-
sê da Anunciação Filho, Gotarão Marcon, Eleusio Curvelo
Freire, Francisco Berilo Façanha Mamede, João Ribeiro
Crisóstomo e Dario Minoru Hiromoto pela amizade, apoio
e agradável convívio proporcionado;
- Ao Professor Cosme Damião Cruz, da Universidade Federal de
Viçosa e ao Dr. Wilson Roberto Maluf, da empresa Bioplan-
ta, pela cessão dos programas de computação para as aná-
lises dialéticas e de correlações e aos colegas Roberto
Augusto de Almeida Torres e João Eustáquio Cabral de Mi-
randa pelo apoio para a obtenção desses programas e rea-
lização dessas análises;

- Aos funcionários do Laboratório de Soja, Antonio Roberto Coggo, Claudinei Antonio Didonê, Osmair José da Silva e Adnilson Lambertucci e ainda aos funcionários Orides Alves Cardoso e Álvaro Gomes pela atenção e dedicação na realização dos trabalhos de campo e de laboratório;
- Às funcionárias da Biblioteca Nilce T.P. Sigrist, Terezinha de Jesus L. Barrete e Olivia R. Pachane e à secretária Gerda Spruk do Departamento de Genética da ESALQ pela atenção e presteza;
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico-CNPq, pela concessão da bolsa de estudo;
- Ao Dr. Elmano Ferrer de Almeida e ao Dr. Milton José Cardoso, respectivamente Chefe e Sub-chefe da UEPAE de Teresina - EMBRAPA, pela atenção e colaboração para a minha permanência em Piracicaba para conclusão definitiva do curso;
- À minha esposa, Célia, e aos meus filhos, Simei e Samuel, pelo apoio e incentivo;
- À Maria Helena M.O. Rodrigues pelos serviços datilográficos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
SUMMARY	xi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1. Ação gênica	7
2.2. Capacidade de combinação	15
2.3. Heterose e heterobeltiose	20
2.4. Correlações entre caracteres	27
2.5. Esquemas de cruzamento	31
3. MATERIAL E MÉTODOS	35
3.1. Material genético	35
3.2. Caracterização do ambiente	35
3.3. Procedimentos experimentais	36
3.4. Análises estatístico-genéticas	41
3.5. Heterose e heterobeltiose	64
3.6. Cruzamentos em cadeia	65
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	70
4.1. Análise de variância	70
4.2. Comportamento dos parentais, progênies F_2 e avaliação da heterose e heterobeltiose	75
4.3. Correlações entre caracteres	98
4.4. Análise dialélica de Hayman	102

4.5. Análise dialética de Griffing	135
4.6. Cruzamentos em cadeia	157
5. CONCLUSÕES	163
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	166
TABELAS	179
FIGURAS	217

ANÁLISE GENÉTICA DE UM DIALELO ENTRE GENÓTIPOS PRECOSES DE SOJA [GLYCINE MAX (L.) MERRILL]

Autor: FRANCISCO RODRIGUES FREIRE FILHO

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

RESUMO

O presente trabalho teve como objetivos principais avaliar o potencial para melhoramento de cruzamentos entre genótipos precoces de soja e comparar a eficiência para obtenção de variabilidade dos esquemas de recombinação que utilizam cruzamentos em cadeia e cruzamentos dialélicos. Foram utilizados os seguintes genótipos, incluindo cultivares comerciais e linhagens experimentais: Paraná, IAC-Foscarin-31, Coker 136, Primavera, Década, Forrest, FT 81 - 1835, SOC 81-79, Hale 321 e Palmetto. Esses genótipos foram deliberadamente escolhidos para esse estudo, de modo que as conclusões obtidas referem-se a eles próprios e suas progênies.

O estudo incluiu os dez parentais e suas 45 progênies F_2 . Todos os trabalhos foram realizados no Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Instituto de

Genética da ESALQ/USP e o experimento foi conduzido no Campus da ESALQ, em Piracicaba-SP, no período de outubro/86 a abril/87. O ambiente é caracterizado por situar-se a 22°42'30" de latitude sul, 47°38'00" de longitude oeste e 537 m de altitude. Foi usado o delineamento em látice 8 x 8, tendo-se para isso incluído nove tratamentos adicionais. Foram feitas seis repetições sendo cada parcela representada por uma fileira de 5 m de comprimento. O espaçamento foi de 1,0 m entre fileiras, deixando-se após o desbaste, dez plantas por metro linear. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento (NDF) e para maturidade (NDM); número de internódios no florescimento (NIF) e na maturidade (NIM); altura da planta no florescimento (APF) e na maturidade (APM); acamamento (Ac), valor agrônômico (VA) e produtividade de plantas individuais (PPI) e da parcela (PP), na maturidade.

Com exceção dos caracteres APF e APM o látice não apresentou eficiência em relação a blocos casualizados; desse modo, foram excluídos os tratamentos adicionais e as análises foram refeitas em blocos. Os estudos genéticos compreenderam estimativas de heterose e heterobeltiose, correlações, análise dialética de HAYMAN (1958), análise da capacidade de combinação através do método 2, modelo misto B de GRIFFING (1956b) e avaliação da eficiência do esquema de cruzamento em cadeia para obtenção de variabilidade.

A partir das análises realizadas, foram obtidas as seguintes conclusões: a) os parentais e progênes F_2 foram significativamente diferentes entre si para todos os caracteres, revelando um grande potencial para a formação de uma população de ampla base genética; b) para todos os caracteres houve uma ampla variação da heterose e da heterobel_utiose, porém nem sempre as maiores heteroses e heterobel_utioses estiveram associadas às maiores médias e variâncias; c) as correlações genotípicas foram geralmente maiores que as fenotípicas e de ambiente. As correlações fenotípicas geralmente apresentaram o mesmo sinal da genotípica, de modo que o fenótipo refletiu satisfatoriamente o genótipo. Os caracteres relacionados à maturidade mostraram-se ser os mais importantes para o melhoramento da produtividade; d) a análise gráfica revelou sobredominância para a maioria dos caracteres, porém, na análise numérica a variância aditiva revelou-se mais importante. As herdabilidades foram relativamente altas, com exceção da herdabilidade no sentido restrito nos caracteres produtividade da parcela ($h_r^2 = 0,132$), valor agrônomo ($h_r^2 = 0,289$) e altura da planta na maturidade ($h_r^2 = 0,335$); e) a CGC foi mais importante que a CEC, com a relação $CGC/(CGC + CEC)$, sendo superior a 0,7 em todos os caracteres. As estimativas de g_i , s_{ii} e s_{ij} para $i \neq j$, apresentaram uma ampla variação para todos os caracteres. Para produtividade, os parentais IAC-Foscarin-31, Palmetto, SOC 81-79 e Primavera, apresentaram consistentemente os melhores

valores de g_1 , além disso participaram dos melhores cruzamentos para esse caráter; e f) o cruzamento em cadeia representou satisfatoriamente o cruzamento dialélico em termos de média e variabilidade genética e se constituiu uma alternativa de melhor aplicabilidade para a formação de populações básicas para uso em programas de seleção recorrente.

GENETIC ANALYSIS OF A DIALLEL AMONG EARLY SOYBEAN
[GLYCINE MAX (L.) MERRILL] GENOTYPES

Author: FRANCISCO RODRIGUES FREIRE FILHO

Adviser: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

SUMMARY

Earliness is a need for growing two or more crops in a same agricultural year. This research aimed to study ten parents and their 45 diallel crosses (F_2 progenies) for evaluating the breeding potential, the type of genetic control of agronomic characters, the combining ability, and the efficiency of a chain design in terms of mean and genetic variability released in comparison to the diallel design. Based on earliness and performance in previous yield test, ten cultivars and/or experimental lines were chosen as parents: Paraná, IAC-Foscarin-31, Coker 136, Primavera, Década, Forrest, FT 81-1835, SOC 81-79, Hale 321, Palmetto. The field experiment was carried out in Genetic Institute, Faculty of Agriculture "Luiz de Queiroz" (ESALQ), University of São Paulo (USP), located in Piracicaba, State of São Paulo, Brazil, at $22^{\circ}42'30''$ South latitude, $47^{\circ}38'00''$ West

longitude and 537 m altitude. The experimental design was a 8 x 8 lattice with nine additional treatments and six replications. Plot consisted of a row 5 m long with 50 plants. The spacing between rows was 1m. Ten characters were evaluated: time to flowering (NDF), and to maturity (NDM), number of internodes in flowering (NIF), and in maturity (NIM), plant height in flowering (APF) and in maturity (APM), lodging (Ac), agronomic value (VA), seed yield of individual plant (PPI) and of plot (PP). Each character was evaluated in 12 random plants per plot; PP included 12 individual plants and the remaining plants of each plot. Because lattice design was not efficient, the analyses were made in a complete randomized block design. The genetic analysis involved heterosis, heterobeltiosis, correlation between characters, Hayman's diallel analysis, Griffing's combining ability analysis (method 2, model mixed B), comparison between chain and diallel designs. The following conclusions were taken: a) Heterosis and heterobeltiosis values showed large variation across crosses for all characters, and the largest values were not always associated to the largest means and variances. b) Generally, genotypic variances were larger than phenotypic and environmental variances; characters related to maturity (NDM, NIM, APM) were highly correlated to seed yield. c) Hayman's plot analysis revealed overdominance in all characters, and additive variance was the most important component in numerical analysis. d) The estimates of narrow sense heritability were superior to 0.60, except for (PP)

(0.13), VA (0.29), and APM (0,34): e) General combining ability represented more than 70% and specific combining ability less than 30% of all characters variability. f) Superior values of g_i and highest mean performances occurred in the crosses involving the following parents: IAC-Foscarin-31, Palmetto, SOC 81-79, and Primavera. g) The ten parent set presented genetic variability and complementary characters in appropriate levels to synthesize a population with broad genetic base for recurrent selection. h) Chain design showed mean and genetic variability in comparable levels to the diallel design, thus, becoming a practical alternative for various cycles of recombination of multiple ($n \geq 10$) parents in recurrent selection programs of autogamous species.

1. INTRODUÇÃO

A soja é uma cultura de grande importância mundial, apresentando uma produção crescente, a qual ultrapassou a casa dos 100 milhões de toneladas de grãos no ano de 1985 (FAO PRODUCTION YEARBOOKS, 1986). Acredita-se que o interesse mundial pelo cultivo da soja deva-se à excelente combinação que ela apresenta em termos de produtividade (geralmente superior a 2 t/ha) e porcentagens de óleo e proteína, em média, respectivamente 20 e 40% do peso das sementes (VELLO, 1985).

No Brasil a soja é uma cultura de destaque pelo valor econômico de sua produção, pela sua participação na alimentação humana, principalmente na forma de óleo, no arração animal, na forma de farelo e ainda como uma importante fonte de absorção de mão-de-obra, tanto na lavoura como na indústria. Desde 1975 o Brasil é o segundo produtor mundial de soja. Em 1986 a produção brasileira foi de 13.334.691 t em uma área de 9.185.551 ha, o que resulta numa produtividade de 1,45 t/ha (ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL, 1986).

Segundo BONATO & DALL'AGNOLL (1985) o cultivo da soja tornou-se economicamente importante na década de 60. Entretanto, embora relativamente recente no país, o cultivo da soja já tornou-se uma prática tradicional nas regiões Sul e Sudeste, encontrando-se em franca expansão nas regiões Centroeste e Nordeste. Essa situação faz com que a cada ano sejam exigidos cultivares mais produtivos para as áreas tradicionais e cultivares que possam se adaptar às áreas em expansão e também aos sistemas específicos de produção, como por exemplo a rotação de culturas. Nesse caso se inclui o cultivo da soja no período entre o corte da última soca (julho) e o próximo plantio da cana (fevereiro), no Estado de São Paulo. Para uso nestes sistemas, os cultivares devem ter produtividade elevada e precocidade apropriada para não atrasar o plantio da cultura subsequente (cana-de-açúcar ou outra gramínea).

Portanto, para atender a objetivos tão diversos é imprescindível que se disponha de uma ampla variabilidade genética. Contudo, HIROMOTO & VELLO (1986) mostraram que dos 74 cultivares recomendados para cultivo no ano agrícola 1983-84, 69 foram obtidos basicamente de 11 ancestrais com contribuições individuais variáveis de 3 a 15% e contribuição acumulada de cerca de 90% do conjunto gênico; alguns destes ancestrais foram procedentes das mesmas regiões da China e da Coreia. Esses dados mostram que a base genética

do germoplasma de soja adaptado às condições brasileiras é muito restrita.

Essa realidade torna necessário que alguns aspectos do melhoramento, geralmente colocados em segundo plano, passem a receber maior atenção para que sejam obtidos ganhos reais de produtividade, adaptação e para que seja diminuída a vulnerabilidade genética do material cultivado. Entre esses aspectos sobressaem-se a necessidade de um conhecimento mais preciso do potencial genético dos cultivares parentais, da capacidade de combinação e do grau de parentesco entre eles, neste caso para evitar o cruzamento entre materiais muito aparentados.

Esse trabalho faz parte do Programa de Soja do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, que entre seus objetivos visa ampliar a base genética do germoplasma de soja adaptado às condições brasileiras. Este estudo envolve genótipos precoces e tem os seguintes objetivos principais:

- a) avaliar o potencial genético e a capacidade de combinação desses materiais;
- b) estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos;

- c) identificar os cruzamentos de maior potencial com base na média, na variância da geração F_2 e na capacidade de combinação dos parentais;
- d) avaliar a eficiência do esquema de cruzamento em cadeia em relação ao dialelo completo para a obtenção de variabilidade.

2. REVISÃO DE LITERATURA

A soja é uma planta autógama e anual que pertence à família *Leguminosae*, subfamília *Papilionoideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Phaseolinae* (*Glycininae*), gênero *Glycine* L., subgênero *Soja* (Moench) F.J. Germ. e à espécie *Glycine max* (L.) Merrill, tendo $2n = 40$ cromossomos.

Não há concordância entre diferentes autores quanto ao local específico a partir do qual a soja cultivada surgiu, entretanto, há um consenso de que sua origem se deu na região leste da Ásia (BONETTI, 1981). HYMOWITZ (1970) admitiu que a soja emergiu como planta cultivada por volta do século XI A.C. na região nordeste da China, região que muito provavelmente foi o centro genético da espécie. Dessa região o cultivo da soja expandiu-se para outras regiões do país e para outros países asiáticos, possivelmente no período que vai do ano 1027 ao ano 221 A.C.. Ainda nessa região, na área correspondente a antiga Manchúria, a soja teve um grande desenvolvimento, tornando-se essa área um centro genético secundário da espécie.

A partir da Ásia a soja chegou à Europa no início do século XVIII, à América do Norte no início do século XIX e no final desse mesmo século à América do Sul (BONETTI, 1981).

No Brasil, os relatos indicam que a soja foi aqui introduzida ainda no século XIX, entretanto, seu cultivo só alcançou uma larga escala na década de 70, quando no período de 1970 a 1977 a produção teve um crescimento anual de 32% (BONATO & DAL'AGNOLL, 1985). As regiões Sul e Sudeste foram o berço da cultura no país, sendo o Rio Grande do Sul o estado a partir do qual se deu a grande expansão da cultura. Hoje a soja é cultivada em praticamente todas as regiões do Brasil, sendo ainda essas regiões os principais centros de produção. As regiões Centroeste e Nordeste constituem as principais áreas de expansão, nas quais o cultivo da soja se apresenta com grandes perspectivas.

No início do cultivo da soja no Brasil a introdução de linhagens e cultivares, seguida de seleção (geralmente entre e dentro desses materiais) constituiu-se no principal método de melhoramento adotado. VELLO (1985) relatou que os grupos de maturação V a X, cultivados no sul dos Estados Unidos, são os que apresentam maiores chances de adaptação em condições subtropicais e tropicais, ressaltando que este fato tem sido muito bem explorado pelos melhoristas brasileiros. Segundo BONATO & BONATO (1987), a fácil adaptação de

cultivares e técnicas de cultivo oriundas do sul dos Estados Unidos, foram alguns dos principais fatores que contribuíram para a fixação e desenvolvimento da cultura no Brasil.

Com o crescimento da importância da cultura os programas de melhoramento nacionais foram se estruturando e começando a liberar seus primeiros cultivares. Por volta de 1980 dos 48 cultivares recomendados para cultivo, 26 haviam sido obtidos de cruzamentos feitos no Brasil (KASTER & BONATO, 1981). Geralmente, têm sido usados repetidamente os materiais melhor adaptados como parentais. HIROMOTO & VELLO (1986) chamaram a atenção para esse fato e alertaram para a base genética estreita desse germoplasma e mencionaram que o programa de melhoramento da soja brasileiro pode ser considerado como um terceiro ciclo de seleção recorrente, considerando-se que dois parentais foram cruzados em cada geração. Diante desse quadro surge a necessidade de dentro do possível se evitar cruzamentos entre materiais muito aparentados e de se ampliar a base genética do germoplasma brasileiro.

2.1. AÇÃO GÊNICA

Para a implementação de um programa de melhoramento eficiente o melhorista deve ter um bom conhecimento sobre a genética da espécie com que vai trabalhar e sobre as potencialidades genéticas do material a partir do qual vai efetuar o melhoramento. Em soja, vários estudos da genética

de caracteres agronômicos têm sido realizados com vistas a obtenção de subsídios para o estabelecimento de estratégias eficientes de seleção.

BRIM & COCKERHAM (1961) através da covariância entre gerações estudaram a genética de nove caracteres de soja, entre os quais a produtividade. Com base em progênies F_3 , F_4 e F_5 dos cruzamentos N 48-4860 x Lee e Roanoke x Lee, os autores avaliaram o ajustamento de seis diferentes modelos genotípicos: 1 - aditivo; 2 - dominante; 3 - epistático aditivo x aditivo; 4 - aditivo e dominante; 5 - aditivo e epistático aditivo x aditivo; e 6 - aditivo, dominante e epistático aditivo x aditivo. Com exceção do modelo 2 - dominante, todos apresentaram altos coeficientes de determinação. Os resultados mostraram que os efeitos aditivos foram notoriamente mais importantes para todos os nove caracteres. Os autores mencionaram que esses resultados fortalecem a opinião de que a dominância tem tido pouca significância evolucionária e é de pequena importância em espécies autógamas. Relataram também que a completa ausência de efeitos gênicos de dominância é improvável, mas que os mesmos são de pequena magnitude comparados aos efeitos aditivos e que essa mesma conclusão pode ser tirada em relação aos efeitos epistáticos aditivo x aditivo.

HANSON & WEBER (1961, 1962), a partir de linhas homozigóticas obtidas de plantas F_2 do cruzamento Adams

x Howkeye, usaram covariância entre gerações para fazer a partição da variabilidade genética (σ_G^2) nos componentes aditivos (σ_A^2) e epistático aditivo x aditivo (σ_{AA}^2). Neste caso, como se admite que todos os locos estão em homozigose, não é incluída a variância devido a dominância nem a variância devido a efeitos epistático que envolvem dominância. Conseqüentemente, a variância genética compreende apenas as variâncias genética aditiva e epistática aditiva x aditiva, ou seja, $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_{AA}^2$. Para os caracteres estudados, com exceção da produtividade e da porcentagem de óleo, a variância aditiva foi superior à variância epistática. As variâncias epistáticas para os caracteres altura e acamamento foram negativas. Com exceção do peso da semente e da porcentagem de óleo, os erros das estimativas da variância epistática foram maiores que a própria estimativa. Evidência real de epistasia foi obtida para porcentagem de óleo, havendo também indicação que a epistasia pode ser uma fonte de variabilidade genética para produtividade. A razão entre a variância epistática e a genética (σ_{AA}^2/σ_G^2) para produtividade, maturação, peso da semente e porcentagem de óleo foram respectivamente de 0,70; 0,19; 0,38 e 0,52 .

HANSON et alii (1967), também a partir de covariância e usando linhagens homozigóticas obtidas de um dialelo 8 x 8 após dois ciclos sucessivos de inter cruzamentos, fizeram a partição da variância genética em aditiva e epistática aditiva x aditiva. Para a maioria dos caracteres estuda-

dos houve predominância da variância aditiva. A razão entre a variância epistática e a variância genética (σ_{AA}^2/σ_G^2) estimada apresentou valores médios de 0,69; 0,49; 0,17 e 0,17, respectivamente para produção, maturidade, acamamento e altura da planta. Para mancha púrpura e mosqueamento essa relação foi respectivamente de 0,58 e 0,56. Para outros caracteres como porcentagem de proteína e óleo, essa relação foi zero ou próxima de zero, uma vez que a variância epistática foi de pequena magnitude.

Com exceção da porcentagem de óleo, os resultados desse estudo são muito semelhantes aos apresentados por HANSON & WEBER (1961, 1962) e confirmam a importância da variância epistática para produtividade e maturidade. Com relação à variância epistática, os trabalhos de HANSON & WEBER (1961, 1962) e HANSON et alii (1967) chegaram a resultados diferentes dos obtidos por BRIM & COCKERHAM (1961) que não constatarem evidências contundentes da importância da variância epistática aditiva x aditiva. Entretanto, estes autores trabalharam com material contendo um certo grau de heteroziguidade, de maneira que a presença de efeitos de dominância poderia ser a razão (ou uma das razões) para a diferença entre os resultados obtidos.

CECON et alii (1985) utilizando o delineamento II de COMSTOCK & ROBINSON (1948), estudaram nas gerações F_2 e F_3 a genética de cinco caracteres. Em ambas gerações

constatarem predominância da variância genética aditiva para os caracteres dias para a maturidade, altura da planta e número de nós por planta. Para os caracteres número de vagens por planta e número de sementes por planta houve predominância da variância genética dominante em F_2 e da variância aditiva em F_3 . Os autores relataram que o maior número de observações realizadas em F_3 parece ter melhorado a eficiência do método de estimação dos parâmetros. Por outro lado, CAMACHO (1971) através de covariâncias, a partir das gerações F_3 e F_4 obteve predominância da variância genética dominante para a altura da planta no florescimento e para o período reprodutivo.

Com base na metodologia de HAYMAN (1954b), LEFFEL & WEISS (1958) obtiveram estimativas para a variância genética aditiva maiores que para a variância genética dominante para os caracteres dias para o florescimento, período reprodutivo, dias para a maturidade, altura da planta e tamanho da semente, na geração F_1 . Para produtividade foram realizadas duas análises; na primeira só foi constatada variância aditiva; na segunda, na qual foram excluídos e acrescentados alguns parentais em relação à primeira, a variância devido à dominância foi maior que a aditiva. Desse modo, se evidencia que os parentais e suas progênes influíram na expressão do controle do caráter. BHATADE et alii (1977), também em F_1 , obtiveram estimativas significativas para a va-

riância genética aditiva para os caracteres produtividade, vagens por planta, ramos por planta e altura da planta. A estimativa da variância genética devida à dominância não foi significativa para nenhum desses caracteres. LEFFEL & HANSON (1961), nas gerações F_2 e F_3 , para o caráter produtividade obtiveram maiores estimativas para a variância devido aos efeitos de dominância. Para outros caracteres estudados não houve consistência entre as estimativas. Entretanto, os autores relataram que a variância devido à dominância foi significativa para tamanho e qualidade da semente, maturidade, altura e acamamento. TOLEDO & KIIHL (1982b) obtiveram predominância da variância genética aditiva para dias para o florescimento e número de folhas trifoliadas.

Através dos trabalhos revisados constatou-se que nos estudos genéticos com soja, particularmente, para a ação gênica, têm sido usadas diferentes metodologias e também materiais com diferentes níveis de homozigose. Para a maioria dos caracteres tem sido constatada a ocorrência do modelo aditivo-dominante, geralmente com predominância da variância genética aditiva. Esse é um dado muito importante para o melhoramento; primeiro, porque a média dos caracteres pouco se altera de uma geração para outra; segundo, porque a variância genética é prontamente transmitida de uma geração para outra; e terceiro, porque permite a realização de testes precoces, possibilitando a seleção em vários níveis de endo-

gamia (BRIM & COCKERHAM, 1961). Entretanto, particularmente, para produtividade, nos estudos de HANSON & WEBER (1961, 1962) e HANSON *et alii* (1967), que trabalharam com linhagens homozigóticas, que é o estado natural das plantas autógamas, foram apresentadas fortes evidências de que a epistasia é uma importante fonte de variabilidade para esse caráter.

ST. MARTIN (1981) discutiu a importância da epistasia no melhoramento de soja considerando: a) seleção de linhagens; b) cruzamento multiparental seguido de inter-cruzamento; e c) seleção recorrente. É importante frisar que essa discussão é válida também para outras plantas autógamas. Segundo aquele autor, para seleção entre linhagens extraídas ao acaso de uma população em equilíbrio de ligação o valor genético das linhagens pode ser ajustado para o modelo $G = u + A + AA$, onde u é a média da população, A e AA representam os desvios associados aos efeitos gênicos aditivo e epistático aditivo x aditivo, respectivamente. Desse modo, a variância genética (σ_G^2) entre linhagens pode ser decomposta em $\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_{AA}^2$, onde σ_A^2 é a variância genética aditiva e σ_{AA}^2 a variância genética epistática aditiva x aditiva. Portanto, partindo do conhecimento de que neste caso o coeficiente de regressão (b) entre as progênies e o valor genético médio dos parentais é $b = 1 - 1/2 k$ e que $k = \sigma_{AA}^2 / \sigma_G^2$ corresponde à parte da variância genética atribuída à epistasia, verifica-se que quanto maior o valor de k , menor será o de b , e por conseguinte, as progênies apresentarão

um valor menor do que o esperado com base no diferencial de seleção empregado nos parentais. Por exemplo, tomando $k = 0,70$ e duas linhagens produzindo 10% acima da média da população, nas progênies do cruzamento dessas linhagens, o valor real esperado será de apenas 6,5% e não 10% acima da média da população. Em termos qualitativos a seleção entre linhagens homozigóticas atua sobre ambos os componentes aditivo e epistático, entretanto, enquanto o componente aditivo está associado a alelos o epistático é decorrente de combinações interalélicas. Estas combinações estão sujeitas a quebras e redistribuição ao acaso, não sendo necessariamente transmitidas de maneira intacta.

Esse mesmo raciocínio ST. MARTIN (1981) estendeu para cruzamentos multiparentais seguido de intercruzamentos, afirmando que o número de gerações de intercruzamentos não tem efeito na depressão do rendimento, exceto quando os locos epistáticos são ligados. No caso da seleção recorrente, o ganho genético esperado (ΔG) por ciclo é $\Delta G = 1/2 [i(1+I)\sigma_A^2/\sigma_p]$, onde i é o diferencial de seleção estandarizado, I é o coeficiente de endogamia dos parentais e σ_p é o desvio padrão fenotípico com base na média das famílias. O autor chamou a atenção para o fato de que a epistasia contribui para o denominador mas não para o numerador. Desse modo, se a epistasia for um componente importante, as estimativas de ganho genético baseadas na suposição de que toda a variância genética é aditiva, poderão ser imprecisas.

O fato é que a existência da variância epistática do tipo aditivo x aditivo em níveis significativos, altera as estratégias de seleção, a qual deve ser feita de modo a preservar essas interações. HANSON & WEBER (1962) afirmaram que a variância epistática envolvendo efeitos aditivos, em culturas autógamas, deve ser usada na predição do ganho genético dentro de uma população de linhagens homozigóticas. Afirmaram ainda que a razão da superioridade de um genótipo não é importante, desde que esse genótipo possa ser mantido.

2.2. CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO

Os melhoristas de plantas autógamas geralmente enfrentam algumas dificuldades quando pretendem selecionar parentais e cruzamentos com vistas a identificar aqueles que possam produzir progênie com alto potencial de rendimento. Os esquemas de cruzamentos dialélicos completo ou parcial que possibilitam a estimação das capacidades geral e específica de combinação têm se mostrado como uma alternativa satisfatória para minimizar essas dificuldades. Mesmo em plantas que apresentam um certo grau de dificuldade prática para a realização de cruzamentos, como a soja, o esquema dialélico tem sido usado. GILBERT (1958) afirmou que a análise poligênica de um cruzamento dialélico sofre de vários defeitos técnicos, mas em alguns casos os resultados desses defeitos não parecem ser diretamente relevantes para o melhoramento prático.

Os termos "capacidade geral de combinação" (CGC) e "capacidade específica de combinação" (CEC) foram definidos por SPRAGUE & TATUM (1942) e têm sido usados para designar o comportamento do material em cruzamentos. O primeiro é usado para caracterizar o comportamento médio de uma linhagem, cultivar ou outro material genético em uma série de combinações híbridas. O segundo para caracterizar os casos nos quais certas combinações híbridas se apresentam relativamente melhores ou piores do que poderia ser esperado com base no comportamento médio dos respectivos parentais. Segundo GRIFFING (1956b) esses termos são especialmente úteis quando se deseja avaliar e comparar o comportamento de linhagens em combinações híbridas.

A princípio, esses conceitos foram desenvolvidos para plantas alógamas onde a seleção de linhagens parentais para produção de híbridos é bastante rigorosa. Entretanto, devido ao valor prático para estudos genéticos e para a seleção de parentais de um modo geral, têm sido bastante usados em plantas autógamas.

Em soja a metodologia de análise dialélica mais utilizada é a apresentada por GRIFFING (1956b), mais precisamente o método 2, modelo 1 (BHATADE et alii, 1977; KAW & MENON, 1980, 1981; SRIVASTAVA et alii, 1978a; SRIVASTAVA et alii 1978b) e método 4, modelo 1 (KUNTA et alii, 1985; LEFFEL & WEIS, 1958; SABBOUH & EDWARDS, 1985; WEBER et alii,

1970). No método 2 são usados os parentais e o conjunto de F_1 sem recíprocos e no método 4 é usado apenas o conjunto de F_1 , sem parentais e sem recíprocos. No modelo 1 todos os efeitos são fixos, com exceção do erro. É importante observar que ambos esses métodos têm sido empregados também em F_2 (BHATADE *et alii*, 1977; SRIVASTAVA *et alii*, 1978a; SABBOUH & EDWARDS, 1985).

Vários estudos têm sido feitos para avaliar a capacidade de combinação de genótipos de soja para diferentes caracteres. Entre os caracteres mais estudados estão a produtividade, número de vagens por planta, tamanho da semente, número de dias para a maturidade, altura da planta na maturidade e número de dias para o florescimento. Na verdade, esses caracteres estão entre os mais importantes quando se visa o melhoramento para produção e adaptação. Invariavelmente, em todos os estudos em que esses caracteres foram incluídos, o quadrado médio da CGC foi significativo ao nível de probabilidade de 1%, tanto na geração F_1 quanto na F_2 . Porém, o mesmo não aconteceu com a CEC que em alguns casos foi significativa somente ao nível de probabilidade de 5% e em outros foi não significativa. A única exceção foi no trabalho de KUNTA *et alii* (1985) em que no caráter produção somente a CEC foi significativa. De um modo geral, também em todos os caracteres mencionados, a relação entre CGC e CEC foi superior a um. Para produtividade em F_1 essa relação apresentou os seguintes valores 1,9 (KAW & MENON, 1980), 10,4

(PASCHAL II & WILCOX, 1975), 1,1 (SRIVASTAVA *et alii*, 1978b) e 1,63 (WEBER *et alii*, 1970). Para F_2 os valores foram de 3,85 (BHATADE *et alii*, 1977) e 1,5 (SRIVASTAVA *et alii*, 1978a). Para os demais caracteres mencionados essa relação foi bem superior, apresentando em alguns casos valores maiores do que 20, como no caráter tamanho da semente (KAW & MENON, 1980) e altura da planta na maturidade (KAW & MENON, 1981). Como a CGC é decorrente principalmente da variância genética aditiva e da epistática aditiva x aditiva e a CEC da variância genética dominante e de vários outros tipos de componentes da interação epistática (GRIFFING, 1956a; KEMPTHORNE & CURNOW, 1961) evidencia-se que esses caracteres são controlados predominantemente por genes de efeitos aditivos. É importante observar que outros caracteres menos estudados como altura da planta no florescimento (BHATADE *et alii*, 1977; SRIVASTAVA *et alii*, 1978a; KAW & MENON, 1981) e acamamento, peso da planta, índice de colheita e número de sementes por vagem (PASCHAL II & WILCOX, 1975) também apresentaram relação entre CGC e CEC maior que um e, portanto, também devem se enquadrar nesse tipo de controle genético.

PASCHAL II & WILCOX (1975), relataram que constataram interações entre CGC e CEC com ano para vários caracteres, já KUNTA *et alii* (1985) mencionaram que constataram somente interação de CGC com ano. Entretanto, PASCHAL II & WILCOX (1975), afirmaram que embora essas interações tenham sido significativas, elas foram de pequena magnitude em rela-

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

KAW & MENON (1980, 1981) obtiveram correlações significativas, geralmente superiores a 0,90, entre comportamento médio dos parentais e suas respectivas CGC para produtividade, componentes da produtividade de outros caracteres. Embora outras interpretações possam ser dadas a esses resultados, em termos práticos, a mais importante é que uma seleção preliminar para CGC poderá ser feita com base no comportamento médio dos genótipos. GILBERT (1958) afirmou que o comportamento dos parentais por si só fornece uma razoável predição do comportamento relativo dos híbridos, mas que o cruzamento dialélico oferece mais informações. E acrescentou, se isto poderá ser usado para caracterizar o potencial, a longo prazo, de um material no começo de um programa de melhoramento de longa duração, não se sabe.

Segundo KAW & MENON (1981) um grande valor da CGC em relação a CEC sugere que os parentais, os quais têm um bom valor da CGC para um caráter particular, tem maior chance de produzir progênies superiores, de modo que a predição de comportamento com base na CGC poderá ser geralmente válida. Entretanto, vale salientar que a CGC terá um bom poder de predição na medida em que variância epistática aditiva x aditiva for de pequena magnitude. Caso contrário, se

essa interação epistática for de grande magnitude, como ela está sujeita a quebras e redistribuição ao acaso, a CGC terá pouco valor de predição.

2.3. HETEROSE E HETEROBELTIOSE

O vigor de híbrido é a expressão fenotípica da heterose, a qual é um fenômeno genético, em outras palavras, heterose e vigor híbrido têm a mesma relação que existe entre o mecanismo e seu produto, desse modo, todos fatores que interagem com a expressão genética poderão afetar o vigor do híbrido (SINHA & KHANNA, 1975).

O comportamento de gerações híbridas, ou seja, o efeito da heterose pode ser avaliado em relação a vários pontos referenciais. O mais comum é a comparação com a média dos parentais, sendo essa medida chamada de "heterose". A comparação freqüentemente também é feita em relação ao parental superior, neste caso, essa medida tem sido chamada de "heterobeltiose". Outra possibilidade é comparar a geração híbrida com um cultivar ou híbrido comercial tomado como padrão. Essa medida tem sido denominada de "heterose padrão" (VIRMANI & EDWARDS, 1983).

A soja embora sendo uma planta autógama, na qual a obtenção de sementes híbridas é relativamente difícil e a exploração do vigor híbrido é um objetivo que ainda está por ser al

cançado, tem sido objeto de vários estudos sobre heterose e heterobeltiose. WENTZ & STEWART (1924) realizaram, provavelmente, um dos primeiros estudos sobre heterose em soja. Para quatro cruzamentos avaliados juntamente com os respectivos parentais, obtiveram valores de heterose para altura de planta de -8,70 a 11,93%, com um dos cruzamentos apresentando heterobeltiose de 7,56%. Para produtividade por planta obtiveram heterose que variou de 59,50 a 299,85%; todos os quatro cruzamentos apresentaram heterobeltiose para esse caráter.

VEATCH (1930), na média de 16 cruzamentos, constatou heterose praticamente para todos os caracteres estudados, entretanto, as maiores médias de heterose foram obtidas para produtividade por planta, 35,5%, número de nós, 24,8%, altura de planta, 15,0% e número de dias para o florescimento, 7,9%. Para esses mesmos caracteres a média da heterobeltiose foi respectivamente de 19,5; 8,0; 2,1 e 0,6%. O autor relatou que em soja o valor prático da heterose é determinado pela possibilidade da mesma ser transmitida aos descendentes.

WEISS et alii (1947) avaliaram a geração F₁ de 17 cruzamentos em casa de vegetação e em condições de campo. Em ambas as condições obtiveram heterose e heterobeltiose para produtividade; porém, os resultados não foram concordantes, havendo cruzamentos que apresentaram altos valores para heterose e heterobeltiose em uma condição e baixos valores na outra condição. Comparações feitas entre as médias da gera

ração F_1 com as médias de linhagens F_5 selecionadas e dos "bulks" mostraram que não houve consistência de comportamento. Esses resultados evidenciam que a heterose e a heterobeltiose não são bons critérios para predizer o potencial de um cruzamento. LEFFEL & HANSON (1961) chegaram à conclusão semelhante. Porém, vale observar que em ambos estudos as plantas F_1 foram semeadas em espaçamentos largos, ou seja, maior que o convencional, isso provavelmente influenciou os resultados.

WEBER et alii (1970) constataram heterose para produtividade, tamanho da semente, altura de planta, maturidade e peso seco da planta. Heterobeltiose positiva foi verificada somente para produtividade. Esse estudo abrangeu vários anos e a heterose e a heterobeltiose, para produtividade, foram relativamente consistentes através dos anos, apresentando médias respectivamente de 25,1 e 13,4%.

CHAUDHARY & SINGH (1974) observaram heterose para vários caracteres; com exceção do número de dias para o florescimento e do tamanho das sementes que apresentaram médias negativas (respectivamente, -0,9 e -1,6%), os demais apresentaram médias positivas; altura de planta 39,2%; número de nós na haste principal 24,5%; ramos primários, 18,9%; número de vagens, 55,1%; número de sementes 59,9%; sementes por vagem 0,9%; e produção de sementes por planta, 57,2%. Heterobeltiose foi observada em diferentes cruzamentos para praticamente todos caracteres. Para produtividade a hetero-

beltiose variou de -30,3 a 67,8%, e teve uma média de 26,1%. Esses autores chamaram a atenção que a heterose para produtividade, parece estar relacionada à heterose para outros componentes da produtividade, como número de nós, número de ramos e altura da planta, que direta ou indiretamente contribuem para aumentar o número de vagens e, conseqüentemente, a produtividade da planta.

A diversidade de origem geográfica do material genético tem sido relatada como a chave para a diversidade genética e conseqüentemente para heterose (PASCHAL II & WILCOX, 1975). Entretanto, a partir de um estudo que envolveu cruzamentos entre genótipos de diferentes origens (China e Coréia) e cultivares melhorados nos Estados Unidos, esses autores observaram que não existe uma relação clara entre origem geográfica e heterose. Além de terem obtido heterose para vários caracteres, esses autores ainda verificaram que, a produtividade, a heterose e a heterobeltiose foram levemente superiores nos cruzamentos envolvendo parentais da mesma origem (16,4 e 9,4%) do que nos cruzamentos entre parentais de origens diferentes (15,5 e 7,0%). O caráter peso da planta, que segundo esses autores é talvez melhor indicador de heterose do que a produtividade, apresentou resultados se semelhantes a este caráter. A heterose e a heterobeltiose para parentais da mesma origem foram respectivamente de 15,1 e 7,7% e para parentais de origem diferentes, respectivamente 14,5 e 6,4%. PASCHAL II & WILCOX (1975) explicaram que possi-

velmente as populações das quais esses genótipos foram obtidos não estiveram suficientemente isoladas para possibilitar uma marcante divergência de biótipos.

CHAUHAN & SINGH (1982) em um estudo de heterose, no qual fizeram também um estudo da distância genética entre os parentais, obtiveram uma grande variação para as estimativas da heterose para vários caracteres: produtividade (-2,3 a 177,8%), número de vagens por planta (-7,9 a 143,5%), número de ramos primários (3,7 a 57,1%) e altura da planta (-4,4 a 29,8%). Relataram que com o aumento da divergência entre parentais há um aumento da heterose até um certo limite. Para produtividade, a partir desse limite, a heterose é parcialmente cancelada devido à heterose negativa em alguns de seus componentes; citaram porém, que foram observadas algumas inconsistências. Mencionaram que geralmente as progênes que exibiram maior vigor de híbrido em F_1 apresentaram maior variabilidade em F_2 e que para produtividade a relação entre heterose e variabilidade foi evidente. Relataram ainda que a diversidade genética parece ser essencial para a manifestação da heterose, contudo, consideraram que os dados disponíveis são insuficientes para estabelecer uma correlação definitiva entre divergência genética e heterose.

A influência do grupo de maturação na manifestação da heterose foi estudada por CAMPOS (1979), a partir de um dialelo parcial 4×4 , no qual foram incluídos dois parentais de cada um dos seguintes grupos de maturação VI, VII,

VIII e IX. O autor constatou heterose positiva para a maioria dos caracteres estudados, porém, a heterose média, com exceção da produtividade (19,0%), peso da planta (15,8%), número de sementes por planta (11,1%) e número de vagens (9,5%) apresentou valores muito baixos. A heterobeltiose média foi negativa para a maioria dos caracteres, exceções feitas à produtividade com média de 3,3% e tamanho da semente com média de 0,6%. O autor afirmou que a manifestação da heterose em diferentes híbridos tanto para produtividade como para os demais caracteres, mostrou-se mais dependente da capacidade de combinação de cada parental do que do grupo de maturação.

KUNTA et alii (1985) estudaram a manifestação da heterose em vários caracteres obtendo os maiores valores médios para produtividade (24,6%), número de vagens por planta (18,0%), peso da planta (19,5%) e altura da planta (13,5%). Esses mesmos caracteres apresentaram os maiores valores para a heterobeltiose, respectivamente, 20,1; 6,9; 14,0 e 7,6%. Esses autores estudaram a interação parentais x anos e híbridos x anos e constataram que os híbridos foram mais estáveis que os parentais para produtividade e outros componentes da produtividade. Esse é um resultado importante e apresenta-se como uma possível vantagem dos híbridos em relação à genótipos homozigóticos de soja.

Como muito bem afirmou VEATCH (1930), em soja, onde pelo menos a curto e possivelmente médio prazos o objetivo final do melhoramento deverá ser a obtenção de li-

nhagens, o vigor híbrido é importante na medida em que ele pouco se altere, através do processo de homozigose. MEHTA et alii (1984) estudaram o comportamento da produtividade de 12 cruzamentos de soja nas gerações F_1 , F_2 e F_3 . Constataram heterose e heterobeliose significativas em vários cruzamentos, obtendo para esses parâmetros médias, respectivamente de 90,0 e 57,8%. Nas gerações F_2 e F_3 obtiveram uma média de depressão por endogamia de 24,1 e 30,2%. Houve uma grande variação entre cruzamentos quanto a heterose, heterobeliose e depressão por endogamia, porém, a maioria dos cruzamentos que apresentaram heterose e heterobeliose significativas apresentaram também perdas significativas por endogamia em F_2 e F_3 . Esses resultados mostram que o efeito heterótico em grande parte deveu-se à ação gênica não-aditiva. Contudo, houve alguns cruzamentos que, mesmo com perdas significativas por endogamia, apresentaram em F_3 médias aproximadamente iguais ou um pouco superior ao parental mais produtivo. Esse é um resultado importante porque, dependendo da magnitude da variância genética desses cruzamentos em F_3 , pode haver possibilidade de serem obtidas linhagens superiores ao parental mais produtivo.

A partir dessa revisão constatou-se que a soja apresenta heterose e heterobeliose para produtividade, componentes da produtividade e vários outros caracteres agrônomicos. Constatou-se também que a heterose pela própria natureza da ação gênica não-aditiva, da qual ela decorre, tem um

valor limitado para o melhoramento da soja. Por outro lado, se evidencia que o uso do vigor de híbrido tem potencial para promover um considerável aumento na produtividade da soja, estando sua exploração comercial na dependência do desenvolvimento de um método econômico para produção de sementes híbridas em larga escala; a este respeito, a dispersão ineficiente do pólen parece ser o principal fator limitante.

2.4. CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

A correlação reflete o grau de associação entre caracteres. Seu conhecimento pelo melhorista é importante porque mostra como a seleção para um caráter influencia a expressão de outros caracteres. Nos programas de melhoramento, geralmente, além de se visar o aprimoramento de um caráter principal busca-se também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres.

A correlação entre caracteres tem duas causas principais, uma genética e outra de ambiente. As causas genéticas são principalmente a pleiotropia e a ligação gênica; essa ligação causa correlações passageiras, particularmente quando as populações são derivadas de parentais divergentes. A correlação de ambiente entre caracteres ocorre quando os mesmos são influenciados pelas mesmas diferenças de condições do ambiente (FALCONER, 1960).

A correlação pode ser estimada em três níveis fenotípico, genotípico e de ambiente. No nível fenotípico estão envolvidas tanto as causas genéticas como as de ambiente. VENCOSKY (1978) chamou atenção para o fato de que a correlação fenotípica é o que se observa no campo e a genotípica é a que mede realmente a associação genética entre os caracteres. JOHNSON et alii (1955b) mencionaram que as correlações genotípicas e fenotípicas são úteis no planejamento e avaliações em programas de melhoramento, podendo facilitar a interpretação de resultados e contribuir para a estruturação de programas mais eficientes.

Em soja tem sido realizado um grande número de estudos sobre correlação de caracteres, notadamente entre aqueles de valor agrônômico. Os estudos em sua maioria referem-se às correlações genotípicas e ou fenotípicas. Nos trabalhos em que foram estimadas as correlações genotípicas e fenotípicas constata-se que geralmente elas têm o mesmo sinal e que, com poucas exceções, as correlações genotípicas são maiores que as fenotípicas (ANAND & TORRIE, 1963; BYTH et alii, 1969; CAVINESS & PRONGSIRIVATHANA, 1968; FEHR & WEBER, 1968; JOHNSON et alii, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964; SMITH & WEBER, 1968).

Para produtividade têm sido obtidas estimativas de correlação positiva com número de vagens por planta,

número de sementes por vagem (ANAND & TORRIE, 1967; CAMPOS, 1979; JOHNSON et alii, 1955b; PANDEY & TORRIE, 1973), número de dias para a maturidade (ANAND & TORRIE, 1963; HARRISON et alii, 1981; JOHNSON et alii, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964; SIMPSON & WILCOX, 1983) e período de frutificação (ANAND & TORRIE, 1963; BYTH et alii, 1969; JOHNSON et alii, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964).

Nas correlações da produtividade com acamamento, altura da planta e número de dias para o florescimento, embora predominando as estimativas positivas (ANAND & TORRIE, 1963; KNOW & TORRIE, 1964 e SIMPSON & WILCOX, 1983), têm sido obtidos também estimativas negativas (BYTH et alii, 1969; JOHNSON et alii, 1955b).

As correlações da produtividade com o peso de cem sementes apresentaram uma ampla variação, tanto em magnitude como em direção (ANAND & TORRIE, 1963; HARRISON et alii, 1981; JOHNSON et alii, 1955b).

Para o caráter número de vagens por planta ANAND & TORRIE (1963) obtiveram correlações negativas com o número de sementes por vagem e peso de cem sementes, resultados que estão em acordo com os obtidos por JOHNSON et alii, (1955b). Obtiveram também correlações positivas desse caráter com número de dias para o florescimento, número de dias para a maturidade, acamamento e período de frutificação. Por outro lado, JOHNSON et alii (1955b) correlacionando o número

de vagens por planta com esses mesmos caracteres obtiveram correlação positiva somente com acamamento.

Para o número de sementes por vagem as correlações com peso de cem sementes, número de dias para florescimento, maturidade, altura da planta, acamamento e frutificação obtidas por ANAND & TORRIE (1963) foram predominantemente negativas. Já JOHNSON *et alii* (1955b) obtiveram correlações positivas desse caráter com número de dias para o florescimento, altura e acamamento.

No caráter peso de cem sementes as estimativas de correlação com a maioria dos caracteres mencionados foi negativa, exceção feita ao número de dias para a maturidade (JOHNSON *et alii*, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964).

As porcentagens de óleo e proteína que são dois caracteres da maior importância em soja, com raras exceções, apresentaram correlações negativas ou próximas de zero com a maioria dos caracteres (JOHNSON *et alii*, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964; SIMPSON & WEBER, 1983; SIMTH & WEBER, 1968; FEHR & WEBER, 1968). As correlações entre óleo e proteína obtidas por vários autores têm sido invariavelmente negativas (GUPTA *et alii*; JOHNSON *et alii*, 1955b; KNOW & TORRIE, 1964; SIMPSON & WILCOX, 1983).

Em soja, com raras exceções, se observa uma grande variação entre as estimativas de correlação entre caracteres, em direção e principalmente em magnitude, entre trabalhos diferentes e em um mesmo trabalho entre cruzamentos ou populações diferentes. Esse é um fato importante porque mostra que o grau de associação entre caracteres pode ser bastante diferente de uma população para outra. Evidentemente que com o acúmulo de estimativas se obtém uma indicação de direção predominante da correlação e do nível de associação entre os caracteres, o que se constitui um subsídio importante para o melhorista. Entretanto, o que parece razoável é que para populações que deverão ser trabalhadas por médio a longo prazos, para que o melhorista tenha maior eficiência no processo de seleção, as correlações devem ser estimadas na própria população sob melhoramento.

2.5. ESQUEMAS DE CRUZAMENTO

Em plantas autógamas há um certo consenso de que o cruzamento biparental tem sido o esquema mais usado para a obtenção de variabilidade (FREY, 1976). Entretanto, o que os melhoristas têm feito cruzando ano após ano os cultivares melhorados entre si, é um processo de seleção recorrente a longo prazo, a partir de cruzamentos biparentais. O melhoramento da soja no Brasil é um exemplo disso. Atualmente, se considera que os materiais brasileiros correspon-

dem ao terceiro ciclo de seleção recorrente em relação aos primeiros cultivares melhorados (HIROMOTO & VELLO, 1986).

FREY (1976), afirmou que as recombinações possíveis a partir de cruzamentos biparentais são bastante restritas para permitir um rápido progresso em espécies autógamas. Vários autores têm apresentado esquemas alternativos de cruzamento para aumentar a variabilidade inicial disponível para prática de seleção. Harlan (1940)¹ citado por FREY (1976) propôs um esquema de cruzamentos múltiplos e Mackey (1954)², também citado por FREY (1976), apresentou um esquema modificado de retrocruzamentos.

JENSEN (1970), apresentou um esquema de cruzamento bastante flexível com várias alternativas a serem seguidas em função do número e do tipo de parentais a serem usados. Segundo o autor esse esquema constitui-se em um suplemento aos métodos convencionais de melhoramento de plantas autógamas. Nele é possível a formação de uma ou mais populações híbridas a partir de cruzamentos envolvendo vários parentais.

¹ HARLAN, H.V.; MARTINI, M.L.; STEVENS, H. A study of methods in barley breeding. USDA. Technical Bulletin, Washington, 720 :1-26, 1940.

² MACKEY, J. Breeding of oats. Habnbuch für Pflanzenzüchtung, 2: 512-17, 1954.

STUBER (1980), relacionou uma série de alternativas para obtenção de variabilidade como cruzamento biparental, triplo, duplo, múltiplo, retrocruzamento, cruzamentos dialélicos e cruzamentos em cadeia, que são aplicáveis a espécies autógamas.

A formação da população básica em plantas autógamas é geralmente uma etapa relativamente difícil: primeiro porque para um mesmo número de parentais não há informações sobre a eficiência dos diferentes esquemas de cruzamento para liberação de variabilidade; e segundo porque o melhorista, para atender a seus objetivos, geralmente se defronta com a necessidade de realizar um grande número de cruzamentos.

Em soja alternativamente ao cruzamento biparental simples vários autores têm usado diferentes esquemas para obtenção de variabilidade, como os seguintes: dialelo parcial seguido de cruzamento duplo e cruzamento planta a planta (SUMARNO, 1981); retrocruzamento seguido de intercruzamento (KENWORTHY & BRIM, 1979); cruzamento biparental seguido de cruzamento dialélico entre os F_1 , formação de "bulk" e cruzamento planta a planta (MILLER & FEHR, 1979); cruzamento dialélico e intercruzamento entre os F_1 (WALKER & SCHMITTHENNER, 1984); e cruzamento biparental seguido de cruzamento duplo, formação de "bulk" e cruzamento planta a planta (PROHASKA & FEHR, 1981).

Para soja um método de obtenção de variabilidade genética é eficiente quando atende a dois objetivos, si multaneamente; facilidade de obtenção de gerações segregantes, traduzido pela redução do número de cruzamentos a um nível mínimo; e produção de variabilidade em um nível suficiente para permitir progressos genéticos significativos com a seleção. Esse segundo item é muito importante para programas que envolvem seleção recorrente e que têm objetivos a mê dio e longo prazos.

Em soja, que é uma cultura que tem um alto nível de melhoramento, na qual material melhorado tem uma base genética relativamente estreita, particularmente o germoplasma cultivado no continente americano, é importante que se busquem alternativas que minimizem os problemas com pata mares de produtividade e com vulnerabilidade genética do ger moplasma.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. MATERIAL GENÉTICO

Foram usados dez genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), reunindo cultivares comerciais e linhagens experimentais. Todos os genótipos fazem parte da coleção do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Instituto de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo e foram deliberadamente escolhidos para esse estudo. Os critérios utilizados na escolha foram basicamente os seguintes: precocidade, poucos ou nenhum ancestral comum e valor agrônomo, avaliado através do aspecto geral de cada genótipo. Na Tabela 1, são apresentadas algumas características desses genótipos.

3.2. CARACTERIZAÇÃO DO AMBIENTE

Os trabalhos experimentais foram realizados no município de Piracicaba-SP, que situa-se a $22^{\circ}42'30''$ de latitude sul, $47^{\circ}38'00''$ de longitude oeste e a uma altitude de 537 m acima do nível do mar. O experimento foi conduzido em área experimental do Departamento de Genética da ESALQ,

em solo do tipo terra roxa estruturada-série "Luiz de Queiroz" (RANZANI et alii, 1966). As condições meteorológicas do período em que o experimento de campo foi realizado, referentes a precipitação pluvial, temperatura e umidade relativa são apresentadas na Figura 1.

3.3. PROCEDIMENTOS EXPERIMENTAIS

3.3.1. Obtenção de sementes F_1

Todos os cruzamentos possíveis entre os dez (n) parentais, com exceção dos recíprocos, num total de $[n(n-1)/2] = 45$ foram realizados ao nível de campo no segundo semestre de 1985. Para a realização dos cruzamentos o grupo de parentais foi semeado quatro vezes, com um intervalo de uma semana entre as semeaduras. Com isso visou-se fazer coincidir o florescimento daqueles parentais que apresentavam maiores diferenças entre o número de dias para o início do florescimento e também possibilitar a disponibilidade de flores para cruzamento por um período mais longo.

Os cruzamentos foram realizados geralmente pela manhã e algumas vezes no final da tarde. Para a realização do cruzamento, no parental feminino, usaram-se botões flo

rais que deveriam abrir no dia seguinte, extraíndo-se as pétalas com uma pinça de modo a expor o estigma, não se fazendo emasculação. No parental masculino colheram-se flores já abertas das quais se extraiu o estigma impregnado de pólen, o qual em seguida foi levemente friccionado sobre o estigma da flor do parental feminino, resultando na polinização controlada. Após essa etapa, fez-se a identificação do cruzamento com uma etiqueta que continha o código do cruzamento, localização relativa da flor na planta, o número de flores polinizadas na inflorescência, data do cruzamento e geralmente as letras iniciais do nome da pessoa que efetuou o cruzamento.

As vagens oriundas dos cruzamentos foram colhidas individualmente à proporção em que iam atingindo a maturidade, completando-se a secagem à sombra. O pegamento foi aproximadamente de 8%.

3.3.2. Obtenção de sementes F_2

A semeadura das progênes F_1 foi realizada em copos plásticos e em torno de oito dias após a emergência as plântulas foram transplantadas para o campo.

Como nos cruzamentos não foi feita emasculação, houve a possibilidade de ocorrer autofecundação. Para evitar a inclusão de autofecundações indesejáveis entre os híbridos, as vagens foram mantidas separadas em cada cruza-

mento e as plantas F_1 de cada vagem individual foram observadas quanto à expressão de genes marcadores como cor da flor, hábito de crescimento, cor da pubescência, cor da vagem e em alguns casos cor do hilo. As plantas nas quais o gene marcador do cruzamento não se expressou foram descartadas.

As plantas F_1 foram colhidas individualmente e com as sementes F_2 obtidas foi preparado o experimento para a coleta dos dados experimentais.

3.3.3. Delineamento e características do experimento

Foi usado o delineamento em reticulados quadrados (lattice), a seguir denominado lâttice, 8×8 com seis repetições. Os 64 tratamentos foram constituídos por dez parentais, 45 progênies F_2 e nove progênies F_2 adicionais.

A parcela foi representada por uma fileira com 5 m de comprimento. O espaçamento entre fileiras foi de 1,0 m e foram semeadas em torno de 15 sementes por metro linear de sulco. Aos 25 dias pós-semeadura foi realizado um desbaste para dez plantas por metro linear.

A primeira e segunda repetições foram semeadas em 20/10, a terceira e quarta em 28/10 e a quinta e sexta em 05/11/86. Esse escalonamento de semeadura teve dois objetivos, reduzir o risco de que alguma intempérie com

promettesse igualmente todo o experimento e evitar um grande acúmulo de trabalho por ocasião da coleta de dados.

Na semeadura foi feita uma adubação aplicando-se 25g da mistura NPK 0-30-10, por metro linear no sulco de plantio e as sementes foram inoculadas com uma mistura das estirpes de *Rhizobium japonicum* C-99 (SEMIA-587) e C-147 (SEMIA-5019) obtidas no Laboratório de Microbiologia do Solo do Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA).

3.3.4. Caracteres avaliados

Logo após o desbaste, quando as plantas ainda apresentavam-se bastante uniformes, foram etiquetadas seis plantas nas parcelas dos parentais e doze plantas nas parcelas das progêneses F_2 . As etiquetas foram distribuídas ao acaso, procurando-se sempre amostrar somente plantas competitivas em toda a extensão da parcela. Com exceção da produtividade da parcela, as demais observações foram realizadas nas plantas individuais etiquetadas. Foram coletados dados dos seguintes caracteres:

NDF - número de dias para o início do florescimento. Contados da semeadura até a antese da primeira flor.

NIF - número de internódios na aste principal no início do florescimento. Contados desde o nó cotiledonar até o ápice da aste principal.

- APF - altura da planta (cm) no início do florescimento. Medida desde a base até o ápice da aste principal.
- NDM - número de dias para a maturidade. Contados desde a semeadura até aproximadamente 95% das vagens apresentarem-se maduras.
- NIM - número de internódios na maturidade. Contados desde o no cotiledonar até o ápice da aste principal.
- APM - altura da planta (cm) na maturidade. Medida desde a base da planta até o ápice da aste principal.
- AC - acamamento, avaliado na maturidade. Para esse caráter foi usada uma escala variando de 1 a 5, onde a nota 1 correspondeu a uma planta ereta e a nota 5 a uma planta completamente acamada.
- VA - valor agronômico, avaliado na maturidade. Nesse caráter foi usada uma escala de 0 a 5, onde a nota zero correspondeu a uma planta sem nenhum valor agronômico e nota 5 a uma planta com excelentes características agronômicas (grande número de vagens, sem acamamento, ausência de hastes verdes, sem debulha de vagens, sem sintomas de doenças).
- PPI - produtividade de planta individual, avaliada na maturidade através do peso dos grãos das plantas individuais amostradas (etiquetadas) na parcela. A unidade usada foi gramas por planta.

PP - produtividade da parcela, avaliada na maturidade. Obtida pela soma dos pesos de grãos das plantas avaliadas individualmente e do restante da parcela, colhido e trilhado em massa ("bulk"). Foi excluída uma planta em cada extremidade da parcela (com bordadura terminal).

Na avaliação da produtividade, tanto de plantas individuais como da parcela, após a colheita foi feita uma complementação da secagem à sombra antes do beneficiamento. Uma nova uniformização de secagem foi feita após o beneficiamento: todo o material foi exposto ao sol por dois dias e recolhido ao laboratório, esperando-se três dias para início das pesagens.

3.4. ANÁLISES ESTATÍSTICO-GENÉTICAS

Com exceção da produtividade da parcela, as análises dos caracteres foram realizadas com base na média das observações feitas em plantas individuais. Nos caracteres número de internódios no florescimento e na maturidade, acamamento e valor agrônômico, as análises foram realizadas com os dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

3.4.1. Análise de variância

Foram realizadas duas análises de variância, uma no esquema látice e outra em blocos completos casualizados.

A análise em blocos casualizados obedeceu ao seguinte modelo linear (MIRANDA, 1987; SINGH & CHAUDHARY, 1979; TOLEDO & KIIHL, 1982b):

$$Y_{ijk} = \mu + T_{ij} + B_k + e_{ijk}$$

sendo:

Y_{ijk} = observação colhida no ij -ésimo tratamento no k -ésimo bloco (i e j , neste caso, são os parentais do cruzamento)

μ = média geral de todos os tratamentos;

T_{ij} = efeito do ij -ésimo tratamento;

B_k = efeito do k -ésimo bloco;

e_{ijk} = efeito do erro experimental, o qual é normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ_e^2 .

$i, j = 1, 2, 3, \dots, 10$, corresponde aos parentais

ij - para $i = j$ corresponde ao efeito de um genótipo parental

ij - para $i \neq j$ corresponde ao efeito de uma progênie F_2 obtida do cruzamento entre os parentais i e j .

Na análise de blocos casualizados, para se verificar a necessidade de um teste mais preciso realizou-se o teste de Bartlett para avaliar a homogeneidade das variâncias residuais (STEEL & TORRIE, 1980). Para isso fez-se a decomposição da soma de quadrados de grupos (parentais mais progênies F_2) e resíduo em seus respectivos componentes (Ta-

bela 2). Dessa maneira, quando houve homogeneidade entre as variâncias residuais o teste "F" foi realizado usando-se o resíduo geral (QM_4) e quando não houve homogeneidade cada fonte de variação foi testada com seu respectivo resíduo. As comparações entre as médias dos parentais e entre as médias das progênes F_2 foram feitas usando-se o teste de Tukey ao nível de probabilidade de 5%.

3.4.2. Análise de correlações

As correlações entre os dez caracteres foram estimadas separadamente para os parentais que constituem um grupo de genótipos homozigóticos e para as 45 progênes F_2 que constituem um grupo com uma média de somente 50% dos locos em homozigose. Para cada grupo foram estimadas as correlações fenotípicas (r_F) genotípicas (r_G) e de ambiente (r_E).

No cálculo das correlações foi usada a relação apresentada por KEMPTHORNE (1969), a qual é a seguinte:

$$V(x + y) = V(x) + V(y) + 2 \text{ Cov } (xy)$$

de modo que:

$$\text{Cov } (xy) = \frac{V(x + y) - V(x) - V(y)}{2}$$

onde se tem que:

$V(x)$ = variância do caráter x;

$V(y)$ = variância do caráter y;

$V(x + y)$ = variância da soma dos caracteres x e y;

$\text{Cov } (xy)$ = covariância entre os caracteres x e y.

Para a obtenção desses parâmetros fez-se a análise da variância dos caracteres x e y individualmente e da soma desses caracteres $(x + y)$. A partir dessas análises e utilizando a relação apresentada por KEMPTHORNE (1969) foram estimadas as covariâncias ou produtos médios para os pares de caracteres (x, y) (Tabela 3). Usando a nomenclatura dessa Tabela tem-se que:

$$PM(xy) = \frac{QM(x + y) - QMx - QMy}{2}$$

A partir dos quadrados médios (variâncias) e dos produtos médios (covariâncias) foram estimadas as correlações através das seguintes fórmulas:

Correlação fenotípica (r_F):

$$r_F = \frac{PMT(xy)}{(QMTx \cdot QMTy)^{0,5}}$$

Correlação genotípica (r_G):

$$r_G = \frac{\phi_g(xy)}{(\phi_g^2(x) \cdot \phi_g^2(y))^{0,5}}$$

onde:

$$\phi_g(xy) = \frac{PMT(xy) - PME(xy)}{b};$$

$$\phi_g^2(x) = \frac{QMT(x) - QME(x)}{b}; \text{ e}$$

$$\phi_g^2(y) = \frac{QMT(y) - QME(y)}{b}$$

Correlação de ambiente (r_E):

$$r_E = \frac{PME(xy)}{\left[PME(x) \cdot PME(y) \right]^{0,5}}$$

3.4.3. Análise dialélica

Como no estudo não foram realizados os cruzamentos recíprocos, as análises foram baseadas em meia tabela dialélica (Tabela 4).

3.4.3.1. Análise de HAYMAN (1958)

As bases teóricas para essa análise foram desenvolvidas inicialmente para a geração F_1 (HAYMAN, 1954a, b e JINKS, 1954) e posteriormente para a geração F_2 (HAYMAN, 1958 e JINKS, 1956). A aplicação dessa metodologia se baseia nas seguintes suposições:

- a) segregação diplóide;
- b) ausência de efeitos recíprocos entre cruzamentos;
- c) ação independente de genes não alélicos, ou seja, ausência de epistasia;
- d) ausência de alelos múltiplos;
- e) linhagens parentais homozigóticas;
- f) genes independentemente distribuídos nos parentais.

A segregação diplóide é uma característica normal da espécie. Os demais requisitos também devem ser razoavelmente atendidos. Contudo, no que se refere à ausên-

cia de alelos múltiplos e, particularmente, a ausência de epistasia é provável que haja alguns desvios. A soja é uma espécie na qual a epistasia tem sido relatada como um componente genético importante (HANSON & WEBER, 1961, 1962 e HANSON et alii, 1967). Entretanto, o próprio modelo testa a significância desses desvios e só deve ser aplicado quando os mesmos não forem significativos.

A partir da tabela dialélica (Tabela 4) foram calculadas as seguintes variâncias e covariâncias:

$V_{oLo} = V_p$ = variância dos genótipos parentais,

$$V_p = \frac{1}{n-1} \left[\sum_{i=1}^n Y_{ij}^2 - \left(\sum_{i=1}^n Y_{ij} \right)^2 / n \right], \text{ para } i = j;$$

$V_{lrL2} = V_i$ = variância da i-ésima linha da tabela dialélica, ou seja, variância da progênie da linha do parental i, o qual também é incluído no cálculo,

$$V_i = \frac{1}{n-1} \left[\sum_{i=1}^n Y_{ij}^2 - \left(\sum_{i=1}^n Y_{ij} \right)^2 / n \right], \text{ para } i \leq j;$$

$V_{1L2} = \bar{V}_i$ = média das variâncias das linhas da tabela dialélica, ou seja, média das variâncias das progênies dos n parentais recorrentes.

$$\bar{V}_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n V_i$$

$V_{OL2} = V_{\bar{i}}$ = variância das médias das linhas da tabela dialélica, ou seja, variância das médias das progênes dos n parentais recorrentes.

$$V_{\bar{i}} = \frac{1}{n-1} \left[\sum_{i=1}^n \bar{Y}_{i.}^2 - \frac{(\sum_{i=1}^n \bar{Y}_{i.})^2}{n} \right];$$

$W_{OLrL2} = C_i$ = covariância entre as progênes da i -ésima linha com os respectivos parentais não recorrentes,

$$C_i = \frac{1}{n-1} \left[\sum_{j=1}^n Y_{ij} Y_{jj} - \frac{(\sum_{j=1}^n Y_{ij})(\sum_{j=1}^n Y_{jj})}{n} \right];$$

$W_{OLO2} = \bar{C}_i$ = média das covariâncias entre progênes da i -ésima linha com os respectivos parentais não recorrentes,

$$\bar{C}_i = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n C_i;$$

$(ML_2 - ML_O)^2$ = quadrado da diferença entre a média das progênes F_2 (ML_2) e a média dos n parentais (ML_O);

$$(ML_2 - ML_O)^2 = \left(\frac{2}{n(n-1)} \sum_{i=1}^n Y_{ij} - \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n Y_{ii} \right)^2, \text{ para } i < j;$$

nessas condições tem-se que:

$Y_{ii} = Y_{jj} = T_{ij}$ para $i = j$ no caso dos parentais; e

$$\bar{Y}_{i.} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n Y_{ij} \text{ para a } i\text{-ésima linha.}$$

A partir dessas variâncias e covariâncias como sugeriram ASKEL & JOHNSON (1963), JINKS (1954) e TOLEDO & KIIHL (1982b), primeiro foi realizada a análise gráfica de acordo com HAYMAN (1954b) e SINGH & SINGH (1984a), a qual possibilita uma visualização genética relativa dos parentais. Essa análise é realizada com base na regressão de $\overset{W_r}{C_i}$ sobre $\overset{U_r}{V_i}$, a qual permite o estabelecimento da seguinte equação:

$$C_i = a + b V_i \quad (a = A \text{ na representação gráfica})$$

e na parábola limitante obtida através da seguinte equação:

$$C_i^2 = V_p \cdot V_i$$

Sendo a o ponto de interseção da reta com o eixo das ordenadas e b o coeficiente de regressão linear, os quais são obtidos através das fórmulas:

$$b = \frac{\text{Cov}(C_i, V_i)}{\text{Var}(V_i)}$$

$$a = \bar{C}_i - b\bar{V}_i$$

o erro de b foi estimado segundo SINGH & CHAUDHARY (1979) através da seguinte fórmula:

$$s_b = \left[\frac{\text{Var } C_i - b \text{ Cov } (C_i, V_i)}{(n-2) \text{ Var } V_i} \right]^{0,5}$$

Os testes de significância de b em relação a zero (hipótese $0: b = 0$) e em relação a unidade (hipótese $1: b = 1$) foram realizados através do teste "t", ao nível de probabilidade de 5% e com $n-2$ graus de liberdade.

MATHER & JINKINS (1982) relataram que o gráfico de C_i sobre V_i possibilita informações sobre três pontos: primeiro, fornece um teste de suficiência do modelo, uma vez que na ausência de interações não alélicas e com distribuição independente dos genes entre os parentais, C_i é relacionado a V_i por uma reta de regressão com inclinação próxima da unidade; segundo, permite uma estimativa de grau médio de dominância a partir das medidas, em relação à origem (0), das distâncias entre os pontos onde a reta de regressão e a reta tangente à parábola interceptam o eixo das ordenadas (C_i), respectivamente pontos A e B; e terceiro, os pontos $C_i:V_i$ ao longo da reta de regressão fornecem uma medida da distribuição dos genes dominantes e recessivos entre os parentais. Mais próximos da origem estão os parentais com maior número de genes dominantes e mais na extremidade da reta os parentais com maior número de genes recessivos.

Na Figura 2, é apresentado um gráfico teórico mostrando várias relações entre H_1 e D (vide pág. 51) e várias relações

entre frequências de genes dominantes e recessivos nos parentais.

Para a geração F_1 $\overline{AB}/\overline{OB} = H_1/D$ (HAYMAN, 1954b), para a geração F_2 , após uma geração de autofecundação essa relação é alterada. SINGH & SINGH (1984a) relataram que para F_2 $\overline{AB}/\overline{OB} = (H_1/16)/(D/4) = H_1/4D$, de modo que o grau médio de dominância (g_{md}) estimado em F_2 correspondente à metade do estimado em F_1 . Sendo assim, o grau médio de dominância a partir de dados da geração F_2 deve ser multiplicado por dois para ser expresso ao nível de F_1 e é fornecido pela fórmula:

$$g_{md} = 2 \left[\overline{AB}/\overline{OB} \right]^{0.5}$$

Desse modo em F_2 podem surgir as seguintes relações de dominância:

$4\overline{AB} = 0$, indica ausência de dominância

$4\overline{AB} < \overline{OB}$, indica dominância parcial

$4\overline{AB} = \overline{OB}$, indica dominância completa

$4\overline{AB} > \overline{OB}$, indica sobredominância

Após a análise gráfica fez-se uma análise numérica do cruzamento dialélico. De acordo com HAYMAN (1958), MATHER & JINKS (1982), SANTOS (1984) e SINGH & SINGH (1984b) foram estabelecidas as equações para o cálculo das estimativas dos parâmetros D , F , H_1 e H_2 (vide pág. 51).

tendo-se que:

$\hat{D}$ = estimativa do componente de variância devido aos efeitos gênicos aditivos;

$\hat{F}$ = estimativa do componente genético correspondente à covariância entre os efeitos aditivos e dominantes dos genes. Indica a frequência relativa dos alelos dominantes e recessivos na população parental. F será positivo se os alelos dominantes tiverem maior frequência que os recessivos e será negativo se ocorrer o contrário;

$\hat{H}_1$ = estimativa do componente de variância devido aos efeitos de dominância dos genes;

$\hat{H}_2$ = estimativa do componente da variância genética dominante corrigido para a distribuição gênica. Indica a assimetria dos efeitos positivos e negativos dos genes. Teoricamente $H_1 > H_2$, se $H_1 = H_2$ há simetria entre os genes de efeito positivo e aqueles de efeito negativo.

Para os cálculos desses parâmetros são utilizadas também as seguintes variâncias dos resíduos obtidos da análise da variância do caráter:

$\hat{E}_0$ = estimativa da variância de ambiente dos parentais, corresponde ao quadrado médio da interação parentais x blocos.

$\hat{E}_2$ = estimativa da variância de ambiente das progênes F_2 , corresponde ao quadrado médio da interação F_2 x blocos.

$\hat{E}_{02}$ = estimativa da variância de ambiente de grupos que reúne parentais e gerações F_2 , corresponde ao quadrado médio da interação grupos x blocos.

Neste estudo, quando as variâncias dos resíduos E_O , E_2 , E_{O2} foram homogêneas segundo o teste Bartlett (STEEL & TORRIE, 1980), para a estimação dos parâmetros D , F , H_1 e H_2 foram usadas as fórmulas adaptadas do trabalho de SINGH & SINGH (1984b), nas quais é usado o resíduo geral E_{O2} . Desse modo tem-se:

$$\hat{D} = V_p - E_{O2}$$

$$\hat{F} = 4V_p - 8\bar{C}_i - \frac{4(n-2) E_{O2}}{n}$$

$$\hat{H}_1 = 4V_p + 16\bar{V}_i - 16\bar{C}_i - \frac{4(5n-4) E_{O2}}{n}$$

$$\hat{H}_2 = 16\bar{V}_i - 16V_{\bar{i}} - \frac{16(n-1) E_{O2}}{n}$$

Quando os resíduos E_O , E_2 e E_{O2} foram heterogêneos foram usadas as fórmulas adaptadas de HAYMAN (1958), nas quais são utilizadas as variâncias dos resíduos dos parentais (E_O) e das progênes F_2 (E_2), assim tem-se que:

$$\hat{D} = V_p - E_O$$

$$\hat{F} = 4V_p - 8\bar{C}_i - \frac{4(n-2) E_O}{n}$$

$$\hat{H}_1 = 4V_p + 16\bar{V}_i - 16\bar{C}_i - \frac{4}{n} \left[n E_O + 4(n-1) E_2 \right]$$

$$\hat{H}_2 = 16\bar{V}_i - 16V_{\bar{i}} - \frac{16 \left[(n-1) E_O + (n^2 - 2n + 2) E_2 \right]}{n^2}$$

O erro padrão de cada componente genético foi estimado calculando-se a variância (S^2) a partir da diferença $C_i - V_i$ através da seguinte fórmula (HAYMAN, 1954b);

$$S^2 = \frac{1}{2} \left[\text{Var } (C_i - V_i) \right];$$

em seguida, multiplicando-se essa variância pelo multiplicador específico para cada parâmetro e dimensão do dialelo apresentado por FERREIRA (1985).

A significância dos parâmetros foi testada se gundo SINGH & CHAUDHARY (1979) através do teste "t" com $n - 2$ graus de liberdade. O valor de "t" é estimado dividindo-se a estimativa do parâmetro pelo erro padrão da estimativa do parâmetro, as sim tem-se:

$$t = \frac{\text{estimativa do parâmetro}}{\text{erro padrão da estimativa do parâmetro}}$$

Desse modo, para que o parâmetro seja signifi cativo ao nível de probabilidade de 5%, para n igual a dez, nove e oito, os valores de "t" calculados devem ser maiores que 2,31; 2,36 e 2,45, respectivamente.

A partir dos componentes da variância genética D , F , H_1 e H_2 foram estimados os seguintes parâmetros de uma população a ser formada pela recombinação dos dez parentais pesquisados:

a) Grau médio de dominância ($g\hat{m}d$)

$$g\hat{m}d = (\hat{H}_1/\hat{D})^{0,5}$$

$g\hat{m}d = 0$, indica ausência de dominância

$0 < g\hat{m}d < 1$, indica dominância parcial

$g\hat{m}d = 1$, indica dominância completa

$g\hat{m}d > 1$, indica sobredominância

b) Proporção entre genes dominantes ($\hat{N}D$) e recessivos ($\hat{N}R$) nos parentais:

$$\frac{\hat{N}D}{\hat{N}R} = \frac{(4D H_1)^{0,5} + F}{(4D H_1)^{0,5} - F}$$

$\hat{N}D/\hat{N}R \approx 1$, indica que os genes dominantes e recessivos estão uniformemente distribuídos nos parentais;

$\hat{N}D/\hat{N}R > 1$, indica maior frequência de genes dominante em relação aos recessivos nos parentais;

$\hat{N}D/\hat{N}R < 1$, indica maior frequência de genes recessivas em relação aos dominantes nos parentais.

c) Produto das frequências médias dos alelos de efeitos positivos e negativos nos locos onde ocorre dominância:

$$uv = \frac{H_2}{4H_1}$$

O valor máximo teórico dessa expressão é 0,25. Quando este valor é obtido significa que os alelos com efeitos positivos e os alelos com efeitos negativos estão distribuídos uniformemente nos parentais. Valores diferentes de 0,25 indicam distribuição desuniforme dos alelos que contribuem para aumentar e dos que contribuem para diminuir a expressão do caráter.

d) Constância da relação entre efeitos de dominância e efeitos aditivos (MATHER & JINKS, 1982; TOLEDO & KIIHL, 1982b e SANTOS, 1984).

$$(u-v) \frac{h}{d} = \frac{(1/2 F)}{[D(H_1-H_2)]^{0.5}}$$

Quando essa expressão tem valor próximo da unidade indica uma constância da razão h/d e corresponde a uma contribuição uniforme de todos os locos para o $\bar{g}$ md do caráter. Valor próximo de zero indica que os valores de h e d variam independentemente nos diferentes locos. Essa expressão só tem validade quando os genes dominantes e recessivos têm frequências diferentes.

e) Número de fatores efetivos ($\hat{N}$). Estimado a partir da fórmula apresentada para a geração F_1 por JINKS (1954) e adaptada para F_2 por SANTOS (1984):

$$\hat{N} = \frac{16 (ML_2 - ML_0)^2}{H_2} ;$$

O valor de $\hat{N}$ será subestimado se os efeitos de dominância dos genes não forem iguais em magnitude e direção e a distribuição dos genes nos parentais for correlacionada. Esse parâmetro não considera os genes sem dominância.

f) Herdabilidade

A herdabilidade foi estimada no sentido restrito (h_r^2) e no sentido amplo (h_a^2) ao nível de média de repetições. Foram usadas as fórmulas apresentadas por MATHER & JINKS (1982).

$$h_r^2 = \frac{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 - \frac{1}{2} H_2 - \frac{1}{2} F}{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{2} F + \frac{E_{02}}{b}}$$

$$h_a^2 = \frac{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{2} F}{\frac{1}{2} D + \frac{1}{2} H_1 - \frac{1}{4} H_2 - \frac{1}{2} F + \frac{E_{02}}{b}}$$

onde:

b = número de blocos ou repetições

Com base na expressão média do caráter ($\bar{Y}_1$) e na soma da covariância mais variância ($C_i + V_i$) foi estimado o limite de seleção segundo CHAUDHARY & SINGH (1979).

Quando o coeficiente de determinação (R^2) da regressão de $\bar{Y}_1$ sobre $C_i + V_i$ é próximo da unidade é possível estimar os limites de seleção máximo e mínimo de um caráter. Ou seja, é possível estimar os valores dos caracteres para linhagens completamente dominantes e completamente recessivas.

Os valores das variâncias e covariâncias correspondentes ao genótipo completamente dominante são respectivamente VD e CD e dos genótipos completamente recessivos são VR e CR. Tendo-se que:

$$VD = V_p \cdot X_1^2$$

$$CD = V_p \cdot X_1$$

$$VR = V_p \cdot X_2^2$$

$$CR = V_p \cdot X_2$$

onde: x_1 e x_2 são as raízes da equação:

$$V_p \cdot x^2 - V_p \cdot x + (\bar{C}_i - \bar{V}_i) = 0$$

É importante ressaltar que admitindo-se que a frequência de um alelo A (dominante) é u e a do alelo recessivo é v , $u + v = 1$. Desse modo, quando alguma raiz da equação (x_1 ou x_2) é maior que a unidade, despreza-se a parte inteira. Assim, os valores dos genótipos completamente dominante (YD) e completamente recessivo (YR) são os seguintes:

$$YD = \bar{Y}_i + b \left[(CD + VD) - (\bar{C}_i + \bar{V}_i) \right]$$

$$YR = \bar{Y}_i + b \left[(CR + VR) - (\bar{C}_i + \bar{V}_i) \right]$$

onde:
$$b = \frac{\text{Cov } (Y_i, Z_i)}{\text{Var } Z_i} ;$$

sendo:

$$Z_i = C_i + V_i$$

Essa metodologia de análise para F_2 a exemplo da metodologia para F_1 (HAYMAN, 1954b) só pode ser usada quando os dados atendem às restrições do modelo genético. Desse modo, para testar se as restrições estão sendo atendidas foi feita uma análise da homogeneidade das diferenças $C_i - V_i$

para todos os caracteres. As variâncias (V_i) e as covariâncias (C_i) foram calculadas para cada uma das progênies do i -ésimo parental em cada uma das repetições, em seguida obteve-se a diferença $C_i - V_i$ e procedeu-se à análise em blocos casualizados dessas diferenças. Quando o teste "F" foi não significativo a hipótese de homogeneidade foi aceita. Além desse teste fez-se também o teste de significância do coeficiente de regressão b , da regressão de C_i sobre V_i , em relação a zero e a unidade pelo teste "t". Neste teste quando b não difere significativamente da unidade não há razão para se rejeitar o modelo aditivo-dominante. Desse modo, só se procedeu à análise genética quando houve homogeneidade das diferenças $C_i - V_i$ e quando b não diferiu significativamente da unidade.

Para os caracteres em que o teste "F" foi significativo, indicando heterogeneidade das diferenças $C_i - V_i$ e/ou o coeficiente de regressão b diferiu da unidade fêz-se as análises das subtabelas dialélicas com $(n-1) \times (n-1)$ e em alguns casos $(n-2) \times (n-2)$ (HAYMAN, 1954b). As análises genéticas só foram realizadas quando as restrições da metodologia foram razoavelmente atendidas.

3.4.3.2. Análise de GRIFFING (1956b)

Nessa análise foram usados dez parentais, os quais foram deliberadamente escolhidos, e suas 45 progênies F_2 $\left[n(n-1)/2 \right]$, não tendo sido incluídos os cruzamentos recíprocos.

Com base no procedimento de escolha dos parentais e no material disponível para estudo foi utilizado para a análise o método 2 e o modelo misto B, apresentados por GRIFFING (1956b). Nesse modelo os efeitos de tratamentos são fixos e os de bloco e erro experimental são aleatórios. Os efeitos de tratamento sendo fixos implicam que as inferências feitas são válidas somente para o material experimental usado. Neste caso, segundo GRIFFING (1956b) os objetivos básicos do estudo são: a) comparação da capacidade de combinação dos parentais quando eles próprios são usados como testadores; e b) identificação das melhores combinações híbridas.

Para a análise da capacidade de combinação foi utilizado o mesmo modelo da análise de variância, desta feita fazendo-se o desdobramento dos efeitos de tratamento em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). Desse modo, tem-se a seguinte equação:

$$Y_{ijk} = u + g_i + g_j + s_{ij} + \frac{1}{b} \sum_{k=1}^b e_{ijk}$$

onde:

- u = média geral do dialelo
- g_i = efeito da CGC do parental de ordem i
- g_j = efeito da CGC do parental da ordem j
- s_{ij} = efeito da CEC para o cruzamento entre os parentais de ordem i e de ordem j . Para o caso dos

$$\begin{aligned} & \text{parentais } s_{ij} = s_{ii} = s_{jj} \\ i, j &= 1, 2, 3, \dots, n \\ k &= 1, 2, 3, \dots, b \end{aligned}$$

Para que esse modelo seja válido são impostas as seguintes restrições:

e_{ijk} - deve ter distribuição normal e ser independentemente distribuído com média zero e variância σ_e^2 ;

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

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

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

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

$$\hat{u} = \frac{2}{n(n+1)} Y \dots;$$

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

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

As variâncias do efeito da média e dos efeitos e das diferenças entre os efeitos da CGC e da CEC foram estimados pelas seguintes fórmulas:

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

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

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

$$\hat{\text{Var}} (\hat{s}_{ij}) = \frac{n^2 + n + 2}{(n+1)(n+2)} \hat{\sigma}^2, \text{ para } i \neq j$$

$$\hat{\text{Var}} (\hat{g}_i - \hat{g}_j) = \frac{2}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ para } i \neq j$$

$$\hat{\text{Var}} (\hat{s}_{ii} - \hat{s}_{ij}) = \frac{2(n-2)}{n+2} \hat{\sigma}^2, \text{ para } i \neq j$$

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

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

Além dessas variâncias para a média de qualquer parental ou progênie F_2 tem-se que:

$$\hat{\text{Var}} (x_{ij}) = \hat{\sigma}^2 = QM_{e,i}$$

e que a variância da diferença entre duas médias quaisquer é:

$$\hat{\text{Var}} (\bar{x}_{ij} - \bar{x}_{i',j'}) = 2\hat{\sigma}^2$$

É importante salientar que em F_2 a contribuição dos efeitos de dominância para a média e para a variância ficam respectivamente reduzidas à metade e a um quarto em relação à geração F_1 . Isso porque, em média 50% dos locos que estavam em heterozigose em F_1 tornam-se homozigóticos em F_2 . Desse modo, o CEC em F_2 não é estimada em toda sua plenitude, uma vez que depende principalmente dos efeitos de dominância. Por outro lado, a CGC que depende principalmente de efeitos aditivos é melhor estimada. MATHER & JINKS (1982) relataram que a perda de informação sobre a contribuição da dominância pode ser compensada pelo uso de progênies F_2 maiores. Esse é um aspecto importante para soja e outras plantas autógamas onde a obtenção de grandes quantidades de sementes F_1 é relativamente difícil e onde o interesse maior é sobre a CGC.

3.5. HETEROSE E HETEROBELTIOSE

A heterose e a heterobeltiose correspondem respectivamente, a avaliação da geração híbrida em relação à média dos parentais e à média do parental superior. Como neste estudo a geração híbrida foi a F_2 , para que os resultados fossem expressos ao nível de F_1 os mesmos foram multiplicados por dois.

As estimativas foram obtidas através das seguintes fórmulas, expressando-se os resultados em porcentagem:

$$\text{Heterose (Ht)} = \frac{2(\bar{F}_2 - \bar{MP})}{\bar{MP}} \cdot 100;$$

$$\text{Heterobeltiose (Hb)} = \frac{2(\bar{F}_2 - \bar{PS})}{\bar{PS}} \cdot 100;$$

onde:

$\bar{F}_2$ = média da progênie F_2 .

$\bar{MP} = \frac{\bar{P}_i + \bar{P}_j}{2}$, média dos parentais da progênie $F_2(ij)$;

$\bar{PS}$ = média do respectivo parental superior.

A significância da heterose e da heterobeltiose foi testada através do teste "t" ao nível de probabilidade de 5%.

3.6. CRUZAMENTOS EM CADEIA

Os cruzamentos em cadeia constituem um tipo de esquema no qual cada parental é cruzado com dois outros parentais, sendo usado uma vez como parental feminino e outra como parental masculino. Esse é um aspecto importante porque tanto em termos de material genético nuclear como citoplasmático os parentais estarão igualmente representados. Entretanto, alguns materiais não funcionam bem como parental feminino, sendo difícil obter sementes com citoplasma desses materiais.

Esquemáticamente os cruzamentos em cadeia seriam da seguinte forma (a seta indica a direção do pólen):

Em essência esse é um dialelo parcial em sua forma mais simples, na qual somente uma amostra dos cruzamentos possíveis para cada parental é avaliada. Como o número total de cruzamentos em um dialelo é igual a $ns/2$, onde s é o número de cruzamentos de cada parental, para $s = 2$ o número total de cruzamentos para o esquema em cadeia é igual

a n. Esse número de cruzamentos é bem menor que o necessário em um dialelo completo, onde $s = n-1$. Neste estudo que envolve dez parentais, para o dialelo completo foram necessários 45 cruzamentos ($n(n-1)/2$), enquanto que para os cruzamentos em cadeia foram necessários somente dez, ou seja, n cruzamentos (Tabela 6).

SINGH & SCHAUDHARY (1979) apresentaram um modelo de análise para dialelos parciais que pode ser aplicado a esse esquema de cruzamento. Ressaltam porém, que quando s é menor que $n/2$ os resultados perdem em precisão. MIRANDA FILHO (1982), apresentou uma metodologia para o estudo dos componentes de variância genética em progênes de cruzamentos em cadeia.

Por raciocínio indutivo obteve-se que para n parentais ($n > 2$) o número de diferentes cadeias (NC) que podem ser obtidas é igual ao arranjo de n, n a n, dividido por $2n$, ou seja, $NC = A_{n,n}/2n = n! / [(n-n)! 2n]$. Tomando como exemplos $n = 3$ e $n = 4$ tem-se que:

para $n = 3$, parentais 1, 2 e 3, $NC = \frac{3!}{(3-3)! 2 \times 3} = 1$, a única cadeia possível seria:

1 x 2 x 3 x 1;

para $n = 4$, parentais 1, 2, 3 e 4, $NC = \frac{4!}{(4-4)! 2 \times 4} = 3$, as três cadeias possíveis seriam:

a) 1 x 2 x 3 x 4 x 1;

b) 1 x 3 x 4 x 2 x 1

c) 1 x 4 x 2 x 3 x 1

A princípio, quanto ao número de cruzamentos exigidos para a obtenção das progênes híbridas, os cruzamentos em cadeia mostram-se mais eficientes que o dialelo completo.

Neste estudo foram feitas comparações entre os dois esquemas de cruzamento quanto à média, variância fenotípica e variabilidade genética, esta avaliada através do coeficiente de variação genética. JOHNSON et alii (1955a) relataram que este coeficiente é de considerável importância na comparação de variabilidade genética em populações heterogêneas.

Os parâmetros mencionados para cada esquema de cruzamento foram estimados do seguinte modo:

$$\text{Média } (\bar{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

onde:

n = número total de plantas avaliadas

x_i = valor do caráter na i -ésima planta

V_F = variância fenotípica

$$V_F = \frac{1}{n-1} \left[\sum x_i^2 - \frac{(\sum x_i)^2}{n} \right]$$

V_E = variância de ambiente (média das variâncias dos n parentais)

$$V_E = \frac{1}{n} \left[\sum_{i=1}^n V_{EP_i} \right]$$

onde:

V_{EP_i} = variância estimada para o i -ésimo parental, como todos parentais são considerados homozigóticos, essa variância expressa uma estimativa da variância de ambiente.

Coeficiente de variação genética (CVG):

$$CVG = \frac{\sqrt{V_G}}{\bar{X}} \cdot 100$$

onde:

$$V_G = V_F - V_E$$

Como o número de cadeias que pode ser obtido a partir de dez parentais é muito elevado, foram tomadas cinco cadeias ao acaso. O estudo foi realizado somente com o caráter produtividade de planta individual.

A população de plantas de cada cruzamento foi formada a partir das plantas individuais avaliadas em cada repetição. Em cada esquema de cruzamento a população de plantas foi composta pelas plantas dos cruzamentos que compu

nham o respectivo esquema. Assim, no esquema dialélico to dos os cruzamentos foram incluídos. Já nos cruzamentos em cadeia somente foram incluídos aqueles que faziam parte da cadeia.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises de variância para os caracteres foram realizadas inicialmente em látice. Entretanto, com exceção dos caracteres APF e APM, a eficiência do látice em relação a blocos casualizados e também o coeficiente de variação (CV%) para a maioria dos caracteres, foram relativamente baixos (Tabela 7). Desse modo, as análises foram refeitas em blocos casualizados, reunindo somente os tratamentos referentes aos dez parentais e às 45 progênies F_2 .

4.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA

Os resultados das análises de variância em blocos casualizados para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF) e altura da planta no florescimento (APF) são apresentados na Tabela 8; número de dias para a maturação (NDM), número de internódios na maturação (NIM) e altura da planta na maturação (APM), na Tabela 9; acamamento (Ac) e valor agronômico (VA), na Tabela 10; e produtividade de planta individual (PPI) e produtividade da parcela (PP), na Tabela 11. Nessas tabelas, para todos os caracteres são apresentados também

o coeficiente de variação e o valor do Qui-quadrado (χ^2) para a homogeneidade dos resíduos.

A precisão das análises avaliadas através dos coeficientes de variação apresentou níveis bastante satisfatórios. Os coeficientes de variação pouco diferiram daqueles obtidos na análise em látice. Para seis caracteres foram inferiores a 10%, para outros três foram inferiores a 20% e apenas para o caráter PPI ficou em torno de 20%.

O teste de homogeneidade das variâncias dos resíduos (STEEL & TORRIE, 1980) foi significativo para os caracteres NDM, APM (Tabela 9), Ac e VA (Tabela 10). Desse modo, para testar a significância das fontes de variação para os caracteres que apresentaram resíduos homogêneos, o teste "F" foi feito com o resíduo geral, ou seja, não desdobrado e para os caracteres que apresentaram resíduos heterogêneos o teste "F" foi realizado com o resíduo específico, ou seja, pela interação da respectiva fonte de variação com blocos.

Para os caracteres NDF, APF (Tabela 8), NIM (Tabela 9) e PPI (Tabela 11), são apresentados duas análises de variância. A primeira análise envolveu o dialeto 10 x 10; a segunda análise foi obtida após exclusão de um ou dois parentais. A realização dessa segunda análise foi necessária devido ao fato de que para esses caracteres as análises do dialeto 10 x 10 não atendeu às restrições da metodologia de HAYMAN (1958). Desse modo, foram realizadas novas análises

com dialelos $(n-1) \times (n-1)$ ou $(n-2) \times (n-2)$, conforme recomendação de HAYMAN (1954b) para os casos onde há falha de alguma ou algumas das hipóteses do modelo. A segunda análise apresentada corresponde, dentre as diversas tentativas realizadas com a exclusão de diferentes parentais, aquela que melhor atendeu às restrições impostas para a análise dialélica de HAYMAN (1958).

Com exceção da produtividade medida a partir de todas as plantas da parcela (PP), os demais caracteres foram analisados a partir da média das observações de plantas individuais amostradas na parcela. As Tabelas 8 a 11 mostram que para todos os caracteres os grupos (parentais mais progênies F_2) apresentaram diferenças significativas ao nível de probabilidade de 5%. Mostram também através do desdobramento da soma de quadrados de grupos e de resíduo, que tanto parentais como progênies F_2 diferiram entre si ao nível de probabilidade de 1%. A comparação dos parentais com as gerações F_2 foi feita através da fonte de variação parentais versus F_2 (P vs. F_2), a qual geralmente foi não significativa, com exceção dos caracteres NDF e Ac; nestes caracteres houve diferenças significativas pelo teste "F" (5%).

A significância ao nível de 1% para os quadrados médios dos parentais e das progênies F_2 mostra que há uma grande variabilidade nesse conjunto de parentais e evidencia a possibilidade de formação de uma população de base genética bastante ampla a partir desse material.

4.2. COMPORTAMENTO DOS PARENTAIS, PROGÊNIES F_2 E AVALIAÇÃO DA HETEROSE E HETEROBELTIOSE

4.2.1. Caracteres relacionados ao florescimento

A média e a variância dos parentais e progênies F_2 e as porcentagens de heterose e heterobeltiose para os caracteres NDF, NIF e APF e respectivos desvios mínimos significativos (DMS) ao nível de 5% pelo teste "F" para comparações entre parentais e entre progênies F_2 , são apresentados na Tabela 12.

Apesar de se tratar de um grupo de cultivares precoces, houve diferença significativa (5%) para NDF. O parental FT 81-1835 foi o mais precoce apresentando uma média de 42 dias, entretanto não diferiu significativamente dos parentais IAC-Foscarin-31, Década e Forrest. Os parentais SOC 81-79, Hale 321, Paraná, Primavera e Coker 136 formaram um grupo intermediário e o parental Palmetto foi o mais tardio, diferindo significativamente de todos os outros e apresentando uma média de cerca de 56 dias para o início do florescimento. Os parentais SOC 81-79, IAC-Foscarin-31, Palmetto e Forrest apresentaram variâncias relativamente altas para esse caracter sendo, inclusive, superiores às variâncias estimadas em vários cruzamentos. Isso leva à suposição de que esses parentais poderão não estar totalmente em homozigose para o NDF.

Nas progênes F_2 , o NDF variou de 43 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Forrest a 51 no cruzamento Paraná x Palmetto. Portanto, esses valores colocaram-se entre os valores extremos observados nos parentais. Os cinco cruzamentos mais precoces foram IAC-Foscarn-31 x Forrest (42,5 dias), Dêcada x FT 81-1835 (43,1 dias), Dêcada x Forrest (43,4 dias), IAC-Foscarin-31 x Dêcada (43,5 dias) e IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835 (43,6 dias). Esses cruzamentos apresentaram respectivamente as variâncias de 6,24; 5,54; 7,66; 3,50 e 10,61 (dias)². Constata-se que apenas quatro parentais são envolvidos nesses cruzamentos e nos onze cruzamentos que seguem a esses em precocidade pelo menos um desses parentais está envolvido. Desse modo, pode-se concluir que esses parentais possuem um grande potencial para precocidade.

A heterose foi predominantemente negativa; dos 45 cruzamentos, 32 apresentaram heterose negativa, das quais apenas sete foram significativas. Os valores mais expressivos foram obtidos nos cruzamentos Coker 136 x Palmetto (-10,75**), Primavera x Palmetto (-11,97**) e Hale 321 x Palmetto (-12,26**). Entre as estimativas positivas apenas duas foram significativas, nos cruzamentos Primavera x Forrest (8,75**) e Forrest x FT 81-1835 (13,14**). Esses resultados mostram que houve uma tendência de dominância do florescimento precoce.

A heterobeltiose foi calculada com relação ao parental mais precoce e com relação ao parental mais tardio.

Os resultados obtidos em relação ao parental mais precoce mostram que na maioria dos cruzamentos a progênie F_2 foi mais tardia que o parental mais precoce e em 17 cruzamentos diferiram significativamente desse parental. Em alguns poucos casos, essa heterobeltiose foi negativa, mas de pequena magnitude (não chegando a ser significativa). As estimativas de heterobeltiose em relação ao parental mais tardio, com exceção dos cruzamentos Coker 136 x Primavera e Forrest x FT 81-1835, nos quais tiveram respectivamente os valores de 0,40 e 8,63%, foram negativas, sendo significativas em 25 cruzamentos. Esses resultados mostram que houve uma tendência das progênies F_2 terem tempo para florescimento intermediário em relação aos respectivos parentais. Pelas estimativas da média e da variância do NDF como no cruzamento IAC-Foscarin - 31 x FT 81-1835, respectivamente 43,6 dias e 10,61 (dias)², evidencia-se a possibilidade de serem obtidos materiais mais precoces que os presentes neste grupo de parentais.

Em uma série de cruzamentos VEATCH (1930) obteve uma frequência maior de cruzamentos apresentando heterose e heterobeltiose positivas, ou seja, as progênies foram mais tardias que os parentais, portanto um resultado diferente do observado neste trabalho. Outros autores, entretanto, como CAMPOS (1979) e KAW & MENON (1979) obtiveram heterose e heterobeltiose predominantemente negativas. CHAUDHARY & SINGH (1974) em 17 cruzamentos obtiveram heterobeltiose negativa em todos, sendo 15 significativas. É importante salien

tar que nesses estudos a heterobeltiose foi estimada somente em relação ao parental mais tardio. Portanto, os resultados obtidos, estão de acordo com os demais autores e confirmam a dominância do florescimento precoce; só houve exceção à esta tendência no trabalho de VEATCH (1930).

O NIF variou de 7,1 no parental FT 81-1835 a 11,2 em Palmetto, o qual diferiu significativamente de todos os outros parentais. As variâncias dos parentais foram relativamente uniformes, sugerindo que os mesmos têm um razoável nível de homozigose para esse caráter. Nas progênes F_2 o NIF variou de 7,1 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79 a 10,0 no cruzamento Paranã x Palmetto. Entre os cruzamentos que apresentaram maiores valores para NIF, seguiram-se Coker 136 x Palmetto, Década x Palmetto, Primavera x Palmetto, SOC 81-79 x Palmetto e Forrest x Palmetto, respectivamente com 9,9; 9,8; 9,6; 9,4 e 9,3 internódios no florescimento. Esses dados mostram que o parental Palmetto tem uma forte capacidade para elevar o NIF. As variâncias expressas em $\sqrt{x+1}$, foram relativamente uniformes, variando de 0,0235 no cruzamento Paranã x Coker 136 a 0,0903 no cruzamento IAC - Foscarin-31 x Forrest. Essa pouca variação reflete a pequena divergência entre os parentais para esse caráter. Apesar disso, há possibilidade de se aumentar o NIF através da seleção.

A heterose para NIF foi positiva para a maio-

ria dos cruzamentos e variou de -15,1 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79 a 27,8%** no cruzamento Primavera x FT 81-1835. Entretanto, além deste cruzamento apenas Coker 136 x Hale 321, Primavera x Década e Primavera x Forrest apresentaram valores significativos, respectivamente 18,1**, 21,3** e 12,2%*. Apenas o cruzamento Hale 321 x Palmetto apresentou heterose negativa significativa (-14,6%*). Esses resultados sugerem uma tendência das progênes F_2 apresentarem NIF em torno da média dos parentais, tendendo a uma leve superioridade.

A heterobeltiose variou de -43,7%** no cruzamento Hale x Palmetto a 7,7% apresentado pelos cruzamentos IAC-Foscarin-31 x Forrest e Forrest x FT 81-1835. Na heterobeltiose, a predominância foi de valores negativos, os quais foram significativos em 13 cruzamentos. Isso indica que as progênes F_2 situaram-se entre a média dos parentais e o respectivo parental superior, evidenciando a ocorrência de dominância parcial no sentido do maior NIF.

Para o número de nós, que se mostra como uma outra medida do mesmo caráter, VEATCH (1930), CAMPOS (1979) e KAW & MENON (1979) obtiveram resultados semelhantes aos obtidos neste estudo para heterose e heterobeltiose. CHAUDHARY & SINGH (1974) entretanto, mesmo obtendo um maior número de cruzamentos com heterose negativa obteve valores significativos somente para heterobeltioses positivas. Isso ocorreu porém apenas em dois cruzamentos, os quais tinham o cultivar

Clark 63 como parental comum, podendo ser interpretado como uma característica desse parental, uma vez que foi constatada heterobeltiose positiva em todos os cruzamentos em que ele participou.

A APF, nos parentais apresentou uma média de 43,2 cm e variou de 31,4 cm no parental Forrest a 62,8 cm em Palmetto. Os parentais IAC-Foscarin-31 e Palmetto apresentaram as maiores variâncias, respectivamente 56,0 e 43,1. Inclusive, essas variâncias foram superiores às variâncias de alguns cruzamentos. Entre as progênes F_2 a média foi de 44,2 cm e teve uma variação de 33,0 cm no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Forrest a 56,2 cm no cruzamento Paranã x Palmetto. Vários cruzamentos apresentaram variâncias relativamente altas as quais refletem a ampla variabilidade que há para APF.

A heterose para APF foi predominantemente positiva, mas foi significativa em apenas quatro cruzamentos: Paranã x Forrest (27,2%*), Coker 136 x Forrest (24,0%*), Dêcada x SOC 81-79 (32,7%*) e Forrest x Hale 321 (20,7%**). Esses resultados sugerem que as progênes F_2 tenderam a apresentar APF, semelhante à média dos parentais, com uma leve tendência para maior altura.

Para heterobeltiose, entretanto, a maioria dos cruzamentos apresentou valores negativos; em 13 dos 45 cruzamentos os valores da heterobeltiose foram significativos. Os valores mais expressivos foram observados nos cruzamentos

IAC-Foscarin-31 x Palmetto e Década x Palmetto, ambos com o valor de $-51,0\%^{**}$, FT 81-1835 x Palmetto ($-49,7\%^{**}$), SOC 81-79 x Palmetto ($-44,3\%^{**}$) e Hale 321 x Palmetto ($-39,2\%^{**}$). O parental Palmetto está incluído em todos esses cruzamentos, de modo que esses valores negativos da heterobeltiose podem ser atribuídos a elevada altura desse parental (62,8 cm), a qual diferiu significativamente de todos os outros parentais.

As estimativas da heterose e heterobeltiose sugerem, portanto, que as progênies tendem a se colocar entre a média dos parentais e o parental superior. Evidenciando a ocorrência de dominância parcial para maior altura no florescimento. KAW & MENON (1979) obtiveram na média de 45 cruzamentos, valores negativos para heterose e heterobeltiose, respectivamente $-6,3$ e $-24,3\%$. Esses dados sugerem que as plantas mais baixas têm os alelos dominantes. Em termos de heterose, portanto, não estão de acordo com os obtidos neste estudo. Entre outros fatores, essa diferença pode ser decorrente das diferenças entre os materiais genéticos e condições de ambiente em que os estudos foram realizados.

4.2.2. Caracteres relacionados à maturidade

Na Tabela 13 são representados os dados relativos ao NDM, NIM e APM.

Embora o teste "F" tenha sido significativo, não foi constatada diferença entre os parentais para NDM. A

média foi de $123,8 \pm 7,03$ dias, com os parentais Hale 321, FT 81-1835 e Década atingindo a maturidade com menos de 120 dias; Primavera, Coker 136, Forrest e Paraná com menos de 130 dias; SOC 81-79, Palmetto e IAC-Foscarin-31, entre 130 e 135 dias. Embora não sendo estatisticamente diferentes, a diferença entre o parental mais precoce Hale 321 (113,3 dias) e o mais tardio IAC-Foscarin-31 (133,9 dias) foi em torno de 20 dias, a qual é uma diferença considerável em termos práticos.

Já entre as progênes F_2 houve diferenças significativas ao nível de probabilidade de 1%, em NDM. A média foi de $120,6 \pm 4,6$ dias, sendo o cruzamento mais precoce FT 81-1835 x Hale 321 (113,1 dias) e o mais tardio IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79 (133,1 dias). É importante observar que essa é praticamente a mesma variação apresentada pelos parentais e que esses dois cruzamentos envolvem respectivamente os parentais mais precoces (Hale 321) e mais tardio (IAC-Foscarin-31), em termos de maturidade. As variâncias dentro de progênes F_2 foram relativamente altas, com valores observados variando de 2,3 (Paraná x Hale 321) a 52,0 dias² (FT 81-1835 x SOC 81-79); para o conjunto das 45 progênes F_2 , a variância média correspondeu a $18,3 \pm 10,9$ dias². Estes valores de variância indicaram a existência de boas perspectivas de seleção de materiais que alcancem a maturidade mais precocemente que os parentais.

A heterose do NDM, foi negativa na maioria dos cruzamentos, foi significativa em apenas 11 deles.

É importante salientar que o cultivar Paraná participou de nove desses 11 cruzamentos, o que revela o potencial desse cultivar para aumentar a precocidade para a maturidade. A média da heterose foi de $-5,1 \pm 5,7\%$, indicando que as progênes F_2 situaram-se em torno da média dos parentais com uma tendência de dominância parcial para maturidade precoce.

A heterobeltiose foi estimada em relação ao parental de maturidade mais precoce e também em relação ao de maturidade mais tardia. A média de heterobeltiose com relação ao parental mais precoce foi de $1,8 \pm 7,1\%$. Poucos cruzamentos apresentaram progênes F_2 mais precoces que o parental mais precoce, entre estes destacam-se os que envolveram o cultivar Paraná, nos quais todas as progênes apresentaram heterobeltiose negativa. Destas, três foram significativas, nos cruzamentos Paraná x IAC-Foscarin-31, Paraná x SOC 81-79 e Paraná x Palmetto, respectivamente $-15,9^*$; $-11,0^*$ e $-15,7^*$. As estimativas da heterobeltiose em relação ao parental mais tardio foram predominantemente negativas e em sua maioria significativas. A média foi de $-11,2 \pm 7,2$ e variaram de 2,1 a $-24,5^{**}$. Estes dados mostram que de um modo geral, as progênes F_2 foram mais precoces que os respectivos parentais mais tardios.

Esses resultados estão de acordo com os obtidos por PASCHAL II & WILCOX (1975) que relataram que as progênes tenderam a ser intermediárias entre os parentais; também são concordantes com CAMPOS (1979) e KAW & MENON (1979)

que obtiveram médias negativas tanto para a heterose como para a heterobeltiose (neste caso em relação ao parental mais tardio). WEBER et alii (1979), entretanto, em um estudo que foi realizado em quatro anos, obtiveram heterose média positiva em três anos e negativa em apenas um ano; porém, obtiveram heterobeltiose negativa nos quatro anos. Desse modo, os resultados obtidos estão de acordo com a maioria dos apresentados na literatura revisada.

O caráter NIM apresentou média de $16,6 \pm 4,3$ internódios nos parentais, a qual foi exatamente igual à média das progênes F_2 , esta com menor erro padrão ($16,6 \pm 2,4$). Esse caráter entretanto apresentou diferenças significativas ao nível de probabilidade de 1% nos parentais e nas progênes F_2 . Os valores mais baixos de NIM foram observados naqueles parentais de crescimento determinado [Forrest (11,2), Hale 321 (11,6), Paraná (12,6) e Coker 136 (13,4)]. Os valores maiores de NIM ocorreram nos parentais de crescimento indeterminado, particularmente naqueles de crescimento mais pronunciado como IAC-Foscarin-31 (22,4), Palmetto (22,1) e Primavera (21,1), os quais diferiram estatisticamente dos demais. As variâncias obtidas a partir de dados transformados ($\sqrt{x + 1}$) foram relativamente uniformes nos parentais com média de $0,0711 \pm 0,0413$ (internódios)².

As progênes F_2 apresentaram variação de 12,3 internódios no cruzamento Coker 136 x Hale 321 a 19,9 internódios no cruzamento Primavera x Década, variação que está

entre os valores extremos dos parentais. Nas progênes F_2 , entretanto, as variâncias tiveram média de $0,1716 \pm 0,0749$ (internódios)² e variaram de 0,0567 no cruzamento Paraná x Forrest a 0,3301 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Hale 321. Portanto, existe variabilidade adequada no NIM para prática de seleção.

A heterose para NIM apresentou média de $2,9 \pm 16,1$ e variou de $-41,2^{**}$ no cruzamento Primavera x Palemtto a $50,6\%^{**}$ no cruzamento Forrest x Hale 321. Portanto, a heterose tendeu a ser negativa entre parentais de crescimento in determinado, indicando que neste caso a progênie apresentou menor número de internódios que a média dos parentais; já no cruzamento entre parentais de crescimento determinado, a heterose tendeu a ser positiva, indicando que a progênie apresentou maior número de internódio que a média dos parentais. Entretanto, predominaram as estimativas positivas e embora as médias dos parentais e progênes F_2 tenham sido iguais, a média da heterose positiva indica uma leve tendência de dominância para maior NIM.

As estimativas de heterobeltiose, entretanto, foram predominantemente negativas e em sua maioria significativas. A média foi de $-24,4 \pm 21,0\%$ e variou de 0,0 no cruzamento FT 81-1835 x SOC 81-79 a $-66,8\%^{*}$ no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Hale 321. Esses resultados mostram que de um modo geral as progênes F_2 colocaram-se entre a média dos parentais e o parental superior quanto ao NIM.

CAMPOS (1979) e KAW & MENON (1979) obtiveram resultados semelhantes aos aqui apresentados para heterose e heterobeltiose para o caráter número de nós. Por outro lado, VEATCH (1930) e WOODWORTH (1933) obtiveram valores relativamente mais altos para heterose e heterobeltiose positivas, resultados que não estão em acordo com os obtidos neste estudo. Entretanto, esses autores observaram um número muito pequeno de plantas, geralmente inferior a quatro por cruzamento, o que pode ter afetado a precisão das estimativas. CHAUDHARY & SINGH (1974) também obtiveram heterobeltiose positiva para o número de nós, porém a média das observações foi relativamente baixa (2,3%) e esses autores usaram espaçamentos relativamente largos entre plantas dentro da fileira (30 cm) o que favorece a expressão do vigor de híbrido.

A APM teve uma média de $85,7 \pm 32,0$ cm nos parentais e variou de 47,1 cm no cultivar Forrest a 139,7 cm no cultivar IAC-Foscarin-31. As variâncias da APM nos parentais apresentaram uma média de $142,4 \pm 170,2$ (cm)² e apenas três parentais apresentaram valores maiores que a variância média: IAC-Foscarin-31 (465,2 cm²), SOC 81-79 (157,4 cm²) e Palmetto (449,4 cm²). Tais valores, principalmente o primeiro e o terceiro, sugerem que esses cultivares poderão não estar totalmente homozigóticos para esses caracteres, ou então sofrem maior influência do ambiente.

As progênes F₂ apresentaram média de APM semelhante a dos parentais, mas com menor erro padrão $85,8 \pm$

13,9 cm). Entre essas progênies a altura variou de 58,4 cm no cruzamento Coker 136 Forrest a 117,6 cm no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Palmetto. Portanto, constata-se que as médias das progênies situaram-se entre os parentais de menor e maior altura. Entretanto, a média das variâncias em F_2 , foi de $367,4 \pm 189,8 \text{ cm}^2$, bastante superior à média dos parentais e variou de 63,9 no cruzamento FT 81-1835 x SOC 81-79 a 672,3 cm^2 no cruzamento Forrest x FT 81-1835. Vale salientar que o cruzamento IAC-Foscarin-31 x Palmetto que apresentou a maior média de altura, apresentou também uma das maiores variâncias 630,2 cm^2 . Portanto, esses dados mostram que o conjunto de parentais reúne uma considerável variabilidade para APM.

A maioria das estimativas de heterose foram positivas. Apresentaram média de $6,0 \pm 28,9\%$ e ampla faixa de variação, indo de $-60,1\%^{**}$ no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Forrest a $111,0\%^{**}$ no cruzamento Forrest x Hale 321. Um dado importante a observar é que em todos os cruzamentos em que o parental IAC-Foscarin-31 participou, a heterose foi negativa, evidenciando que neste caso a média da progênie F_2 foi inferior à média dos parentais. Heterose positiva tem sido constatada por vários autores (CAMPOS, 1979; CHAUHAN & SINGH, 1982; KUNTA et alii, 1985; VEATCH, 1930; WEBER et alii, 1970; WENTZ & STEWART, 1924; WOODWORTH, 1933). Apenas o trabalho de KAW & MENON (1979) apresentou heterose média negativa para a APM. Evidentemente esse é um resultado possí

vel de ser obtido. Entretanto, o que parece ser mais frequente pela literatura consultada é a ocorrência de heterose positiva para APM.

As estimativas de heterobeltiose foram em sua maioria negativas, apresentaram uma média de $-27,5 \pm 35,0\%$ e variaram de $-105,5\%^{**}$ no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Forrest a $94,9\%$ no cruzamento Forrest x Hale 321. Na literatura há trabalhos em que também foram obtidas heterobeltioses médias negativas (CAMPOS, 1979; KAW & MANON, 1979; WEBER *et alii*, 1970). Há também trabalhos em que foram obtidas heterobeltioses médias positivas (KUNTA *et alii*, 1985; VEATCH, 1930; WOODWORTH, 1933). Nestes trabalhos, dois aspectos chamam a atenção: no primeiro trabalho foi usado um espaçamento muito largo e nos dois últimos foram observadas poucas plantas, geralmente menos de quatro. Talvez esses dois fatores tenham contribuído para uma superestimação do híbrido.

PASCHAL II & WILCOX (1975) relataram que as progênies F_1 tenderam a ser intermediárias entre os parentais. Neste estudo também chegou-se a esse resultado, podendo-se dizer mais especificamente que as progênies F_2 tenderam a situar-se entre a média dos parentais e o parental superior, quanto à APM. Exceção feita aos cruzamentos que envolveram o parental IAC-Foscarin-31.

4.2.3. Acamamento e valor agronômico

Os dados referentes à média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres Ac e VA são apresentados na Tabela 14.

Esses dois caracteres têm em comum a avaliação subjetiva através de uma escala de notas e a análise realizada com dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

É importante lembrar que para Ac as menores notas correspondem aos menores graus de Ac e portanto, a um melhor comportamento. Entre os parentais a média de Ac foi de $1,3 \pm 0,5$ e variou de 1,0 no cultivar Dêcada a 2,5 no cultivar IAC-Foscarin-31. A média da variância nos parentais foi de $0,0158 \pm 0,0173$ e os cultivares SOC 81-79 e IAC-Foscarin-31, foram os que apresentaram as maiores variâncias, respectivamente 0,0556 e 0,353.

Nas progênies F_2 a média do Ac foi de $1,2 \pm 0,2$ e variou de 1,0 nos cruzamentos Paraná x Coker 136, Coker 136 x Hale 321 e Dêcada x FT 81-1835 a 2,1 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Palmetto. Nas progênies F_2 , foi em média $0,0240 \pm 0,0196$ e justamente o cruzamento IAC-Foscarin - 31 x Palmetto foi o que apresentou a maior variância (0,0849).

As estimativas de heterose, em sua maioria, foram negativas e apresentaram uma média de $-11,3 \pm 24,6\%$. Porém, apenas quatro estimativas foram significativas, nos cru

zamentos IAC-Foscarin-31 x Coker 136, IAC-Foscarin-31 x Forrest, IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835 e IAC-Foscarin-31 x Hale 321, respectivamente com valores de $-74,1^*$; $-111,2^{**}$; $-70,9^*$ e $-76,4\%^*$. Esses resultados mostram que as progênies tenderam a apresentar menor grau de Ac que a média dos respectivos parentais. PASCHAL II & WILCOX (1975) afirmam que em seus resultados as progênies F_1 tenderam a ser intermediárias entre os parentais e que apenas um cruzamento apresentou F_1 mais resistente ao Ac que a média dos parentais.

As heterobeltioses estimadas em relação ao parental mais resistente, portanto em relação ao que apresentou escore mais baixo, em sua maioria foram positivas, com média de $25,0 \pm 30,0\%$. Neste caso, seria mais importante que a heterobeltiose fosse negativa, o que significaria que as progênies F_2 seriam mais resistentes ao Ac que o parental mais resistente. Entretanto, apenas seis cruzamentos apresentaram heterobeltiose negativa, nenhuma porém, significativa. O valor de maior magnitude foi $-28,2\%$, apresentado pelo cruzamento SOC 81-79 x Palmetto. Esse cruzamento revela, portanto, um certo potencial para resistência ao Ac. PASCHAL II & WILCOX (1975) relatam que também não obtiveram nenhuma F_1 que superasse o parental mais resistente.

Esses resultados mostram, portanto, que as

progênes F_2 tenderam a ser mais resistentes que a média dos parentais, mas foram menos resistentes que o respectivo parental mais resistente. Porém, pela magnitude da variância média dessas progênes evidencia-se que há variabilidade para se efetuar seleção para maior resistência ao Ac.

Para o VA, embora o teste "F" tenha sido significativo ao nível de probabilidade de 5%, não foi constatada a diferença entre as médias dos parentais pelo teste Tukey. A média dos parentais foi de $2,4 \pm 0,3$ e houve uma variação de 1,9 no cultivar IAC-Foscarin-31 a 2,7 no cultivar Primavera. A média das variâncias foi de $0,0437 \pm 0,0180$, variando de 0,255 nos parentais Coker 136 e Hale 321 a 0,0821 no cultivar SOC 81-79.

Entre as progênes F_2 houve diferença significativa (1%) para o VA, o qual apresentou média de $2,4 \pm 0,2$, e variou de 1,8 no cruzamento FT 81-1835 x Hale 321 a 2,8 nos cruzamentos Paraná x SOC 81-79 e Primavera x Década. A média das variâncias foi de $0,0602 \pm 0,0180$, a qual variou de 0,0277 no cruzamento Paraná x Primavera a 0,1080 no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Palmetto. Esses resultados sugerem que há uma ampla variabilidade genética para esse caráter.

O número de estimativas de heterose negativa foi um pouco superior ao das estimativas positivas e a média foi de $1,5 \pm 20,4\%$, entretanto, apenas seis estimativas fo-

ram significativas, sobressaindo-se as estimativas positivas de 59,5%* no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Coker 136 e 43,2%* no cruzamento IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835. As estimativas de heterobeltiose foram em sua maioria negativas e apresentaram média de $-13,4 \pm 17,9\%$. Detectaram-se sete estimativas significativas, porém apenas uma positiva, 30,6%* no cruzamento IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835. Esses resultados mostram que o VA das progênie girou em torno da média dos parentais com uma leve tendência para ser inferior; em sua maioria o VA da progênie foi menor que o VA do respectivo parental superior. Por outro lado, mostram que há uma grande variabilidade para esse caráter.

Na realidade, o VA expressa o resultado do em prego de um índice mental que reflete o valor global de uma planta ou progênie. É portanto o resultado de uma avaliação visual simultânea de uma série de caracteres agronômicos, o qual é expresso através de uma nota. BRIM (1973) relatou que esquemas de avaliação visual são efetivos para caracteres de alta herdabilidade e que têm sido usados para reduzir a quantidade de progênie para um número que permita uma avaliação do potencial de produtividade. Levando em consideração essas afirmações, é provável que o VA como foi usado neste trabalho, principalmente por ter sido empregado em F_2 , não tenha uma boa eficiência para fins de seleção. Nessa geração há ainda uma considerável ação da heterose e nestes casos a avaliação visual poderá refletir, pelo menos

em parte, o vigor de híbrido, que geralmente não se mantém através do processo de avanço de gerações em direção à homozigose.

4.2.4. Produtividade

O caráter produtividade foi avaliado através do peso de grãos de duas maneiras: produtividade de plantas individuais (PPI) amostradas na parcela e produtividade da parcela (PP). A média, variância, heterose e heterobeltiose para essas duas avaliações são apresentadas na Tabela 15.

Na PPI, tanto parentais quanto progênes F_2 apresentaram diferenças significativas ao nível de probabilidade de 1%. A média de produtividade dos parentais foi $38,5 \pm 10,1$ g/planta e variou de 24,8 no parental FT 81-1835 a 54,5 g/planta no parental SOC 81-79, o qual não diferiu estatisticamente dos parentais IAC-Foscarin-31, Palmetto e Forrest. As variâncias dos parentais tiveram média de $272,0 \pm 137,9$ (g/planta)². As maiores variâncias foram apresentadas pelos parentais IAC-Foscarin-31, Primavera e SOC 81-79, respectivamente 416,5; 413,7 e 453,6 (g/planta)².

Entre as progênes F_2 , a PPI apresentou média de $38,9 \pm 8,1$ g/planta, a qual não diferiu estatisticamente da média dos parentais. Cinco progênes F_2 apresentaram média de produtividade entre 20 e 30 g/planta, 21 entre 30 e 40 g/planta, 16 entre 40 e 50 g/planta e três produziram aci

ma de 50 g/planta. No total, 23 progênies superaram a média dos parentais e duas superaram o parental mais produtivo do grupo, respectivamente as progênies dos cruzamentos Primavera x FT 81-1835 (58,5 g/planta) e IAC-Foscarin-31 x Forrest (58,1 g/planta). A média das variâncias das progênies foi de $354,8 \pm 167,0$. O cruzamento IAC-Foscarin-31 x Palmetto, o terceiro em produtividade (52,2 g/planta), foi o que apresentou maior variância (870,5). O segundo cruzamento em produtividade (IAC-Foscarin-31 x Forrest) apresentou também a segunda maior variância 720,6 (g/planta)².

As estimativas de heterose variaram de -52,5%** no cruzamento Forrest x SOC 81-79 a 184,4%* no cruzamento Primavera x FT 81-1835 e tiveram uma média de $5,2 \pm 38,0\%$. Apenas sete estimativas foram significativas e destas apenas quatro foram positivas 43,2*; 46,8*; 184,4* e 61,7*, respectivamente nos cruzamentos IAC-Foscarin-31 x Forrest, IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835, Primavera x FT 81-1835 e Primavera x Hale 321.

As estimativas de heterobeliose foram predominantemente negativas com média de $-22,2 \pm 35,1\%$. Entre os poucos cruzamentos que apresentaram heterobeliose positiva, apenas Primavera x Forrest apresentaram resultado significativo (125,0%**). Esses resultados mostram que as progênies F_2 distribuíram-se amplamente em torno da média dos parentais com uma pequena tendência de superioridade; porém, a

maioria das progênies F_2 foram inferiores ao respectivo parental superior.

Na avaliação da PP, a exemplo do que ocorreu para PPI, houve diferenças significativas a 1% entre parentais e entre progênies F_2 . A PP média dos parentais foi de 2502 ± 659 kg/ha. Os dois parentais mais produtivos foram IAC-Foscarin-31 e Palmetto, respectivamente com valores de 3777 e 3424 kg/ha, os quais não diferiram estatisticamente entre si e confirmaram os bons níveis observados na PPI. Depois destes parentais, classificaram-se os cultivares Paraná e Década, respectivamente com PP de 2672 e 2546 kg/ha, os quais só diferiram significativamente do último colocado (Forrest com 1577 kg/ha).

Entre as progênies F_2 a média de PP foi 2562 ± 457 kg/ha, a qual não diferiu significativamente da média dos parentais. Três progênies F_2 produziram entre 1000 e 2000 kg/ha, 32 entre 2000 e 3000 kg/ha e 10 entre 3000 e 4000 kg/ha. No total, 23 progênies F_2 produziram acima da média dos parentais, porém, nenhuma progênie produziu mais que o parental mais produtivo do grupo. Das 20 melhores progênies F_2 , superiores em PPI, 13 foram incluídas entre as 20 melhores em PP.

As estimativas de heterose para PP variaram de -99,7%** no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Forrest a 103,4%** no cruzamento Forrest x Hale 321 e tiveram média de $8,4 \pm$

39,9%. Foram detectadas 21 estimativas significativas de heterose das quais apenas 13 foram positivas, sobressaindo-se as observadas nos cruzamentos Paraná x SOC 81-79, Primavera x SOC 81-79, Forrest x Hale 321 e FT 81-1835 x Palmetto, respectivamente 73,7**; 60,3**; 103,4** e 60,3**. As estimativas de heterobeliose apresentaram média de $-16,6 \pm 37,9$ e variaram de -128,9%** no cruzamento IAC-Foscarin-31 x Hale 321 a 71,5%** no cruzamento Forrest x Hale 321. Apenas três cruzamentos apresentaram heterobeliose positiva e significativa, Paraná x SOC 81-79, Primavera x SOC 81-79 e Forrest x Hale 321, respectivamente com 67,9**; 47,5* e 71,5%** . Portanto, a maioria das progênes F_2 produziu menos que o respectivo parental superior.

Neste estudo, em termos da média de todos os cruzamentos, tanto os dados de heterose como os de heterobeliose para PPI e PP, foram relativamente concordantes. Ambos os valores médios de heterose foram positivos e ambos de heterobeliose foram negativos. Na literatura consultada todos os resultados médios de heterose, geralmente obtidos a partir da produtividade em gramas/planta, são positivos e apresentam uma grande variação. CAMPOS (1979) obteve média de 19,0%; CHAUHAN & SINGH (1982), 48,4%; MEHTA et alii (1984), 24,6%; VEATCH (1930) 35,5%; WEBER et alii (1979), 25,1%; WENTZ & STEWART (1924), 171,8% e WOODWORTH (1933), 93,7%. Os valores médios de 5,3% e 8,4% observados respectivamente para PPI e PP são pequenos em relação aos da literatura.

Para heterobeltiose, os resultados da literatura são também positivos. CAMPOS (1979) obteve média de 3,3%; CHAUDHARY & SINGH (1974), 26,1%; MEHTA et alii (1984) 57,8%; KAW & MENON (1979), 4,3%; KUNTA et alii (1985) 20,1%; PASCHAL II & WILCOX (1975), 8,0%; VEATCH (1930), 19,5%; WEBER et alii (1970), 13,4% e WOODWORTH (1933), 30,9%. A média da heterobeltiose foi negativa tanto para PPI (-22,2%) como para PP (-16,6%). Porém, tanto para heterose como para heterobeltiose, particularmente para PP, que envolveu uma amostragem maior de plantas, alguns cruzamentos apresentaram valores positivos e significativos: Paraná x SOC 81-79, Década x SOC 81-79 e Forrest x Hale 321, respectivamente 73,7**; 60,3** e 103,4%** para heterose; 67,9**; 45,5* e 71,5%** para heterobeltiose.

Vale ressaltar que apenas duas progêneses F_2 superaram o melhor parental do grupo em PPI (IAC-Foscarin-31 x Forrest e Primavera x FT 81-1835) porém não confirmam esse potencial quando foi considerado a PP. Na avaliação da PP, nenhuma progênie superou o parental mais produtivo do grupo (IAC-Foscarin-31). Portanto, se esse cultivar fosse tomado como referência, não seria constatada heterose padrão para PP.

WEBER et alii (1970), PASCHAL II & WILCOX (1975) e KUNTA et alii (1985) afirmaram que para que haja sucesso na exploração comercial de híbridos em soja, dois requisitos devem ser atendidos: a) heterose para produtividade;

mais precisamente deve existir heterose padrão para que o híbrido seja mais vantajoso que os cultivares homozigóticos disponíveis; b) um método para produção de sementes híbridas em larga escala deve ser desenvolvido. Esta segunda exigência é talvez a curto prazo a maior barreira para a exploração do vigor do híbrido em soja (NELSON & BERNARD, 1984). Entretanto, BURTON & CARTER (1983) já propuseram um método para produção de sementes híbridas de soja em quantidades experimentais. Isso significa que um passo inicial já foi dado e o uso do vigor de híbrido em soja pode vir a se tornar uma prática comum no futuro.

Relacionando-se a PPI com a PP dos parentais constata-se que SOC 81-79 e Forrest sofreram marcante alteração de posição de uma avaliação para outra; tendo sido primeiro e quarto colocados em PPI, passaram respectivamente para sétimo e décimo colocados em PP. O coeficiente de correlação de Sperman ou ordinal (r_s ; SNEDECOR & COCHRAN, 1977) entre as duas avaliações foi 0,42 (não significativo) para o grupo dos dez parentais; entretanto, quando os parentais SOC 81-79 e Forrest foram excluídos obteve-se $r_s = 0,71$ (significativo a 5%). Pelo menos cinco progênies F_2 sofreram mudanças marcantes de classificação com base em PPI e PP. As progênies F_2 dos cruzamentos Primavera x FT 81-1835, IAC-Foscarin-31 x Forrest, IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835, Década x Palmetto e Paraná x Palmetto, que ocuparam as posições, primeira, segunda, sexta, nona e quadragésima terceira na avalia-

ção da PPI, passaram respectivamente para quadragésima terceira, quadragésima quinta, quadragésima primeira e décima segunda colocadas na PP. Para o conjunto de 45 progênies F_2 , estimou-se $r_s = 0,23$ (não significativo) entre as classificações de PPI e PP; esta correlação passou para $r_s = 0,52$ (significativo a 1%) quando foram excluídas as cinco progênies F_2 antes mencioandas. Estes dados evidenciam que, provavelmente em alguns casos houve superestimação ou subestimação da PPI, enquanto que em outros houve subestimação da PP. Neste caso, pode-se citar como exemplo as progênies dos cruzamentos IAC-Foscarin-31 x Forrest, IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835 e Primavera x FT 81-1835, com produtividades relativamente mais baixas que as das demais progênies de ambos os parentais.

A explicação para mudança marcante de classificação é a ocorrência de perdas de estande. Como a soja tem boa capacidade de compensação, o estande baixo leva à superestimação da PPI e à subestimação de PP, de maneira que se obtêm grandes produtividades nas amostras de plantas individuais e baixa produtividade da parcela. Isso foi verificado na maioria dos casos citados. Entretanto, vale salientar que as perdas de estandes mais ou menos constantes através das repetições foram encaradas como uma característica do parental ou do cruzamento.

É importante ressaltar que embora com possí-

veis sub ou superestimações de produtividade, os coeficientes de variação das análises de variância de PPI e PP foram respectivamente de 20,6 e 15,9% (Tabela 11), os quais estão em um nível satisfatório para trabalhos realizados em campo e refletem a boa precisão do experimento. Em outras palavras, pode-se admitir que os possíveis desvios ocorridos não tiveram uma magnitude suficiente para comprometer a precisão do experimento.

Considerando os resultados obtidos para produtividade e outros caracteres (Tabelas 12, 13, 14 e 15), as diferenças significativas observadas entre parentais e principalmente entre progênes F_2 e, além disso, a amplitude de variação da heterose e da heterobeltiose, constata-se que esse grupo de parentais reúne uma considerável variabilidade para todos os caracteres avaliados e particularmente para produtividade que é o caráter para o qual se concentram as maiores atenções.

4.3. CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES

As correlações estimadas para os parentais e para as progênes F_2 são apresentadas na Tabela 16.

Com raras exceções, tanto nos parentais quanto nas progênes F_2 as correlações genotípicas tiveram o mesmo sinal e foram maiores que as fenotípicas; ambas foram geralmente superiores às respectivas correlações de ambiente.

Correlações genotípicas com sinal igual e valores maiores que as fenotípicas têm sido comuns em soja (ANAND & TORRIE, 1963; BYTH et alii, 1969; CAVINESS et alii, 1968; FEHR & WEBER, 1968). Embora sendo os parentais homozigóticos e as progênes F_2 heterozigóticas, portanto tendo diferentes componentes da variância genética, as correlações genotípicas e fenotípicas foram bastante concordantes nos dois grupos de materiais.

Nos dois grupos, a PP, mostrou-se positivamente correlacionada com NDM, NIM, APM e Ac. Correlações positivas da produtividade com NDM, APM e Ac foram também constatadas por ANAND & TORRIE (1963), JOHNSON et alii (1955b), KNOW & TORRIE (1964) e SIMPSON & WILCOX (1983). Correlação da PP com o número de nós foi relatada por CAMPOS (1979) e SIMPSON & WILCOX (1983). Para PPI, todas essas correlações foram positivas e relativamente altas ($>0,50$), com poucas exceções.

Embora tenha havido correlação positiva entre PP e PPI, as estimativas foram geralmente baixas, particularmente nas progênes F_2 . Isso sugere que pelo menos em alguns tratamentos as avaliações não foram satisfatoriamente concordantes. Esse resultado confirma o que foi constatado pelo coeficiente de correlação de Sperman ou ordinal (r_s), apresentado no item 4.2.4, entre as médias desses dois caracteres.

As correlações da PP e da PPI com os caracteres relacionados ao florescimento, geralmente foram baixas. Ocorreu exceção para APF das progênes F_2 , cujos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica com produtividade tiveram valores absolutos relativamente altos, porém negativos.

As correlações da PP com o VA foram baixas, tanto nos parentais quanto nas progênes F_2 , sendo a correlação genotípica negativa nos dois grupos. Na realidade, a ausência de correlação significativa entre esses dois caracteres não é muito surpreendente, uma vez que o valor agrônomo é um caráter complexo e não foi avaliado ao nível de parcela. Por outro lado, as correlações entre PPI e VA foram positivas nos dois grupos, porém foram de pequena magnitude nos parentais. BYTH et alii (1969) usaram um escore similar ao VA para avaliar linhagens experimentais em F_6 e F_7 e obtiveram correlações fenotípicas positivas (na maioria dos casos significativas) com a produtividade. Contudo, as correlações genotípicas foram baixas. Esses resultados sugerem que o VA pode ser útil no processo de avaliação preliminar de produtividade; talvez a eficiência do VA possa ser melhorada usando-se mais de um avaliador e utilizando-se a média das avaliações como resultado final.

Os caracteres NDF, NIF e APF apresentaram correlações fenotípicas e genotípicas positivas entre si. Con-

tudo, apresentaram baixas correlações com outros caracteres, à exceção da correlação negativa entre PPI e APF observada nas progênes F_2 . Esses resultados sugerem que nesse grupo de materiais precoces os caracteres avaliados no florescimento, em época normal de plantio, não parecem ter grande importância no processo de seleção. FARIAS NETO (1987), entretanto, concluiu que os caracteres NDF e APF são importantes no melhoramento da produtividade em cultivo de inverno e em baixas latitudes.

Os caracteres relacionados com o desenvolvimento da planta na maturidade (NDM, NIM, APM) apresentaram correlações positivas e altas entre si e com PPI, PP, Ac e VA, tanto nos parentais quanto nas progênes F_2 . Portanto, esses caracteres mostraram-se bastante importantes para o processo de seleção desse material precoce. Tais resultados estão de acordo com os obtidos por ANAND & TORRIE (1963), JOHNSON *et alii* (1955b) e KNOW & TORRIE (1964), com poucas exceções.

Como era esperado as correlações fenotípicas e genotípicas entre VA e Ac foram todas negativas, sendo também de pequena magnitude nos parentais e progênes F_2 .

Conforme já foi mencionado, a grande maioria das correlações de ambiente foram de pequena magnitude. No grupo de parentais, apenas as correlações entre PPI e VA, APF e APM, Ac e VA, foram maiores que as correlações genotípicas e fenotípicas, tendo sido todas elas maiores que 0,5 (valor absoluto). No grupo das progênes F_2 , seis correla-

ções de ambiente foram superiores às correlações genotípicas e fenotípicas: PPI e APM; PPI e VA; NDF e NDM; NIF e NIM; APF e APM; e APM e Ac.

Esses resultados sugerem que a ação do ambiente atuou no mesmo sentido na expressão desses caracteres e foi relativamente mais importante que ação genética na associação entre eles. Nos dois grupos, várias correlações de ambiente apresentaram sinais contrários ao das correlações genotípicas e fenotípicas, sugerindo que a ação do ambiente foi em sentido contrário ao da ação genética nesses caracteres. Essas constatações em termos práticos são muito importantes porque, dependendo da magnitude da ação do ambiente, podem comprometer a eficiência da seleção.

A partir desses resultados constata-se que os caracteres relacionados à maturidade mostram-se, dentre os estudados, como os mais importantes no melhoramento para produtividade. Porém, a correlação alta e positiva entre NDM e produtividade constitui um fator de dificuldade, quando o objetivo for a obtenção de materiais produtivos e precoces. Neste caso, a seleção terá sentidos opostos nos dois caracteres e será dificultada pela correlação positiva entre eles.

4.4. ANÁLISE DIALÉLICA DE HAYMAN

4.4.1. Teste de validade do modelo

Para experimentos com repetições, dois testes

fornece em conjunto uma melhor informação sobre o tipo de relação existente entre as variâncias (V_i) e as covariâncias (C_i) das linhas (i) da tabela dialélica: a) análise da variância das diferenças ($C_i - V_i$) (conjunto de progênies do i -ésimo parental recorrente), b) coeficiente de regressão b de C_i sobre V_i (MATHER & KINKS, 1982). Quando as diferenças ($C_i - V_i$) das linhas são homogêneas e b não difere significativamente da unidade o modelo é considerado suficiente, ou seja, o caráter em estudo pode ser explicado através do modelo aditivo-dominante. Além da análise das diferenças ($C_i - V_i$) foram realizadas as análises de V_i e C_i individualmente e das somas ($C_i + V_i$); porém, a maior atenção foi dada para as diferenças ($C_i - V_i$).

Nas análises incluindo os dez parentais, os caracteres NDF, APF, NIM, APM, VA e PPI apresentaram heterogeneidade para as diferenças ($C_i - V_i$). O caráter Ac, embora apresentando homogeneidade para as diferenças ($C_i - V_i$) teve o coeficiente de regressão b não diferente de zero. Para esses caracteres realizaram-se novas análises excluindo diferentes parentais, ou seja, de dialelos $(n-1) \times (n-1)$ e em alguns caracteres $(n-2) \times (n-2)$, como recomenda HAYMAN (1954b). Apenas nos caracteres APM, VA e Ac não se conseguiu homogeneidade para as diferenças ($C_i - V_i$). Contudo, a significância das diferenças ($C_i - V_i$) nesses caracteres ocorreu apenas ao nível de probabilidade de 5% (Tabela 17).

Vale observar que geralmente para os caracteres em que as diferenças ($C_i - V_i$) foram homogêneas, C_i e V_i e as somas ($C_i + V_i$) também tenderam a ser homogêneas. Ocorreu exceção para PP, onde apesar das diferenças ($C_i - V_i$) serem homogêneas, V_i , C_i e as somas ($C_i + V_i$) foram heterogêneas. A significância de ($C_i + V_i$) é decorrente das diferenças entre as progênies dos parentais recorrentes e sugere a presença de efeitos de dominância (MATHER & JINKS, 1982).

O segundo teste de validade do modelo baseou-se na regressão de C_i sobre V_i , a qual no modelo aditivo-dominante deve apresentar o coeficiente de regressão $b \approx 1$. De acordo com a Tabela 18, para a maioria dos caracteres, os valores de b foram superiores a 0,50; ocorreu exceção para APF com $b = 0,46$. De um modo geral, os desvios (s_b) também foram relativamente baixos; em todos os caracteres a magnitude do desvio foi menor que a metade da estimativa do parâmetro. Os coeficientes de determinação (R^2) apresentaram valores superiores a 0,50, com exceção da PPI ($R^2 = 0,42$). Para todos os caracteres o teste "t" foi significativo para a hipótese $b = 0$. Para a hipótese $b = 1$, nos caracteres APF e Ac o teste "t" mostrou significância (5%); para os outros oito caracteres o teste "t" não foi significativo.

Outros autores também verificaram que o modelo aditivo-dominante não foi suficiente para explicar as observações de alguns caracteres: PPI, NDF e APM (LEFFEL &

WEISS, 1958); produtividade, APM, número de nós e número de ramos (KAW & MENON, 1983). Caracteres como NDF, APM e PPI que em várias pesquisas não obedeceram ao modelo aditivo-dominante devem ter um tipo de ação gênica mais complexa, talvez envolvendo epistasia.

Em certos caracteres a heterogeneidade foi provocada por alguns parentais em particular, pois com a exclusão destes a heterogeneidade foi anulada ou, pelo menos, minimizada. Os seguintes parentais e caracteres mostraram este tipo de comportamento: Dêcada para NDF, Primavera e Dêcada para APF e NIM, Coker 136 e Forrest para APM e FT 81-1835 para PPI. Portanto, esses cultivares de algum modo estavam contribuindo para que, nos respectivos caracteres, uma ou mais restrições da metodologia não fossem atendidas.

Apenas para os caracteres APM, VA e Ac que apresentaram diferenças ($C_i - V_i$) significativas a 5% e APF com a hipótese $b = 1$ significativa a 5%, as análises são apenas aproximadas. Vale salientar que para o caráter Ac, as tentativas de exclusão de parentais não alteraram a heterogeneidade das diferenças ($C_i - V_i$).

4.4.2. Análise gráfica

Após serem realizados os testes de validade do modelo aditivo-dominante, a partir da regressão de C_i so-

bre V_i foram feitos os estudos gráficos da genética dos caracteres (JINKS, 1954; HAYMAN, 1954b; SINGH & SINGH, 1984a), cujos resultados são discutidos a seguir.

4.4.2.1. Caracteres relacionados ao florescimento

Os gráficos dos caracteres NDF, NIF e APF são apresentados na Figura 3. O caráter NDF (Figura 3a) apresentou $b = 1,0386 \pm 0,2068$, o qual não diferiu significativamente da unidade, $A = 1,8607$ e $R^2 = 0,7899$; este valor de b sugere que houve um bom ajuste dos dados à reta de regressão. O ponto no qual a reta tangente à parábola intercepta o eixo das covariâncias (C_i) teve o valor $B = 4,5882$. A relação $2 \left[\frac{AB}{OB} \right]^{0,5}$ que fornece o grau médio de dominância teve um valor de 1,5420 que evidencia a ocorrência de sobredominância. A correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ apresentou o valor de $r = -0,0140$, que não difere de zero. Para a geração F_1 KAW & MENON (1983), LEFFEL & WEISS (1958) e TOLEDO & KIIHL (1982b) obtiveram dominância parcial para esse caráter. Além disso, o baixo valor e o sinal negativo da correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ não estão de acordo com os obtidos por KAW & MENON (1983) e TOLEDO & KIIHL (1982b), os quais foram respectivamente de 0,74 e 0,95, resultados que significam que os genes dominantes reduzem a expressão do caráter. Possivelmente essa correlação negativa e próxima de zero seja decorrente do fato deste estudo incluir somente genótipos precoces. Apesar

disso, a partir do gráfico da regressão de C_i sobre V_i constatase que o cultivar Primavera é o que contém mais genes dominantes e que Palmetto, Hale 321, Forrest, FT 81-1835 e Paraná contém mais genes recessivos; os demais cultivares situam-se intermediariamente.

No caráter NIF (Figura 3b) a reta de regressão interceptou o eixo das covariâncias abaixo da origem ($A = -0,0003$), indicando a ocorrência de sobredominância. O coeficiente de regressão $b = 0,9428 \pm 0,3148$ não diferiu significativamente da unidade. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 0,0125$. O grau médio de dominância foi de 2,0248. O ajuste dos pontos à regressão foi apenas razoável com $R^2 = 0,5328$. O coeficiente de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de $r = 0,1678$, não significativo. Os cultivares Primavera, Coker 136, IAC-Foscarin-31 e Hale 321 são os que apresentaram o maior número de genes dominantes e os cultivares Década e SOC 81-79 os que contém maior número de genes recessivos. KAW & MENON (1983) para o número de nós, obtiveram em F_1 dominância parcial e para a correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ obtiveram também um valor negativo. Embora não se tratando da mesma geração e nem especificamente da mesma determinação, os resultados são até certo ponto concordantes, particularmente no que se refere ao sinal de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$.

A APF (Figura 3c) atendeu ao modelo aditivo-dominante no que se refere a homogeneidade das diferenças

$(C_i - V_i)$, mas, apresentou $b = 0,4586 \pm 0,1806$, o qual diferiu de zero e da unidade a 5%. Desse modo, os resultados da análise da APF são apenas aproximados. A reta de regressão interceptou o eixo das covariâncias em $A = 18,4023$ e a reta tangente à parábola em $B = 45,4705$. O grau médio de dominância obtido a partir do gráfico é portanto de 1,5431. A correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de 0,2499 (não significativa). KAW & MENON (1983) obtiveram na geração F_1 grau médio de dominância 0,60 e $r = 0,76$ para a correlação Y_i $(C_i + V_i)$. Embora tratando-se de gerações diferentes, o grau médio de dominância é bastante concordante e a correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ apresentou o mesmo sinal. Os cultivares com maior número de genes dominantes foram o Hale 321, Coker 136 e FT 81-1835; os cultivares com maior número de genes recessivos foram Forrest e Palmetto; os demais ficaram em situação intermediária, não predominando nem genes recessivos e nem genes dominantes.

4.4.2.2. Caracteres relacionados à maturidade

Entre os caracteres relacionados à maturidade foram pesquisados NDM, NIM e APM (Figura 4).

O NDM (Figura 4a) apresentou $b = 0,9476 \pm 0,0689$, o qual não diferiu significativamente da unidade. O valor de $A = -0,4932$ fez com que a reta da regressão interceptasse o eixo das covariâncias muito próximo da origem, de modo que há indicação de dominância completa ou de uma pequena sobre-dominância. A reta tangente à parábola interceptou o eixo

das covariâncias no ponto $B = 33,0293$. O grau médio de dominância para o caráter foi estimado em 2,01. O valor do coeficiente de determinação foi próximo da unidade ($R^2 = 0,959$) indicando ótimo ajuste dos pontos à reta de regressão. A correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de $r = 0,459$, não significativa. Na geração F_1 , LEFFEL & WEISS (1958) obtiveram grau médio de dominância 0,06 e KAW & MENON (1983) estimaram em 0,85. Esses últimos autores obtiveram também o valor de 0,96 para o coeficiente de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$, que é praticamente o dobro do valor obtido neste estudo, porém com o mesmo sinal, o que confirma que a ação dos genes dominantes e recessivos foram semelhantes nos dois estudos. Os genes dominantes contribuíram para reduzir, enquanto os recessivos contribuíram para aumentar a expressão do caráter. Os parentais distribuíram-se muito próximos uns dos outros no gráfico C_i/V_i com exceção do cultivar Paraná que colocou-se bastante distante dos demais (Figura 4a). Desse modo, a ordem de dominância apresentou os cultivares Hale 321, Primavera, Coker 136, Forrest, FT 81-1835, IAC-Foscarin-31, Década e Palmetto em um extremo, todos possivelmente com pequenas diferenças em termos do número de genes dominantes que possuem e no outro extremo o cultivar Paraná concentrando o maior número de genes recessivos.

No NIM (Figura 4b) a reta de regressão interceptou o eixo das covariâncias acima da origem ($A = 0,0212$) e

o coeficiente de regressão ($b = 1,2362 \pm 0,2182$) não diferiu significativamente da unidade. O coeficiente de determinação $R^2 = 0,842$ demonstra que os pontos ajustaram-se bem à reta de regressão. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 0,0605$, o que resultou em um grau médio de dominância de 1,61. O coeficiente de correlação entre Y_1 e $(C_1 + V_1)$ para NIM foi de 0,145 (não significativo). Em termos de valor absoluto é aproximadamente igual ao de NIF; entretanto, apresenta sinal contrário ao daquele coeficiente. Vale ressaltar, porém, que os dois coeficientes foram não significativos, desse modo, é provável que essa diferença de sinal não tenha nenhum significado genético.

Os cultivares apresentaram uma distribuição relativamente ampla ao longo da reta de regressão, o que sugere que os mesmos têm diferentes números de genes dominantes no controle do NIM. Os parentais SOC 81-79 e Hale 321 foram os que apresentaram o maior número de genes dominantes; os cultivares Coker 136 e IAC-Foscarin-31 colocaram-se no extremo oposto, ou seja, com o maior número de genes recessivos; os demais parentais colocaram-se em uma posição intermediária em número de genes recessivos e dominantes. Dos dez parentais que foram estudados quanto ao NIF, apenas oito foram avaliados quanto ao mesmo caráter na maturidade, tendo sido excluídos os parentais Primavera e Década. Dos parentais comuns aos dois estudos, Hale 321 apresentou o maior número de genes dominantes para os dois caracteres. Os parentais

Paraná, Forrest, FT 81-1835, Palmetto, também apresentaram posições relativas semelhantes, detendo um número intermediário de genes dominantes. Já os parentais Coker 136 e SOC 81-79 que apresentaram respectivamente predominância de genes dominantes e recessivos para o NIF, apresentaram justamente o oposto para o NIM. O comportamento desses parentais sugere que possivelmente sistemas gênicos diferentes controlam esses dois caracteres. Inclusive as correlações genéticas entre eles foram baixas, tanto nos parentais quanto nas progênes F_2 (Tabela 16).

A APM (Figura 4c), a exemplo do que ocorreu com APF, apresentou a reta de regressão interceptando o eixo das covariâncias acima da origem ($A = 55,7021$). Porém, apresentou o coeficiente de regressão ($b = 1,0936 \pm 0,1889$) bem superior aos da APF. Os pontos apresentaram um bom ajuste à reta de regressão com o coeficiente de determinação $R^2 = 0,848$. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 243,6718$, o que proporcionou um grau médio de dominância de 1,76. Esse resultado reflete a ocorrência de sobredominância na expressão do caráter, estando em acordo com os resultados obtidos por LEFFEL & WEISS (1958) e KAW & MENON (1983) para a geração F_1 . O coeficiente de correlação entre Y_1 e $(C_1 + V_1)$ foi de $r = 0,507$ (não significativo) valor este próximo do obtido por KAW & MENON (1983) ($r = 0,62$) e ambos com o mesmo sinal. Os parentais Primavera e SOC 81-79 apresentaram o maior número de genes dominantes, o cui

tivar IAC-Foscarin-31 apresentou o maior número de genes recessivos e os demais parentais situaram-se intermediariamente.

Relacionando-se os resultados obtidos para APF e APM, verifica-se que apenas seis dos dez parentais foram comuns no estudo desses dois caracteres. No caráter APF os parentais apresentaram distribuição relativamente mais concentrada do que no caráter APM. Isso sugere que, em termos de distribuição de genes dominantes, os parentais são mais semelhantes para APF do que para APM. Uma evidência clara disso são os cultivares IAC-Foscarin-31 e SOC 81-79 que estão bem próximos no gráfico da APF e nos extremos da reta no caráter APM. Esse resultado também evidencia que possivelmente sistemas gênicos diferentes controlam esses dois caracteres. Essa evidência é reforçada pelas baixas estimativas obtidas para o coeficiente de correlação genotípica entre eles, tanto nos parentais quanto nas progênes F_2 .

4.4.2.3. Acamamento e valor agrônômico

Como descrito em material e métodos, esses caracteres foram quantificados subjetivamente através de avaliação visual de um só avaliador. Ambos não mostraram homogeneidade das diferenças ($C_i - V_i$), sendo o teste "F" significativo ao nível de probabilidade de 5%.

O caráter Ac (Figura 5a) apresentou o coeficiente de regressão $b = 0,6434 \pm 0,1302$, o qual diferiu de zero ao nível de probabilidade de 1% e da unidade ao nível de 5%. Esse caráter, portanto, da maneira que foi avaliado, apenas se aproximou do modelo aditivo-dominante. O coeficiente de regressão linear foi $A = 0,0039$. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 0,0154$, obtendo-se portanto um grau médio de dominância de 1,73. O coeficiente de determinação foi $R^2 = 0,830$, evidenciando que os dados ajustaram-se satisfatoriamente à regressão linear. A correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de 0,902019, significativo a 1%. Esses resultados indicam que os genes dominantes reduzem e os recessivos aumentam o acamamento. Embora não atendendo satisfatoriamente ao modelo aditivo-dominante, o valor da correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ permitiu o cálculo do limite de seleção para esse caráter. O limite mínimo de seleção sendo de 1,295¹ e o máximo de 1,4120. É importante salientar que vários parentais apresentam acamamento médio inferior ao limite mínimo calculado (Tabela 14); isso de certo modo reflete a precisão apenas aproximada da análise gráfica desse caráter. Em termos de ordem de dominância, o parental Coker 136 é o que reúne o maior número de genes dominantes, no outro extremo estão os parentais IAC- Foscarin-31 e Palmetto que reúnem o maior número de genes recessivos. Os

1

Dados retransformados para a escala original.

demais parentais situaram-se intermediariamente, porém mais próximo do Coker 136.

No caráter VA (Figura 5b) a reta de regressão interceptou o eixo das ordenadas abaixo da origem ($A = -0,0046$), indicando a ocorrência de sobredominância. O coeficiente de regressão ($b = 0,6899 \pm 0,2119$) diferiu de zero a 1% e não diferiu da unidade. O coeficiente de determinação ($R^2 = 0,642$) mostrou um ajuste apenas razoável dos dados à reta de regressão. A partir do gráfico o grau médio de dominância foi de 2,61, valor que reflete a ação gênica de sobredominância na expressão do caráter. O coeficiente de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de $r = -0,194$ (não significativo). Embora não sendo significativo o sinal negativo de r evidencia que os genes dominantes têm efeito positivo para o VA. Em termos ordem de dominância, o parental Coker 136 foi o que apresentou o maior número de genes dominantes, no outro extremo está o parental FT 81-1835, com a maior concentração de genes recessivos.

Como já foi comentado, VA e Ac não se ajustaram satisfatoriamente ao modelo aditivo-dominante. Essa não adequação pode ser decorrente do fato de realmente esse modelo não ser suficiente para explicar geneticamente esses caracteres. Também pode ser devido aos métodos de avaliação dos caracteres, particularmente no que se refere a atribuição de notas por um único avaliador, ou ainda, das duas coisas conjuntamente. Provavelmente, a média de duas ou mais

avaliações, feitas por avaliadores diferentes, poderia permitir uma análise mais precisa do controle genético desses caracteres.

4.4.2.4. Produtividade

Para o caráter PPI (Figura 6a), a reta de regressão interceptou o eixo das covariâncias abaixo da origem ($A = -4,3244$). O coeficiente de regressão ($r = 0,6491 \pm 0,1994$) diferiu de zero ao nível de probabilidade de 5% e não diferiu da unidade. O coeficiente de determinação ($R^2 = 0,421$) foi relativamente baixo, indicando um pobre ajuste dos pontos à reta de regressão. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 58,3051$ fornecendo um grau médio de dominância de 2,07. Este valor evidencia a ocorrência de sobredominância. O coeficiente de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ foi de $r = 0,336$ (não significativo) apesar disto, houve evidência de que os genes recessivos têm efeito positivo sobre a produtividade, KAW & MENON (1983) também constatarem sobredominância. Entretanto, obtiveram correlação negativa entre Y_i e $(C_i + V_i)$. Isso indica que no estudo realizado por esses autores os genes dominantes tiveram efeito positivo sobre a produtividade. Os resultados contrastantes obtidos para produtividade, entre outros fatores, podem ser devidos às diferenças entre os materiais genéticos usados nos dois estudos. A distribuição dos parentais

ao longo da reta de regressão pode ser visualizada em termos de quatro conjuntos os quais têm número de genes dominantes aproximados. Com maior número de genes dominantes destaca-se o cultivar Hale 321; em seguida vem o conjunto que reúne os cultivares Primavera, SOC 81-79 e Coker 136; em terceiro lugar, Paraná, IAC-Foscarin-31 e Década; por último, os cultivares Palmetto e Forrest. Este último conjunto é o que contém o maior número de genes recessivos.

No caráter PP (Figura 6b) a exemplo do que ocorreu na PPI, a reta de regressão interceptou o eixo das covariâncias abaixo da origem ($A = -4,72.10^4$). O coeficiente de regressão ($b = 0,5728 \pm 0,1874$) diferiu de zero ao nível de probabilidade de 5% e não diferiu da unidade. O coeficiente de regressão ($R^2 = 0,539$) foi um pouco superior ao obtido para PPI, mas mesmo assim, evidencia um ajuste apenas razoável dos pontos à reta de regressão. A reta tangente à parábola interceptou o eixo das covariâncias em $B = 25,87.10^4$, fornecendo um grau médio de dominância de 2,17. O coeficiente de correlação ($r = 0,618$, não significativo) entre Y_i e $(C_i + V_i)$ ficou muito próximo da significância a 5%. Desse modo, estimou-se o limite teórico de seleção, que neste caso, é apenas aproximado. Os limites máximo e mínimo obtidos foram respectivamente de 3024 e 2047 kg/ha. Vale salientar, com relação ao limite máximo, que dois parentais e dez progênies F_2 apresentaram produtividades superiores a esse limite.

Os parentais Hale 321, FT 81-1835 e Primavera foram os que apresentaram o maior número de genes dominantes, o IAC-Foscarin-31 foi o que apresentou o maior número de genes recessivos. Os demais ocuparam posições intermediárias.

Relacionando-se as análises gráficas da PPI e PP, em termos de regressão de C_i sobre V_i , verifica-se que os resultados foram bastante semelhantes. Os valores dos coeficientes de regressão (b) foram aproximados, ambas apresentaram o coeficiente linear (A) negativo, indicando a ocorrência de sobredominância e ambas apresentaram o coeficiente de correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ positivos, evidenciando que os genes recessivos têm efeitos positivos sobre a produtividade. Esses resultados, com exceção do sinal da correlação entre Y_i e $(C_i + V_i)$ estão em acordo com os obtidos por LEFFEL & WEISS (1958) e KAW & MENON (1983). O posicionamento relativo dos parentais nos dois gráficos, entretanto, apresentou algumas alterações. Os parentais Hale 321, Primavera, Coker 136 e Paranã, apresentaram posicionamento relativamente semelhantes. Os demais parentais, com exceção de FT 81-1835 que foi excluído da análise de PPI, ocuparam posições relativamente diferentes nos dois gráficos. Um fato importante a ser observado é que três dos quatro parentais que mantiveram posições relativas semelhantes são de hábito de crescimento determinado, enquanto que quatro dos cinco que apresentaram posições relativas diferentes são de hábito de crescimento indeterminado.

Uma possível explicação para as alterações nas posições relativas dos cultivares é um maior poder de compensação dos cultivares de crescimento indeterminado em relação aos de crescimento determinado. Isso pode ter tido maior influência sobre a PPI do que sobre a PP. Na PPI a amostra foi de 12 plantas, enquanto que na PP foi de 50 plantas. Neste caso, o efeito de compensação apresentado por algumas plantas sofre uma diluição maior e interfere menos no resultado final. É importante observar também que a PPI apresentou um coeficiente de variação superior (em torno de 4%) ao da PP (Tabela 11).

4.4.3. Análise numérica

Para a análise numérico-quantitativa foi usado em cada caráter o mesmo conjunto de cultivares utilizado nas respectivas análise gráficas. No cálculo dos componentes da variância quando houve homogeneidade dos resíduos na análise da variância foram usadas as fórmulas obtidas a partir do trabalho de SINGH & SINGH (1984b), as quais utilizam o resíduo geral, não desdobrado. Quando houve heterogeneidade entre os resíduos foram usadas as fórmulas adaptadas de HAYMAN (1958).

4.4.3.1. Caracteres relacionados ao florescimento

Os dados referentes às análises dos caracteres NDF, NIF e APF são apresentados na Tabela 19. Para todos esses caracteres os resíduos foram homogêneos (Tabela 18). Desse modo, seus componentes e parâmetros genéticos foram estimados segundo SINGH & SINGH (1984b).

No caráter NDF, os componentes da variância genética $\hat{D}$, $\hat{F}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$ foram significativos ao nível de probabilidade de 1%. O grau médio de dominância foi de 0,609, revelando a ocorrência de dominância parcial, ou em outras palavras, a predominância da variância genética aditiva. O valor de $\hat{F}$ positivo e de $\hat{N}D/\hat{N}R$ maior que a unidade indicam que há maior frequência de genes dominantes controlando a expressão do caráter. A relação $\hat{H}_2/4\hat{H}_1 = 0,21$ indica que há uma distribuição relativamente uniforme nos parentais, dos alelos com efeitos positivos e negativos. A expressão $(u-v)h/d = 1,3470$, próxima da unidade, denota uma contribuição aproximadamente uniforme dos locos para o grau de dominância. $\hat{N}$ aproximadamente igual à unidade indica que pelo menos um gene ou bloco de genes com dominância estão envolvidos na expressão do NDF.

Esses resultados mostram-se bastante concordes com os obtidos para a geração F_1 por LEFFEL & WEISS (1958), KAW & MENON (1983) e TOLEDO & KIIHL (1982b). TOLEDO

& KIIHL (1982a) concluíram pela existência de pelo menos três genes controlando NDF através de efeitos aditivos e dominantes. No que se refere aos efeitos aditivos e dominantes, os resultados obtidos neste trabalho estão em acordo com essa conclusão. Predominância da ação gênica aditiva no controle do caráter NDF também tem sido constatada por outros autores (BRIM & COCKERHAM, 1961 e CROISSANT & TORRIE, 1971). As herdabilidades obtidas no sentido restrito e amplo foram respectivamente de 0,708 e 0,940. Essas estimativas estão em acordo com as apresentadas por outros autores (ANAND & TORRIE, 1963; CHAUHAN & SINGH, 1984; DESTRO *et alii*, 1987; JOHNSON *et alii*, 1955b; KNOW & TORRIE, 1974 e TOLEDO & KIIHL, 1982b).

No caráter NIF, apenas os componentes $\hat{D}$ e $\hat{F}$ foram significativos (1%). $\hat{H}_1$ foi positivo e maior que o erro padrão, portanto, apenas evidenciando a ocorrência de dominância. Contudo, $\hat{F}$ significativo indica uma predominância de genes dominantes em relação aos recessivos, permitindo admitir que há efeito de dominância na expressão do NIF. $\hat{H}_2$ foi negativo, mas, não significativo. Sendo $\hat{H}_1 > \hat{H}_2$, evidencia-se a assimetria entre os genes de efeito positivo e os de efeito negativo. Com base nesses resultados pode-se considerar que o NIF foi controlado predominantemente por ação gênica aditiva. Embora $\hat{H}_1$ não tenha sido significativo, outros parâmetros genéticos foram estimados. O grau médio de dominância foi de 0,473, confirmando a predominância dos efei

tos aditivos. $\hat{N}D/\hat{N}R$ foi superior à unidade, reafirmando a maior frequência de alelos dominantes em relação aos recessivos e $(u-v)h/d$ foi menor que a unidade indicando que não houve uniformidade da participação dos locos na contribuição para o grau médio de dominância. A herdabilidade no sentido restrito foi de 0,873; como $\hat{H}_2$ foi considerado zero, a herdabilidade no sentido amplo assume o mesmo valor da herdabilidade no sentido restrito.

Para APF, apenas $\hat{D}$ foi significativo (1%). $\hat{F}$ foi positivo e superior ao seu respectivo erro padrão, evidenciando que pode haver maior frequência dos alelos dominantes em relação aos recessivos. A estimativa de $\hat{H}_1$, embora positiva, foi menor que seu erro padrão e a de $\hat{H}_2$ foi negativa. Esses resultados mostram que esse caráter foi controlado predominantemente pela ação gênica aditiva. Embora alguns componentes da variância tenham sido não significativos, foram realizadas estimativas de alguns parâmetros genéticos que em decorrência disso devem ser consideradas com uma certa reserva. O grau médio de dominância foi de 0,363 revelando dominância parcial. O valor $\hat{N}D/\hat{N}R$ foi maior que a unidade, revelando a predominância de genes dominantes. Os resultados mostram também que a contribuição dos locos para o grau médio de dominância não foi uniforme ($(u-v)h/d = 0,4338$). A exemplo do NIF, sendo negativa, a estimativa de $\hat{H}_2$, as estimativas da herdabilidade no sentido amplo e restrito têm o mesmo valor 0,878.

KAW & MENON (1983), obtiveram na geração F_1 , valores significativos para $\hat{D}$, $\hat{F}$, $\hat{H}_1$, $\hat{H}_2$ e um grau médio de dominância de 0,60. Esses resultados mostram a ocorrência de ações gênicas aditiva e de dominância controlando a expressão da APF; pode-se considerar que houve predominância da ação gênica aditiva. Também obtiveram $\hat{N}D/\hat{N}R > 1$ e herdabilidade de 0,836, resultados que estão em acordo com os obtidos neste trabalho. Por outro lado, CAMACHO (1971) a partir de progênies F_3 e F_4 obtidas a partir de plantas F_2 , obtiveram valores significativos para as variâncias devido aos efeitos aditivos e de dominância; considerando que a variância de dominância foi bem superior à variância aditiva, pode-se admitir que os efeitos de dominância foram mais importantes para a expressão da APF. O reflexo do maior valor de variância de dominância foi mostrado na herdabilidade no sentido restrito que foi apenas de 0,406. DESTRO et alii (1987) a partir de progênies F_3 e F_4 obtiveram estimativas de herdabilidade que variaram de 0,40 a 0,97 no sentido restrito e de 0,00 a 0,90 no sentido amplo. Desse modo, a estimativa de 0,878 obtido neste estudo está na faixa dos valores apresentados na literatura.

Nos três caracteres, NDF, NIF, APF, os resultados mostram que pela análise numérica os efeitos gênicos aditivos foram mais importantes, o que inclusive resultou na constatação de dominância parcial nos mesmos. Esses resultados, porém não estão de acordo com os obtidos na análise

gráfica onde foi constatada sobredominância. Uma possível explicação para esses resultados é que pode ter ocorrido efeito complementar entre os genes, o qual desloca a reta de regressão da inclinação próxima da unidade (DICKINSON & JINKS 1956) e interfere na regressão C_i sobre V_i , aumentando a relação $\hat{H}_1/\hat{D}$ (HAYMAN, 1954b), contribuindo para que o grau médio de dominância na análise gráfica seja superestimado.

4.4.3.2. Caracteres relacionados à maturidade

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados para NDM, NIM e APM são apresentados na Tabela 20. Os caracteres NDM e APM apresentaram resíduos heterogêneos e, por isso, seus componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados segundo HAYMAN (1958). Já o NIM teve resíduos homogêneos e seus componentes da variância e parâmetros genéticos foram estimados segundo SINGH & SINGH (1984b) (Tabela 9).

No NDM os componentes $\hat{D}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$ foram significativos (1%). $\hat{F}$ foi negativo e praticamente igual ao seu erro padrão, sugerindo que pode haver uma leve predominância da frequência dos genes recessivos em relação aos dominantes. O grau médio de dominância foi de 1,51 revelando a presença de sobredominância e, também, que a ação gênica dominante foi mais importante que a aditiva. A relação $\hat{N}_D/\hat{N}_R = 0,805$, indica que há maior frequência de genes recessivos do que do

minantes envolvidos no controle do caráter. Entretanto, como $\hat{F}$ não foi significativo esse resultado é apenas aproximado. À princípio, este resultado mostra-se em desacordo com a ocorrência de sobredominância. Uma possível explicação para o mesmo é que pode haver maior número de genes recessivos de pequenos efeitos o que causa $\hat{N}_D/\hat{N}_R < 1$ e um menor número de genes dominantes com grandes efeitos, de modo a causar um grau médio de dominância maior que a unidade. A expressão $\hat{H}_1/4\hat{H}_2 < 0,25$ indica que há assimetria entre as frequências dos alelos com efeitos positivos e negativos. O valor de $(u-v)h/d < 1$, negativo e relativamente próximo de zero indica que há uma variação independente de h e d nos diferentes locos. Entretanto, essa estimativa é, aproximada, uma vez que ela depende de $\hat{F}$ e este não foi significativo. $\hat{N}$ que estima o número de fatores efetivos teve um valor de 6,0, indicando que pelo menos seis locos ou blocos gênicos com dominância interferem com o caráter NDM. O grau médio de dominância obtido nessa análise numérica está de acordo com o obtido na análise gráfica que também revelou sobredominância.

Para a geração F_1 , LEFFEL & WEISS (1958) e KAW & MENON (1983) obtiveram dominância parcial, ou seja, predominância da ação gênica aditiva, o oposto do obtido neste estudo. Outros autores, usando metodologias e gerações diferentes também têm encontrado predominância da ação gênica aditiva no controle do número de dias para maturação (BRIM & COCKERHAM, 1961; CECON et alii, 1985; CROISSANT & TORRIE,

1971; HANSON & WEBER, 1961, 1962; HANSON *et alii*, 1967; LEFFEL & HANSON, 1961). Provavelmente, a predominância da ação gênica dominante constatada neste estudo deva-se ao fato do mesmo reunir um conjunto de parentais precoces, que sem dúvida concentram genes para esse caráter. Também por serem precoces já tiveram sua variabilidade genética aditiva reduzida através do processo de seleção para precocidade.

As herdabilidades estimadas neste trabalho foram de 0,669 e 0,898 no sentido restrito e amplo, respectivamente. Para a geração F_1 , KAW & MENON (1983) obtiveram o valor de 0,719 para herdabilidade no sentido restrito. Essas estimativas, particularmente, a obtida no sentido amplo está na faixa das que têm sido obtidas para diferentes gerações por outros autores (ANAND & TORRIE, 1963; CHAUHAN & SINGH, 1984; HANSON & WEBER, 1962; JOHNSON *et alii*, 1955a; KNOW & TORRIE, 1964 e MAHMUD & KRAMER, 1951).

O caráter NIM apresentou $\hat{D}$, $\hat{F}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$ significativos (1%). O grau médio de dominância foi de 0,74, revelando dominância parcial, ou seja, predominância da ação gênica aditiva no controle do caráter. A relação $\hat{N}D/\hat{N}R > 1$ indica maior freqüência de genes dominantes nos parentais. Foi constatada uma distribuição desuniforme dos alelos com efeitos positivos e negativos nos parentais ($\hat{H}_1/4\hat{H}_2 < 0,25$). O valor $(u-v)h/d = 0,9174$ (próximo da unidade) indica que houve uma constância da relação h/d e uma contribuição relativamente uniforme dos locos para o grau médio de dominân-

cia. O número de fatores efetivos com dominância ($N = 0,74$) indica que pelo menos um loco ou bloco gênico com dominância está envolvido no controle do NIM. A herdabilidade no sentido restrito foi de 0,641 e no amplo de 0,948.

Os resultados neste estudo são bastante concordantes com os obtidos por KAW & MENON (1983) com a geração F_1 para o número de nós. Esses autores obtiveram dominância parcial com o grau de dominância de 0,75 e herdabilidade no sentido restrito de 0,77. Estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram também apresentadas por JOHNSON et alii (1955a) para duas populações de progênes F_5 , respectivamente 0,69 e 0,63. De um modo geral, os resultados deste trabalho não diferem dos encontrados na literatura.

No caráter APM, a exemplo do que foi observado para NIM, os componentes $\hat{D}$, $\hat{F}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$ foram significativos (1%). O grau médio de dominância foi de 1,08, muito próximo da unidade. Isso sugere a presença de dominância completa ou de leve tendência de sobredominância. $\hat{N}_D/\hat{N}_R > 1$ indica maior frequência de genes dominantes nos parentais. A relação $\hat{H}_1/4\hat{H}_2 < 0,25$ mostra que a exemplo dos outros dois caracteres relacionados à maturidade, o APM também não apresentou distribuição uniforme dos genes com efeito positivo e negativo. A expressão $(u-v) h/d = 0,925$ (próxima da unidade) mostra que houve constância da contribuição dos locos para o grau médio de dominância. O valor do número de fatores efe-

tivos ($N = 0,646$) sugere que pelo menos um loco ou bloco gênico com dominância está envolvido na expressão NIM. As herdabilidades no sentido restrito e amplo foram respectivamente de 0,335 e 0,923.

LEFFEL & HANSON (1961), com progênes F_2 , obtiveram resultados que indicaram uma predominância da ação gênica dominante, com estimativas do grau médio de dominância de 1,17; 1,21 e 2,01. Por outro lado, BHATADE et alii (1977) com progênes F_2 , obtiveram predominância da ação gênica aditiva com grau médio de dominância de apenas 0,30. Esses autores, obtiveram herdabilidade de 0,45, que está relativamente próxima da obtida neste estudo em sentido restrito ($h_r^2 = 0,335$). Em termos de componentes da variância, LEFFEL & WEISS (1958) e KAW & MENON (1983) obtiveram em F_1 resultados que estão em acordo com os obtidos neste estudo. Entretanto, estimaram grau médio de dominância em torno de 0,70, o que indica a ocorrência da dominância parcial, ou seja, uma predominância da ação gênica aditiva no controle do APM. KAW & MENON (1983) também obtiveram herdabilidade no sentido restrito de 0,76, mais que o dobro da obtida neste estudo. Através de outras metodologias, outros autores têm constatado ação gênica aditiva, no controle da expressão do APM (BRIM & COCKERHAM, 1961; CECON et alii, 1985; CROISSANT & TORRIE, 1971; HANSON & WEBER, 1961, 1962; HANSON et alii, 1967). A herdabilidade no sentido amplo para APM tem sido estimada por diferentes métodos por vários autores. ANAND & TORRIE

(1963) obtiveram valores que variaram de 0,55 a 0,94; CHAUHAN & SINGH (1984) de 0,34 a 0,80; KNOW & TORRIE (1964) de 0,67 a 0,70; JOHNSON et alii (1955a) de 0,61 a 0,81) e MAHMUD & KRAMER (1951) de 0,35 a 0,91. Os resultados obtidos neste estudo, para APM, portanto, estão relativamente em acordo com a literatura.

4.4.3.3. Acamamento e valor agronômico

As estimativas dos componentes da variância e dos parâmetros genéticos para o Ac e o VA são apresentados na Tabela 21. Esses dois caracteres apresentaram resíduos heterogêneos (Tabela 10), desse modo, seus componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados segundo HAYMAN (1958).

No caráter Ac, dentre os componentes genéticos da variância, apenas $\hat{D}$ foi positivo, sendo também significativo (1%). $\hat{F}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$ foram negativos. Desse modo, não foi possível estimar outros parâmetros genéticos. Admitindo que estes parâmetros são nulos, evidencia-se que esse caráter foi controlado por ação gênica aditiva. LEFFEL & HANSON (1961) com "bulk" F_2 obtiveram dominância parcial, mas com um "bulk" F_3 obtiveram sobredominância. Nesta análise não foi possível estimar a herdabilidade para Ac, entretanto alguns autores têm apresentado estimativas de herdabilidade no sentido amplo para esse caráter. ANAND & TORRIE (1963) obtiveram estimativas que variaram de 0,35 a 0,61; BYTH et alii (1969) de 0,64 a 0,72; FEHR & WEBER (1968) de 0,60 e 0,75;

KNOW & TORRIE (1964) de 0,51 e 0,74; JOHNSON et alii (1955a) de 0,34 e 0,73; e SMITH & WEBER (1968) de 0,49 e 0,81. DESTRO et alii (1987), nas gerações F_3 e F_4 , obtiveram respectivamente, estimativas que variaram de 0,00 a 0,94 e de 0,71 a 0,84. Outros resultados apresentados na literatura apontam a ação gênica aditiva como o componente mais importante na expressão do Ac (BRIM & COCKERHAM, 1961; CROISSANT & TORRIE, 1971; HANSON & WEBER, 1961, 1962 e HANSON et alii, 1967), o que está de acordo com os resultados obtidos neste estudo.

As estimativas dos componentes genéticos da variância no caráter VA foram todos significativos; com exceção de $\hat{F}$ que foi significativo a 5%, os demais componentes foram significativos a 1%. O grau médio de dominância foi de 2,73, indicando marcante presença de sobredominância na expressão do VA. A relação $\hat{N}D/\hat{N}R > 1$ indica que nos parentais há uma maior frequência de genes dominantes. O valor de $\hat{H}_2/4\hat{H}_1 < 0,25$ sugere distribuição desuniforme dos alelos com efeitos positivos e negativos nos parentais. O resultado obtido para $(u-v)h/d = 0,556$ indica que não houve contribuição uniforme dos locos para o grau médio de dominância. O número de fatores efetivos estimado ($N = 0,669$) sugere que pelo menos um gene ou bloco gênico com dominância está envolvido no controle do VA. As estimativas da herdabilidade no sentido restrito e amplo foram respectivamente de 0,289 e 0,804.

Neste estudo, o VA foi controlado por ação gênica aditiva e dominante, porém, a dominante foi muito superior à aditiva; em decorrência disso, o VA apresentou baixa herdabilidade no sentido restrito. Dessa maneira, o VA se mostra de pouco valor para seleção em F_2 e possivelmente, para casos em que se deseja exercer forte pressão de seleção.

4.4.3.4. Produtividade

Os componentes de variância estimados para PPI e PP são apresentados na Tabela 22. Esses dois caracteres apresentaram resíduos homogêneos (Tabela 11) e assim, seus componentes de variância e parâmetros genéticos foram estimados segundo SINGH & SINGH (1984b).

No caráter PPI, apenas os componentes genéticos $\hat{D}$ e $\hat{H}_2$ foram significativos (1%). $\hat{F}$ foi negativo e inferior ao erro padrão, desso modo, sua estimativa pode ser considerada zero. $\hat{H}_1$ embora não sendo significativo, foi quase o dobro do erro padrão, evidenciando a ocorrência de ação gênica dominante na expressão do caráter. O grau médio de dominância foi de 0,768, indicando a ocorrência de dominância parcial. Entretanto, esse valor, não pode ser encarado como uma estimativa precisa, pois H_1 não foi significativo. Quanto à estimativa de H_1 , pelo menos duas hipóteses podem ser levantadas; a) os efeitos da dominância expressos através de H_1 são realmente de pequena magnitude e não significativos

no nível de precisão usado nessa análise; e b) H_1 foi subestimado. Essa segunda hipótese é talvez a mais provável, uma vez que outros autores (LEFFEL & WEISS, 1958 e KAW & MENON, 1983; em F_1 e BHATADE *et alii*, 1977 e LEFFEL & HANSON, 1961; em F_2) têm constatado dominância para PPI. A relação $H_2/4H_1 = 0,51$, confirma a pouca precisão da estimativa de H_1 , uma vez que essa expressão reflete o valor do produto da frequência gênica média dos locos onde ocorre dominância uv , o qual tem um limite teórico máximo de 0,25. O número de fatores efetivos estimado ($\hat{N} = 1,31$), sugere que pelo menos um loco ou um bloco gênico com dominância está relacionado ao controle da PPI e de certo modo confirma a dominância parcial constatada. As herdabilidades estimadas no sentido restrito e amplo foram respectivamente de 0,318 e 0,811.

Para PP, todos os componentes genéticos da variância ($\hat{D}$, $\hat{F}$, $\hat{H}_1$ e $\hat{H}_2$) foram significativos a 1%. O valor de 2,33 para o grau médio de dominância indica a presença de sobredominância e está em acordo com os dados da literatura, tanto para F_1 (KAW & MENON, 1983; LEFFEL & WEISS, 1958) como para F_2 (BHATADE *et alii*, 1977 e LEFFEL & HANSON, 1961). Referindo-se à geração F_1 , KAW & MENON (1983) mencionaram com base em relatos de outros autores que a dominância e a epistasia são completamente confundidas e que a sobredominância constatada para produtividade é duvidosa, podendo ser mais consequência de desequilíbrio de ligação ou interações não alélicas do que sobredominância propriamente dita.

A estimativa positiva de $\hat{F}$, indica maior frequência de genes dominantes do que recessivos nos parentais. A relação $H_2/4H_1 = 0,20$ (próximo de 0,25) indica que os alelos com efeitos positivos e os alelos com efeitos negativos têm distribuição relativamente uniforme nos parentais. A estimativa da constância entre efeitos de dominância e efeitos aditivos $(u-v)h/d = 0,83$, próximo da unidade, sugere uma constância de razão h/d e uma contribuição uniforme dos locos com dominância para o grau médio de dominância da PP. O número de fatores efetivos que reflete o número de locos ou blocos gênicos com dominância envolvidos na expressão de caráter ($\hat{N} = 0,09$) sem dúvida está subestimado. Isso ocorre quando os efeitos de dominância dos genes não são iguais em magnitude e direção e/ou quando há uma distribuição correlacionada de alelos nos parentais. Na realidade nenhuma dessas duas hipóteses pode ser completamente descartada. A primeira porque é pouco provável que todos os genes tenham efeitos de dominância iguais em magnitude e direção. A segunda porque, embora esses parentais sejam relativamente divergentes, eles já sofreram seleção para produtividade e aqueles que por ventura tenham um ancestral comum, embora distante, devem ter material genético mais semelhante entre si do que com os outros.

As estimativas de herdabilidade em sentido restrito e amplo foram respectivamente de 0,132 e 0,953. Es-

sas estimativas refletem a marcante presença da ação gênica dominante na expressão do caráter.

As estimativas de herdabilidade para produtividade encontrados na literatura apresentam ampla variação. No sentido restrito, ANAND & TORRIE (1963) obtiveram estimativas que variaram de 0,12 a 0,27; BHATADE et alii (1977) de 0,52; DESTRO et alii (1987) de 0,00 a 0,08; KAW & MENON (1983) de 0,29; MAHMUD & KRAMER (1951) de 0,06 a 0,77. No sentido amplo, ANAND & TORRIE (1963) obtiveram estimativas que variaram de 0,23 a 0,50; DESTRO et alii (1987) de 0,00 a 0,90; CHAUHAN & SINGH (1981) de 0,50 a 0,90; HANSON & WEBER (1962) de 0,40 a 0,53; JOHNSON et alii (1955a) de 0,25 a 0,40; KNOW & TORRIE (1964) de 0,03 a 0,10; MAHMUD & KRAMER (1951) de 0,43, 0,67 e 0,76; RONNIS et alii (1985) de 0,52 a 0,59. Consta-se, portanto, que as estimativas obtidas neste estudo estão na faixa de variação dos resultados encontrados na literatura.

Relacionando-se as análises da PPI e PP (Tabela 22), constata-se que a avaliação da PP possibilitou melhor ajuste ao método e tanto os componentes da variância quanto os parâmetros genéticos apresentaram valores mais coerentes. Possivelmente, isso se deva ao maior número de plantas amostradas, neste caso todas as plantas da parcela.

Este estudo, como outros realizados com a geração F_1 ou F_2 , mostra que nestes níveis de homozigose os efei

tos gênicos de dominância sobrepujam os efeitos gênicos aditivos para o caráter produtividade. Entretanto, em níveis mais altos de homozigose, os resultados da literatura divergem dos resultados obtidos. BRIM & COCKERHAM (1961) e CROISSANT & TORRIE (1971) afirmaram que os efeitos aditivos são os mais importantes. HANSON & WEBER (1961, 1962) a partir de dados que apresentam erros padrões relativamente altos relataram que a ação gênica epistática pode ser uma fonte de variabilidade para a produtividade. Entretanto, HANSON et alii (1967) afirmaram que a ação gênica epistática é uma importante fonte de variabilidade para produtividade e apresentaram uma relação em torno de 0,7 entre a variância devida aos efeitos epistáticos aditivo x aditivo, baseada em efeitos de locos homozigóticos, e a variância genética total. Isso significa que em níveis elevados de homozigose a variância epistática aditiva x aditiva responde por aproximadamente 70% da variância genética para produtividade.

Diante desses resultados e das informações disponíveis na literatura seria importante que mais estudos genéticos em soja fossem desenvolvidos usando materiais homozigóticos, que é o estado no qual a cultura é explorada, e metodologias que permitissem avaliar com precisão a importância dos efeitos epistáticos.

4.5. ANÁLISE DIALÉLICA DE GRIFFING

Após realizada a análise de variância onde constatou-se diferenças significativas (1%) para grupos de genótipos e para os desdobramentos da análise em efeitos de parentais e de progênes F_2 para todos os caracteres estudados (Tabelas 8 a 11), procedeu-se à análise da capacidade de combinação. Nesta análise, como os tratamentos do dialelo foram compostos dos parentais e dos cruzamentos sem recíprocos, utilizou-se o método 2, e em decorrência da escolha deliberada dos parentais foi usado o modelo misto B, no qual os efeitos de tratamento são fixos (GRIFFING, 1956b).

Os resultados das análises para a capacidade de combinação são apresentados na Tabela 23. A capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) foram significativas (1%) para os caracteres NDF, NIM, APM, PPI e PP. Como a CGC decorre principalmente da variância genética aditiva e da variância epistática aditiva x aditiva e a CEC resulta da variância genética dominante e de vários tipos de componentes da variância epistática (GRIFFING, 1956a e KEMPTHORNE & CURNOW, 1961) pode-se concluir que para a expressão desses caracteres as ações gênicas aditiva, dominante e possivelmente interações epistáticas foram importantes. Para os caracteres NIF, APF, NDM, Ac e VA, apenas a CGC foi significativa (1%). Portanto, pode-se admitir que esses caracteres foram controlados predominant

temente por ação gênica aditiva e possivelmente epistática aditiva x aditiva. A importância relativa da CGC e da CEC foi avaliada para o modelo com efeito de tratamentos fixos segundo BAKER (1978). Para sete dos dez caracteres pesquisados a relação $CGC/(CGC + CEC)$ foi superior a 90%; para os outros três caracteres a relação foi superior a 70%. Predominância da CGC em relação à CEC para produtividade componentes da produtividade e alguns outros caracteres têm sido obtidos para a geração F_1 por vários autores (KAW & MENON, 1980, 1981; PASCHAL II & WILCOX, 1975; SRIVASTAVA et alii, 1978a,b e WEBER et alii, 1970). Para a produtividade a participação da CGC variou de 53,2% (SRIVASTAVA et alii, 1978a) a 91,2% (PASCHAL II & WILCOX, 1975). Essa predominância da CGC também tem sido constatada em F_2 : BHATADE et alii (1977) obteve 78,4% para CGC e 21,6% para a CEC; SRIVASTAVA et alii (1978b) estimaram 60,8% para CGC e 39,2% para CEC.

CRUZ (1983) e MIRANDA (1987) relatam que quando o conjunto de parentais é heterogêneo essa superioridade da CGC é esperada. Neste estudo os parentais são todos precoces e embora tendo sido escolhidos, em termos de genealogia, o mais distante possível, não podem ser considerados altamente heterogêneos. Desse modo, pelos resultados deste estudo e pelos constatados na literatura foi evidenciada uma tendência da CGC ser superior à CEC, para produtividade e componentes da produtividade em soja.

É importante ressaltar que este estudo foi realizado em um ano e em um único local; dessa maneira, as estimativas da CGC e CEC podem estar superestimadas em consequência do não isolamento das interações com esses fatores. Interações significativas, particularmente com anos, foram constatadas por KUNTA *et alii* (1985) e por PASCHAL II & WILCOX (1975). Entretanto, estes últimos autores relataram que embora essas interações da CGC e CEC com anos tenham sido significativas elas foram de pequena magnitude, particularmente em relação à CGC. Desse modo, consideraram que a contribuição correspondente à superestimação pode ser desprezada. Caso isso possa ser generalizado para a soja, os dados obtidos em um ano e um local (desde que não seja um ano atípico e nem um local especial) podem ser considerados satisfatórios para a avaliação da CGC e CEC de parentais e cruzamentos.

A estimativa da média da variância do efeito da CGC foi maior que a da CEC para sete dos dez caracteres pesquisados. Os outros três caracteres no caso VA, PPI e PP apresentaram estimativa da média da variância do efeito da CEC maior do que a da CGC. Uma possível explicação para esses resultados é que os parentais são cultivares melhorados ou linhagens experimentais já submetidas a um processo de seleção mais intenso, direta ou indiretamente, para estes três caracteres. Como se trata de uma espécie autógama, essa seleção

deve ter atuado principalmente sobre a variabilidade genética devido aos efeitos aditivos, desse modo, reduzindo-a em relação à variabilidade devido aos efeitos de dominância.

Contudo, vale observar que a CGC para todos os caracteres foi maior que a CEC e por conseguinte a ação gênica aditiva e possivelmente epistática aditiva x aditiva foram mais importantes na expressão dos mesmos.

4.5.1. Capacidade geral de combinação

Os efeitos da capacidade geral de combinação (g_i), os erros padrões de g_i e de $(g_i - g_j)$, o coeficiente de correlação (r) entre g_i e as respectivas médias dos parentais são apresentados na Tabela 24, para todos os parentais e caracteres estudados.

Desde que $\sum g_i = 0$, quando a estimativa de g_i do parental i tem baixo valor absoluto a CGC do parental i está em torno da média da CGC de todos os parentais. Por outro lado, estimativas de g_i de alto valor absoluto indicam que o parental i tem CGC superior (g_i positivo) ou inferior (g_i negativo) aos parentais com os quais está sendo comparado.

No caráter NDF, os valores de g_i variaram de -1,705 a 3,453. Seis parentais apresentaram g_i negativos, sobressaindo-se os parentais IAC-Foscarin-31, FT 81-1835, Déca

da e Forrest, respectivamente com valores de g_i de -1,705; -1,676; -1,491; e -1,142 dias. Portanto, contribuindo geneticamente para reduções superiores a um dia para o início do florescimento. No outro extremo está o parental Palmetto com g_i de 3,450 dias, o que representa uma contribuição média para atrasar em três ou quatro dias o início do florescimento.

Para NIF, apenas quatro parentais apresentaram valores de g_i positivos, Palmetto, Primavera, Coker 136 e Paraná, respectivamente 0,188; 0,074; 0,057 e 0,024 (dados transformados para $\sqrt{x + 1}$). Desse modo, esses parentais têm potencial para contribuir para aumentar o NIF. Vale ressaltar que esses mesmos quatro parentais foram os que apresentaram g_i positivo para NDF.

Praticamente os mesmos parentais que apresentaram g_i positivos para NIF, apresentaram também g_i positivos para APF; exceção ocorreu no parental Hale 321, que teve g_i positivo para este caráter. As estimativas de g_i variaram de -0,660 a 8,351 cm, valor este apresentado pelo parental Palmetto, o qual mostrou o maior potencial para aumentar a APF.

No caráter NDM, seis parentais apresentaram estimativas de g_i negativas. Nesse caráter, os parentais apresentaram g_i variando de -5,290 a 5,499 dias. Os dois parentais que mais se sobressaíram foram Hale 321 e FT 81-1835,

com estimativas de g_i respectivamente de -5,285 e -3,029 dias; esses resultados indicam que tais parentais têm potencial para reduzir o NDM em cinco e três dias, respectivamente. Os outros quatro parentais apresentaram estimativas de g_i negativas relativamente pequenas. Entretanto, considerando a possibilidade de se inter cruzar as plantas das gerações F_1 ou F_2 desses parentais, a contribuição deles poderá ser também importante para o aumento da precocidade na maturidade.

Seis parentais apresentaram g_i positivos para o NIM. As estimativas de g_i variaram de -0,280 no parental Hale 321 a 0,253 no parental Primavera (dados transformados para $\sqrt{x+1}$). Os parentais IAC-Foscarin-31 e Palmetto também apresentaram valores de g_i relativamente altos, respectivamente 0,219 e 0,233. É importante observar que os parentais que apresentaram estimativas de g_i negativas para NIM são de crescimento determinado e os que apresentaram g_i positivas são de crescimento indeterminado.

Os mesmos parentais que apresentaram estimativas de g_i positivas no NIM também o fizeram para a APM. IAC-Foscarin-31 e Palmetto apresentaram os maiores valores de g_i , respectivamente 14,03 e 15,92 cm. Os parentais Primavera, SOC 81-79 e FT 81-1835 apresentaram valores de g_i intermediários, respectivamente 6,869; 6,304 e 5,229 cm. O parental FT 81-1835 teve um comportamento interessante, pois apresentou o segundo melhor g_i (-3,029 dias) para maturidade pre-

coce e um g_i de 5,229 cm para a APM. Nesse parental, em termos de CGC, esses dois caracteres tiveram um comportamento relativamente independente. Isso significa que ao mesmo tempo em que ele contribuiu para aumentar a precocidade, contribuiu também para aumentar a APM. Esse tipo de comportamento não foi observado nessa magnitude em nenhum outro parental. Vale observar também que apenas os parentais de crescimento indeterminado apresentaram g_i positivos para APM e NIM. Neste grupo de parentais, parece que o potencial para aumentar esses caracteres, está relacionado ao hábito de crescimento indeterminado. Essa constatação é importante porque os caracteres relacionados à maturidade foram correlacionados positivamente entre si e com a produtividade.

No caráter Ac, sete parentais apresentaram estimativas de g_i negativas, portanto têm potencial para reduzir o Ac. Entre esses parentais sobressaíram-se Paraná, Coker 136 e Década, respectivamente com estimativas de g_i de -0,0499; -0,046 e -0,034 (dados transformados para $\sqrt{x+1}$), os quais em valor absoluto, foram em torno de três vezes maiores que o erro padrão. Com exceção de Primavera e FT 81-1835, os demais parentais que apresentaram g_i positivos para Ac também apresentaram as maiores contribuições para o aumento da APM.

Para VA, que é um caráter bastante complexo, pois envolve uma avaliação visual simultânea de vários caracte

teres, quatro parentais apresentaram estimativas de g_i positivas. Desses, apenas Primavera e SOC 81-79 com valores de g_i de 0,049 e de 0,034 (dados transformados para $\sqrt{x+1}$) foram maiores que o dobro do erro padrão.

Dos quatro parentais que apresentaram estimativas de g_i positivas para VA, três também o fizeram para a PPI. Apenas dois parentais mudaram o sinal de g_i de uma avaliação para outra. Isso pode ser interpretado como uma tendência do valor agrônômico de refletir principalmente os componentes da produtividade, particularmente o número de vagens por planta que mais se sobressai em uma avaliação visual de planta individual. Este tipo de associação de certo modo é vantajosa, pois a produtividade é geralmente o objetivo final da avaliação.

Para PPI, os parentais IAC-Foscarin-31 e SOC 81-79 foram os que apresentaram as maiores estimativas para g_i , respectivamente de 8,933 e 5,967 g/planta, tendo portanto potencial genético para contribuir com um aumento em torno de 5 a 8 g na PPI. Outros dois parentais que apresentaram g_i positivos foram Primavera e Palmetto, respectivamente 1,367 e 1,600 g/planta, valores que pouco diferiram do desvio padrão de g_i . Novamente se observa que somente parentais de hábito de crescimento indeterminado apresentaram potencial para aumentar a expressão de um caráter, no caso, a PPI.

Na PP, onde foram incluídos os pesos de grãos de todas as plantas da parcela, seis parentais apresentaram estimativas de g_i positivas, entre os quais se destacaram IAC-Foscarin-31, Palmetto e Primavera com estimativas de g_i respectivamente de 398; 284 e 104 kg/ha. Os outros três parentais que apresentaram g_i positivos foram Década, SOC 81-79 e Coker 136, respectivamente 43; 21 e 9 kg/ha. Estes são todos menores que o erro padrão de g_i que foi 46 kg/ha. A partir desses dados, considerando que a avaliação que envolve todas as plantas da parcela (PP) deve fornecer melhores estimativas do que amostras de plantas dentro da parcela (PPI), os parentais que apresentaram maior potencial para contribuir geneticamente para o aumento da produtividade são IAC-Foscarin-31, Palmetto e Primavera.

A partir de uma visualização do comportamento dos parentais com base nos efeitos da CGC (Tabela 24), constata-se que para todos os caracteres esse grupo de parentais mostrou uma ampla variação de g_i . Nenhum dos parentais porém apresentou g_i satisfatório para todos os caracteres. Como exemplo, o parental IAC-Foscarin-31 que apresentou o melhor comportamento em termos de PPI e PP, tendo sido satisfatório em outros caracteres, foi relativamente deficiente para acamamento e precocidade para maturidade. Por outro lado, o parental FT81-1835 que apresentou o menor efeito da CGC para PP, teve um bom comportamento em outros caracteres, entre eles a precocidade

para maturidade, onde apresentou o segundo melhor g_i , com uma contribuição para redução do ciclo em torno de três dias. Desse modo, se evidencia que esse grupo de parentais apresenta características complementares e em decorrência dessa variabilidade existente entre eles, têm potencial para formar, através de intercruzamentos sucessivos uma população de ampla base genética.

Na Tabela 24, verifica-se também que as correlações entre os efeitos da CGC e as respectivas médias dos parentais, para todos os caracteres, foram altas e significativas a 1%. KAW & MENON (1980, 1981) obtiveram resultados semelhantes para a produtividade, componentes da produtividade e outros caracteres. Esses resultados sugerem que, pelo menos a nível preliminar pode-se selecionar para CGC com base no comportamento do cultivar "per se". Em termos práticos isso significa que no processo de seleção de parentais o melhorista pode partir de um número maior de materiais e selecionar para cruzamento somente aqueles de melhor padrão individual.

4.5.2. Capacidade específica de combinação

A exemplo da CGC, para a CEC quando a estimativa do s_{ij} de um determinado híbrido tem baixo valor absoluto indica que o híbrido se comporta conforme o esperado a partir da CGC de seus parentais, ou seja, há predominância

dos efeitos aditivos e possivelmente epistáticos aditivo x aditivo. Por outro lado, quando a estimativa do s_{ij} de um dado híbrido tem alto valor absoluto (positivo ou negativo) indica que o cruzamento em questão é superior ou inferior ao esperado com base na CGC dos respectivos parentais.

O método 2 de GRIFFING (1956b) inclui os híbridos e os respectivos parentais, desse modo, são apresentados os efeitos s_{ii} , que correspondem a CEC do parental i com ele próprio (Tabela 25) e os efeitos s_{ij} que correspondem a CEC do parental i com o parental j (Tabela 26).

Em soja, alguns autores têm empregado o método 2 (GRIFFING, 1956b) para análise de cruzamentos dialélicos (BHATADE et alii, 1977; KAW & MENON, 1980, 1981; SRIVASTAVA et alii, 1978a,b). Entretanto, nenhum desses autores apresentou ou discutiu os efeitos s_{ii} . Desse modo, se confirma o fato de que os efeitos s_{ii} ainda carecem de um significado genético mais realístico (MIRANDA, 1987).

Segundo Cruz³, citado por MIRANDA (1987), no modelo aditivo-dominante o estimador s_{ii} é uma medida da divergência genética do parental i em relação à média dos outros parentais incluídos no dialelo. Quanto maior for o

³ CRUZ, C.D.* Comparação entre alguns métodos de análise dialélica. 1987. (em elaboração).

* Professor da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG.

valor absoluto de s_{ii} , maior será a divergência genética do parental i em relação aos outros parentais. Quando s_{ii} for negativo, a heterose (medida em relação à média dos parentais) manifestada nos híbridos do parental i , será em média positiva; quando s_{ii} for positivo, a heterose será em média negativa, e quando s_{ii} for zero ou próximo de zero a divergência do parental i em relação aos outros será pequena ou nula e a heterose nos híbridos do parental i será também pequena ou nula.

Nesse estudo para todos os caracteres, as estimativas de s_{ii} apresentaram uma grande variação (Tabela 25). Interpretando as estimativas de s_{ii} segundo Cruz³, constata-se que há uma considerável divergência entre os parentais. Verifica-se também que nenhum dos parentais apresentou os maiores ou menores valores absolutos de s_{ii} para todos os caracteres. Isso indica que os extremos de divergência são apresentados por diferentes parentais nos diferentes caracteres.

A proporção de valores s_{ii} positivos e negativos variou com o caráter considerado: 7:3 (NDF), 8:2 (NDM), 6:4 (Ac), 7:3 (VA). Nestes quatro caracteres, a heterose média foi negativa (Tabelas 12, 13 e 14). Esta proporção foi 5:5 na PPI e a heterose média foi positiva, porém de pequena magnitude (5,2%; Tabela 15). Predominância de valores s_{ii} negativas foi observada em outros quatro caracteres: 4:6 (NIF e NIM), 2:8 (APF), 3:7 (APM), 3:7 (PP); nestes quatro caracte-

res, a heterose média foi positiva (Tabelas 12, 13 e 15). Portanto, estes resultados estão em acordo com as afirmativas de Cruz³.

Para CEC, referente aos efeitos s_{ij} para $i \neq j$, ou seja, que corresponde a um híbrido do cruzamento entre parentais i e j , para todos os caracteres foi observada uma ampla variação (Tabela 26). Entretanto, é importante ressaltar que em soja, onde o produto final do melhoramento são linhagens homozigóticas, as quais encerram somente efeitos aditivos e epistáticos aditivo x aditivo, a importância da CEC depende da magnitude da proporção da variância epistática aditiva x aditiva que ela contém. Nesse contexto, a CEC, por si só, tem um valor limitado para o processo de seleção. Portanto, a CEC deve ser considerada juntamente com outros parâmetros, tais como a média e a variância do híbrido, caso se trate de uma geração segregante, e a CGC dos respectivos parentais.

Examinando a CEC "per se", para todos os caracteres, constata-se que nos nove cruzamentos que apresentaram melhores valores de s_{ij} , o que corresponde a 20% dos cruzamentos do dialelo, a maioria dos parentais têm g_i com sinais contrários, ou seja, um parental tem g_i positivo e o outro tem g_i negativo. Nos casos em que os parentais têm o mesmo sinal para g_i , nem sempre é o sinal que está no mesmo sentido do desejado para a melhoria do caráter.

Para NDF, visando-se a precocidade, os cruzamentos que apresentaram melhores valores para s_{ij} foram Primavera x Palmetto, Hale 321 x Palmetto, Coker 136 x Palmetto, FT 81-1835 x Hale 321 e IAC-Foscarin-31 x Coker 136, respectivamente com -2,666; -1,491; -1,348; -1,294 e -1,052 dias. Desses cruzamentos, os mais precoces, nos quais pelo menos um parental apresentou g_i para precocidade (negativo) e tem variâncias em torno da média da variância dos híbridos do dialelo, são FT 81-1835 x Hale 321 e IAC-Foscarin-31 x Coker 136. Um outro cruzamento que apresenta potencial para precocidade é IAC-Foscarin-31 x Paraná, o qual apresenta s_{ij} igual -1,023 dias e níveis médios dos outros parâmetros considerados.

No caráter NIF, as maiores estimativas de s_{ij} foram apresentadas pelos cruzamentos Primavera x FT 81-1835, Década x Palmetto, Primavera x Década, Forrest x Hale 321 e IAC-Foscarin-31 x Forrest, respectivamente com 0,11; 0,088; 0,075; 0,061 e 0,061 (dados transformados para $\sqrt{x + 1}$). É importante observar que dos sete parentais envolvidos nesses cruzamentos apenas Primavera e Palmetto apresentaram g_i positivos (Tabela 24). Em todos os outros cruzamentos em que tais parentais participaram, embora nem sempre apresentando altos valores para s_{ij} , geralmente apresentaram médias e variâncias superiores, ou pelo menos no mesmo nível dos outros cruzamentos (Tabela 12).

Para APF, os cruzamentos Forrest x Hale 321, Coker 136 x FT 81-1835, Primavera x Década, Primavera x SOC 81-79 e Paraná x IAC-Foscarin-31, apresentaram as maiores estimativas de s_{ij} , respectivamente 4,108; 3,470; 2,958; 2,714 e 2,644 cm. Constata-se que esses cinco cruzamentos envolvem nove dos dez parentais usados no estudo e que o parental Palmetto, justamente o que apresentou a maior estimativa para g_i (8,351 cm) (Tabela 24) não participou de nenhum deles. Também o cultivar Paraná que apresentou o segundo maior g_i (2,159 cm) entrou apenas em um desses cruzamentos, exatamente o que mostrou o menor valor para s_{ij} . Esses cruzamentos também não se destacaram em termos de média nem de variância. Por outro lado, há cruzamentos que apresentaram efeitos s_{ij} mais baixos como Paraná x Palmetto, Forrest x Palmetto e Primavera x Palmetto, nos quais ambos os parentais apresentaram g_i positivos (Tabela 24) e médias e variâncias bem maiores que esses cinco cruzamentos citados (Tabela 12).

Com relação ao NDM, objetivando-se a precocidade, constata-se que a maioria dos cruzamentos apresentou efeitos s_{ij} negativos, o que está em acordo com a tendência de dominância observada para precocidade (heterose média negativa, Tabela 13). Os cruzamentos Paraná x IAC-Foscarin-31 com estimativa de s_{ij} de -5,686 dias, Paraná x Década de -3,850 dias, Paraná x Forrest de -3,414 dias, Hale 321 x Palmetto de -3,364 dias e Paraná x Palmetto de -2,669 dias, fo-

ram os que apresentaram os menores efeitos da CEC. Todos esses cruzamentos foram mais precoces que a média dos híbridos para esse caráter, mas somente o cruzamento Paraná x Palmetto apresentou variância superior à média da variância dos cruzamentos (Tabela 13). Em todos esses cruzamentos pelo menos um parental apresentou g_i negativo e no cruzamento Paraná x Década ambos os parentais tiveram o efeito da CGC negativo. Este cruzamento inclusive foi o mais precoce desses cinco. Esses cruzamentos reúnem seis dos dez parentais em estudo, embora apresentando variâncias relativamente baixas estão entre os que apresentam melhores perspectivas para a formação de uma população básica para seleção para precocidade para maturidade.

No NIM houve predominância de estimativas de s_{ij} positivas. Os cruzamentos Forrest x Hale 321, Forrest x FT 81-1835, Paraná x SOC 81-79, Primavera x Hale 321 e Coker 136 x Palmetto apresentaram as cinco maiores estimativas de s_{ij} , respectivamente 0,28; 0,190; 0,180; 0,170 e 0,116 (dados transformados para $\sqrt{x + 1}$). Em nenhum desses cruzamentos os dois parentais apresentaram efeitos da CGC positivos e somente os dois últimos apresentaram média superior à média dos cruzamentos do dialelo; apenas o penúltimo teve uma variância consideravelmente superior à média das variâncias dos cruzamentos (Tabela 13). Esses cinco cruzamentos envolveram oito dos dez parentais, quatro com g_i positivos e quatro com g_i negativos. Observa-se que no cruzamento Forrest x

Hale 321, que apresentou o maior efeito s_{ij} , os dois parentais tiveram efeitos da CGC negativos, respectivamente o segundo menor e o menor valor de g_i (Tabela 24). Há portanto, outros cruzamentos como IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79, IAC-Foscarin-31 x Palmetto, Primavera x Palmetto e SOC 81-79 x Palmetto, os quais envolvem parentais com efeitos da CGC positivos e que apresentaram médias e variâncias iguais ou superiores à média dos cruzamentos do dialelo.

No caráter APM, houve uma pequena vantagem do número de estimativas de s_{ij} positivas sobre as negativas. As maiores estimativas de s_{ij} foram apresentadas pelos cruzamentos Forrest x Hale 321, Primavera x Hale 321, Paraná x SOC 81-79, Forrest x SOC 81-79 e Forrest x FT 81-1835, respectivamente 18,45; 9,25; 8,55; 8,03 e 7,96 cm. Com exceção do primeiro cruzamento, em que ambos os parentais apresentaram g_i negativos, portanto contrários ao aumento da expressão da APM, nos demais pelo menos um parental teve g_i positivo (Tabela 24). Também, é importante observar que o primeiro cruzamento é o único em que os dois parentais têm crescimento determinado e também o que apresentou a menor média de altura dentre os cinco cruzamentos. Todos apresentaram variância aproximadamente igual ou superior à média da variância de todos os cruzamentos (Tabela 13). Há, portanto, outros cruzamentos que apresentaram efeitos de s_{ij} mais baixos, como IAC-Foscarin-31 x Palmetto e até negativos como IAC-

Foscarin-31 x Primavera e IAC-Foscarin-31 x FT 81-1835, nos quais os efeitos da CGC, em ambos os parentais, foram positivos e que tiveram médias de altura de planta superiores às dos cinco cruzamentos que apresentaram os maiores efeitos s_{ij} . Também as variâncias desses cruzamentos situaram-se em torno da média das variâncias dos cruzamentos dialélicos (Tabela 13). Desse modo, se mostram com maior potencial para melhorar a APM do que aqueles que apresentam os maiores valores de s_{ij} .

Para o caráter Ac os cruzamentos Paraná x IAC Foscarin-31, IAC-Foscarin-31 x Década e Primavera x Palmetto, apresentaram os melhores valores de s_{ij} , respectivamente -0,111; -0,103; -0,1077; -0,066 e -0,062 (dados transformados para $\sqrt{x+1}$). Esses cruzamentos envolveram sete parentais e todos eles reuniram um parental com g_i positivo e outro com g_i negativo. Com exceção do cruzamento IAC-Foscarin-31 x Década, os demais apresentaram média de Ac inferior à média dos cruzamentos do dialelo; as variâncias ficaram em torno da média das variâncias dos cruzamentos, com exceção do cruzamento FT 81-1835 x Palmetto. O Ac é um caráter que tem limite mínimo 1,0, o qual corresponde à nota da escala que é atribuída a uma planta completamente ereta. Sendo assim, para cruzamentos que apresentaram média de Ac próxima de 1,0, as variâncias deverão ser naturalmente baixas. Desse modo, há cruzamentos como Paraná x Coker 136, Coker 136 x Hale 321, Década x FT 81-1835 que embora tendo

apresentado s_{ij} maiores e até positivos, tiveram média de Ac de 1,01 e variância bastante menores que a média do dialelo (Tabela 14). Além disso, em todos eles, os dois parentais têm g_i negativos (Tabela 24), ou seja, no sentido de reduzir o Ac. Desse modo, se mostram mais promissores para serem utilizados no melhoramento para resistência ao Ac.

No caráter VA em quatro dos cinco cruzamentos que apresentaram os maiores valores de s_{ij} , os parentais tiveram g_i com o mesmo sinal; nos cruzamentos IAC-Foscarin-31 x Coker 136, Paraná x Forrest e IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79, que apresentaram respectivamente s_{ij} de 0,094; 0,0778 e 0,065 (dados transformados para $\sqrt{x+1}$), todos os parentais tiveram g_i negativos; no cruzamento Primavera x Década que apresentou s_{ij} de 0,059, os dois parentais tiveram g_i positivos. No quinto cruzamento (Paraná x SOC 81-79) que apresentou s_{ij} de 0,082, os parentais apresentaram g_i negativo (Paraná) e positivo (SOC 81-79) (Tabela 24). Constata-se que desses cinco cruzamentos os que apresentaram as maiores médias de VA foram aqueles nos quais ambos os parentais tiveram g_i positivos (Paraná x Década) ou diferentes (Paraná x SOC 81-79). Inclusive foram esses dois cruzamentos que apresentaram as maiores médias do caráter no dialelo. Outros cruzamentos que apresentaram médias relativamente al-

tas foram Primavera x SOC 81-79 e Primavera x Hale 321 (Tabela 14); no primeiro cruzamento, os dois parentais têm g_i positivos; no segundo cruzamento somente o parental Primavera.

Na avaliação da PPI, dos nove cruzamentos que apresentaram os maiores valores para s_{ij} , sete envolveram parentais com sinais diferentes para g_i e dois tiveram parentais com g_i de sinais iguais, porém negativos (contrários ao aumento da expressão do caráter). Os cinco cruzamentos que apresentaram os maiores efeitos para CEC foram Primavera x FT 81-1835, IAC-Foscarin-31 x Forrest, Paraná x SOC 81-79, Primavera x Hale 321 e Década x Palmetto, respectivamente com os valores de s_{ij} de 21,9; 10,7; 8,2; 7,8 e 7,6 g/planta. Todos esses cruzamentos apresentaram médias superiores à média geral dos cruzamentos e com exceção do cruzamento Primavera x Hale 321, tiveram variâncias maiores que a média das variâncias do dialelo (Tabela 15). Vale observar entretanto, que há outros cruzamentos como IAC-Foscarin-31 x Palmetto, IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79, IAC-Foscarin-31 x Década, SOC 81-79 x Palmetto, IAC-Foscarin-31 x Coker 136 que, embora apresentando baixos efeitos de CEC, apresentaram média de PPI e particularmente variâncias no nível ou superiores aos dos cruzamentos que apresentaram os maiores efeitos de CEC. Constatase que nesses cruzamentos citados, particularmente nesse último grupo, sobressaíram-se os parentais IAC-Foscarin - 31, SOC 81-79 e Palmetto. Esses parentais inclusive foram os que apresentaram as maiores estimativas de g_i para PPI (Tabela 24).

Na avaliação da PP, expressa em kg/ha, entre os nove cruzamentos que apresentaram os maiores valores para s_{ij} somente dois estavam entre os nove que apresentaram os maiores s_{ij} para PPI. Para esse caráter, os maiores valores de s_{ij} foram apresentados pelos cruzamentos Forrest x Hale 321, Paraná x SOC 81-79, Forrest x Palmetto, Década x SOC 81-79 e Coker 136 x Primavera, respectivamente 635, 485, 459, 457 e 391 kg/ha. Com exceção do primeiro cruzamento, no qual os dois parentais apresentaram efeitos da CGC negativos, nos demais pelo menos um parental teve g_i positivo; nos dois últimos cruzamentos os dois parentais tiveram efeito da CGC positivos (Tabela 24). Todos esses cruzamentos apresentaram médias superiores à média geral do dialelo. Aqui se repete o que aconteceu na avaliação anterior, ou seja, há vários outros cruzamentos que embora tendo s_{ij} mais baixos do que esses relacionados, apresentaram produtividade no mesmo nível da deles e inclusive confirmando o comportamento apresentado ao nível de planta individual. São praticamente os mesmos cruzamentos relacionados no caráter anterior. IAC-Foscarin-31 x Forrest, IAC-Foscarin-31 x Primavera, IAC-Foscarin-31 x SOC 81-79, IAC-Foscarin-31 x Palmetto, SOC 81-79 x Palmetto, Primavera x SOC 81-79. Esta avaliação envolveu toda a parcela e nela não foi estimada a variância existente dentro de cada cruzamento. Entretanto, considerando a média, constata-se que os parentais IAC-Foscarin-31, Palmetto, SOC 81-79 e Primavera, participaram dos melhores cruzamentos, tanto em

PPI quanto em PP (Tabela 15). Além disso, foram os únicos parentais que apresentaram g_i positivos nas duas avaliações da produtividade. Desse modo, esses parentais e os cruzamentos dos quais eles participaram, particularmente os aqui mencionados, mostram-se como os mais promissores para o melhoramento para produtividade.

Nessa avaliação da CEC verifica-se que para todos os caracteres, a maioria dos cruzamentos que apresentou os maiores efeitos s_{ij} reuniram um parental com efeito da CGC positivo e outro negativo. Embora não se considerando a magnitude desses efeitos, isso sugere que os altos valores de s_{ij} , pelo menos em parte, devem ser decorrentes da divergência entre os parentais. Neste estudo as maiores estimativas de s_{ij} para a maioria dos caracteres, nem sempre estiveram relacionadas às maiores médias, estimativas de g_i ou variâncias. De modo que a CEC mostrou-se de pouco valor para a identificação dos melhores parentais e cruzamentos.

A CEC como foi mostrado por GRIFFING (1956a) e KEMPTHORNE & CURNOW (1961) é dependente da variância devido à dominância e de vários componentes da interação epistática, entre os quais se inclui a aditiva x aditiva. Em soja, que é uma espécie autógama, na qual o objetivo final do melhoramento é a obtenção de linhagens homozigóticas, a importância da CEC depende da magnitude da contribuição da interação epistática aditiva x aditiva que ela contém. HANSON & WEBER (1961, 1962) e HANSON et alii (1967) obtiveram resul

tados a partir de materiais com alto nível de homozigose nos quais a contribuição da epistasia aditiva x aditiva para a variância genética total foi relativamente alta para vários caracteres, sendo para produtividade em torno de 70%. Caso esses resultados possam ser extrapolados para a espécie como um todo, a CEC e a epistasia ~~devem~~ merecer maior atenção em soja.

Porém, é importante mencionar que a epistasia depende da interação interalélica; devido a isto, é instável em gerações segregantes, podendo ter seus efeitos anulados com a segregação. Desse modo, para se explorar melhor os efeitos da CEC em soja, as avaliações da capacidade de combinação devem ser realizadas em gerações mais avançadas. Em níveis mais altos de homozigose uma maior porcentagem de locos já se encontra em estado homozigótico e a magnitude da CEC dependerá mais da contribuição da epistasia aditiva x aditiva

4.6. CRUZAMENTOS EM CADEIA

A eficiência do esquema de cruzamentos em cadeia (circular) foi avaliada em relação ao esquema dialélico. O dialelo foi representado por 45 progênes F_2 , enquanto que cada esquema em cadeia correspondeu 10 progênes F_2 . Esta última diferença é consequência do menor número de cruzamentos empregados no esquema em cadeia, fato que se constitui na principal vantagem da aplicabilidade dos cruzamentos em

cadeia na recombinação em programas de melhoramento de espécies autógamas. Embora o número de progênie seja menor no esquema em cadeia, tanto cadeia quanto dialelo envolvem os mesmos dez parentais. Geneticamente, os dois esquemas são diferenciados pelo número de combinações biparentais envolvidas; esta diferença tende a desaparecer ao longo de várias (geralmente três) gerações de recombinação de plantas F_1 , pela realização de cruzamentos de parentais diferentes em cada geração.

Cada um dos cinco esquemas em cadeia (C_k , com $k = 1$ a 5) envolveu em torno de 600 plantas, compreendendo aproximadamente 60 plantas de cada progênie F_2 . Este é um número bastante razoável, pois as recomendações para tamanho efetivo têm sido ao redor de 30 (BAKER et alii, 1968; BAKER & CURNOW, 1969; BRIM & STUBER, 1973). Os resultados das comparações entre os esquemas de cruzamento em dialelo e em cadeia para o caráter PPI são apresentados na Tabela 27.

A média da PPI do dialelo foi de 38,20 g/planta, média esta que não diferiu da média dos parentais pelo teste "F" (Tabela 11); e nem da média das cadeias C_2 , C_3 e C_4 , entretanto, foi superior à média da C_1 e inferior à média de C_5 pelo teste "t" a 1%. Esses resultados sugerem que essas cadeias amostradas, em termos de média, representaram satisfatoriamente o dialelo. Essa conclusão também é válida em termos de amplitude de variação de PPI. Embora nenhuma ca-

deia tenha incluído o cruzamento Paraná x Hale 321 (1 x 9), que apresentou a planta mais produtiva (127 g), com exceção da C₃, todas apresentaram plantas com produtividade superior a 110 g. Vale mencionar que em todo dialelo somente seis plantas ultrapassaram este valor.

A variância fenotípica do dialelo foi de 425 (g/planta)² e das cadeias variaram de 355 (C₁) a 484 (g/planta)² (C₅). Portanto, as variâncias fenotípicas das cadeias distribuíram-se em torno da variância do dialelo e não houve diferenças marcantes entre as estimativas. Pode-se admitir que as variâncias das cadeias representaram satisfatoriamente a variância do dialelo.

Os coeficientes de variação genética (CVG) das cadeias, a exemplo da variância fenotípica, se distribuíram em torno do CVG do dialelo. Entretanto, o CVG = 24,4% da C₁ foi relativamente inferior ao CVG = 31,4% do dialelo; relativamente, C₁ mostrou 77,6% do CVG do dialelo, representando uma perda ou não liberação de variabilidade de 22,4% em PPI. Nas outras cadeias, as diferenças para menos em valor relativo foram inferiores a 10% (C₃ e C₄) e nas cadeias C₂ e C₅ o CVG foi superior ao do dialelo, respectivamente em 12,2 e 8,8%.

Na Figura 7, são apresentadas as curvas de distribuição de freqüência do dialelo, da cadeia C₁ que apresentou as menores média, variância fenotípica e CVG, e da cadeia C₅ que apresentou as maiores média e variância fenotí

típica e o segundo maior CVG e ainda uma curva média das cinco cadeias apresentadas na Tabela 27. Constata-se nessa figura que as cadeias embora reunindo um número menor de cruzamentos e conseqüentemente um número menor de plantas, apresentam praticamente todos os níveis de produtividade apresentados pelo dialelo. Isso não significa que as cadeias contêm todos os genótipos existentes no dialelo, mas sim que elas contêm genótipos equivalentes em potencial produtivo aos existentes no dialelo. Como as cadeias reúnem os mesmos parentais do dialelo elas devem ter uma reserva de variabilidade de semelhante a do dialelo, a qual pode ser liberada com os ciclos sucessivos de intercruzamentos.

Os resultados deste estudo, sugerem que em termos de média, níveis e amplitude de produtividade, variância fenotípica e CVG o esquema de cruzamento em cadeia representou bem o esquema dialélico. Em termos aplicados, pode-se considerar que no esquema em cadeia se obtém variabilidade inicial equivalente à obtida no esquema dialélico.

Alguns autores têm apresentado argumentos contra o uso de intercruzamentos em gerações iniciais em espécies autógamas como a soja (BOS, 1977 e PEDERSON, 1974). Entretanto, para o melhorista dessas espécies não há muita opção para obter variabilidade mais ampla que a fornecida pelo cruzamento biparental e para criar condições para uma ampla segregação, quebra de ligações e surgimento de novas combina

ções gênicas. Assim o melhorista fica diante praticamente de duas opções: a) ou explorar satisfatoriamente a variabilidade relativamente restrita nos cruzamentos biparentais; ou b) explorar com uma certa limitação a variabilidade mais ampla obtida de esquemas de cruzamentos que envolvem vários parentais. Atualmente, parece haver uma tendência de preferência pela segunda alternativa.

Esquemas de cruzamento envolvendo intercruzamentos em gerações iniciais têm sido sugeridos por vários autores como Harlan *et alii* (1940)⁴ e Mackey (1954)⁵, citados por FREY (1976), FOUILLOUX (1983), JENSEN (1978) e JOSHI (1979). Outros autores têm usado esquemas de cruzamentos envolvendo vários parentais para a formação de populações básicas para seleção recorrente em várias culturas, como soja (FEHR & HORTIZ, 1975; KENWORTHY & BRIM, 1979; SUMARNO, 1981; VELLO *et alii*, 1984; WALKER & SCHIMITTHENNER, 1984; PROHASKA & FEHR, 1981); trigo (MCNEAL *et alii*, 1978; LÖFFLER *et alii*, 1983; BUSCH & KOFOID, 1982); e feijão KELLY & ADAMS, 1987; TOLLA & BLISS, 1977).

Reconhecidamente uma das dificuldades maiores em plantas autógamas é a formação da população básica com

⁴ HARLAN, H.V.; MARTINE, M.L.; STEVENS, H.A. A study of methods in breeding. USDA. Technical Bulletin, Washington, 720: 1-2, 1940.

⁵ MACKEY, J. Breeding of oats. Handbuch für Pflanzenzüchtung, 2: 512-17, 1954.

ampla variabilidade genética, porque geralmente requer um grande número de cruzamentos. Nesse aspecto o esquema em cadeia mostra-se bastante vantajoso, pois requer em cada ciclo um número mínimo de cruzamentos para n parentais. Na Figura 8, é apresentado um esquema para formação de uma população básica, a partir de dez parentais, usando cruzamentos em cadeia nos ciclos iniciais de cruzamento. Constata-se nessa figura que no terceiro ciclo de cruzamentos as dez progênes F_1' são combinadas em cinco cruzamentos e todos parentais têm participações iguais na formação das progênes F_1'' , ou seja, cada parental entra na formação de quatro F_1'' . Isso assegura que, desde que a amostragem seja bem feita, em termos de material genético todos estarão igualmente representados na população básica.

5. CONCLUSÕES

As conclusões seguintes foram obtidas dos resultados da análise estatístico-genética de um dialelo com dez parentais e 45 progêneses F_2 de soja precoce avaliadas para dez caracteres: número de dias no florescimento (NDF) e na maturação (NDM), número de internódios no florescimento (NIF) e na maturação (NIM), altura da planta no florescimento (APF) e na maturação (APM), valor agrônômico (VA), acamamento (Ac), produtividade de planta individual (PPI) e de parcela (PP).

- a) A quantidade de variabilidade genética foi variável entre os cruzamentos e entre os caracteres; nenhum cruzamento apresentou variância superior para todos os caracteres, indicando que os parentais têm características complementares.
- b) A heterose e a heterobeltiose apresentaram uma ampla variação; nem sempre as maiores heteroses e heterobeltioses estiveram relacionadas às maiores médias e variâncias. Em termos de PP, nenhuma progênie F_2 superou o parental mais produtivo IAC-Foscarin-31, de maneira que não se detectou heterose padrão para PP em F_2 .

- c) As correlações foram concordantes para parentais e progênes F_2 . As correlações genotípicas tenderam a ser maiores que as fenotípicas e as de ambiente. A correlação entre PPI e PP foi positiva, mas de pequena magnitude.
- d) Os caracteres relacionados à maturação (NDM, NIM e APM) mostraram-se altamente correlacionados entre si e com a produtividade, podendo ser muito úteis no melhoramento deste caráter.
- e) Na maioria dos caracteres os dados não atenderam plenamente às restrições do modelo de Hayman. A análise gráfica revelou sobredominância em todos os caracteres; para a maioria dos caracteres não foi possível estimar o limite teórico de seleção. A análise numérica detectou sobredominância só em NDM, VA e PP; as variâncias aditivas foram significativas em todos os caracteres; as variâncias de dominância foram significativas em NDF, NDM, NIM, APM, VA e PP.
- f) Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram superiores a 0,80 para todos os caracteres, com exceção do Ac onde não foi possível estimá-lo. As herdabilidades no sentido restrito foram variáveis em magnitude: PP (0,13), VA(0,29), APM (0,34), PPI(0,32), APM (0,34), NIM (0,65), NDM (0,67), NDF (0,71), NIF (0,87) e APF (0,88).
- g) A análise de Griffing mostrou que tanto capacidade geral de combinação (CGC) quanto capacidade específica de combinação (CEC) foram muito variáveis entre os caracteres. Os maiores valores de g_i ocorreram em parentais diferentes, indicando a complementação de caracte

res nos parentais. Os maiores valores de s_{ij} foram decorrentes da divergência dos parentais (g_i com sinais contrários) e nem sempre estiveram associados com maiores médias e variâncias.

- h) Com base nas médias e nos efeitos da CGC, os parentais IAC-Foscarin-31, Palmetto, Primavera e SOC 81-79 apresentaram maior potencial para melhoramento da produtividade. Houve destaque para nove cruzamentos biparentais: IAC-Foscarin-31 x (Década, Coker 136, Primavera, SOC 81-79, Palmetto, Paraná), SOC 81-79 x (Palmetto, Primavera, Paraná).
- i) Os parentais apresentaram complementação de caracteres e variabilidade genética em quantidade adequada para formação de população básica a ser utilizada em programas de seleção recorrente para desenvolvimento de genótipos precoces de alto valor agrônômico.
- j) O esquema de cruzamentos em cadeia representou satisfatoriamente o esquema de cruzamentos dialélicos em termos de média e variabilidade genética liberada em F_2 , constituindo-se em uma alternativa de grande aplicabilidade no melhoramento de espécies autógamas, principalmente para sucessivos ciclos de recombinação de parentais ($n \geq 10$) para formação de populações com base genética ampla a serem usadas em programas de seleção recorrente.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANAND, S.C. & TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F_3 and F_4 generations of three soybean crosses. Crop Science, Madison, 3: 508-11, 1963.
- ANUÁRIO ESTATÍSTICO DO BRASIL - 1986. Rio de Janeiro, 47: 282-3, 1986.
- ASKEL, R. & JOHNSON, L.P.V. Analysis of a diallel cross: a worked example. Advancing Frontiers of Plant Science, New Delhi, 2: 37-53, 1963.
- BAKER, R.J. Extent of intermating in self-pollinated species necessary to counteract the effects of genetic drift. Crop Science, Madison, 8: 547-50, 1968.
- BAKER, R.J. Issues in diallel analysis. Crop Science, Madison, 18(4): 533-6, 1978.
- BAKER, L.H. & CURNOW, R.N. Choice of population size and use of variation between replicate populations in plant breeding selection programs. Crop Science, Madison, 9: 555-10, 1969.
- BHATADE, S.S.; SINGH, C.B.; TIWARI, A.S. Diallel analysis of yield and its components in soybean. Indian J. Agric. Sci., New Delhi, 47(7):322-4, 1977.

- BONATO, E.R. & BONATO, A.L.V. A soja no Brasil: história e estatística. Londrina, EMBRAPA/CNPSo, 1987. 61p. (Documentos, 21).
- BONATO, E.R. & DALL'AGNOLL, A. Soybean in Brazil-Production and research. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 3. Ames, 1984. Proceedings. Boulder, Westview Press, 1985. p.1248-56.
- BONETTI, L.P. Distribuição da soja no mundo; origem história e distribuição. In: MIYASAKA, S. & MEDINA, J.C., ed. A soja no Brasil. Campinas, ITAL, 1981. p.1-6.
- BOS, I. More arguments against intermating F_2 plants of a self-fertilizing crop. Euphytica, Wageningen, 26:33 - 46, 1977.
- BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: BERNARD, R.L. & WEISS, M.G., ed. Soybeans; improvement production and uses. Madison, American Society of Agronomy, 1973. cp. 5, p.155-85.
- BRIM, C.A. & COCKERHAM, C.C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. Crop Science, Madison, 1: 187-90, 1961.
- BRIM, C.A. & STUBER, C.W. Application of genetic male sterility to recurrent selection schemes in soybeans. Crop Science, Madison, 13:528-30, 1973.
- BURTON, J.W. & CARTER JR., T.E. A method for production of experimental quantities of hybrid soybean seed. Crop Science, Madison, 23:388-90, 1983.
- BUSCH, R.H. & KOFOID, K. Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. Crop Science, Madison, 22 (3) : 568-72, 1982.

- BYTH, D.E.; WEBER, C.R.; CALDWELL, B.E. Correlated truncation selection for yield in soybeans. Crop Science, Madison, 9: 699-702, 1969.
- CAMACHO M., L.H. Varianzas geneticas y heredabilidad de características vegetativas y reprodutivas de la soya *Glycine max* (L.) Merr. Acta Agronômica, Palmira, 21(4);139-52, 1971.
- CAMPOS, L.A.C. Estudo da heterose, da heterobelitose e de correlações de algumas características agronômicas em cruzamentos de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Viçosa, 1979. 76p. (M.S. - Universidade Federal de Viçosa).
- CAVINESS, C.E. & PRONGSIRIVATHANA, C. Inheritance and association of plant height and its components in soybean cross. Crop Science, Madison, 8(2):221-4, 1968.
- CECON, P. R.; SEDIYAMA, C.S.; REGAZZI, A.J.; SEDIYAMA, T. Análise das gerações F₂ e F₃, para estimar variâncias aditivas, de dominância e de ambiente, em um sistema fatorial de cruzamentos em soja. Revista Ceres, Viçosa, 32 (184):470-87, 1985.
- CHAUDHARY, D.N. & SINGH, B.B. Heterosis in soybean. Indian J. of Genet. & Plant Breeding, New Delhi, 34(1): 69 - 74, 1974.
- CHAUHAN, V.S. & SINGH, B.B. Heterosis and genetics variability in relation to genetic divergence in soybean. Indian J. of Genet. & Plant Breeding, New Delhi, 42(3):324-8, 1982.
- CHAUHAN, V.S. & SINGH, B.B. Genetic variability and heritability in soybean. Indian J. Agric. Sci., New Delhi, 54 (4):273-6, 1984.

- COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics, Raleigh, 4: 254-66, 1948.
- CROISSANT, G.L. & TORRIE, J.H. Evidence of nonadditive effects and linkage in two hybrid populations of soybeans. Crop Science, Madison, 11:675-7, 1971.
- CRUZ, C.D. Análise dialélica e correlações entre caracteres em combinações híbridas de linhagens endogâmicas de milho (*Zea mays* L.). Viçosa, 1983. 54p. (M.S. Universidade Federal de Viçosa).
- DESTRO, D.; SEDIYAMA, T.; SILVA, J.C.; SEDIYAMA, C.S.; THIÉBAUT, J.T.L. Estimativas de herdabilidade de alguns caracteres em dois cruzamentos de soja. Pesq. Agrop. Bras., Brasília, 22(3): 291-304, 1987.
- DICKINSON, A.G. & JINKS, J.C. A generalised analysis of diallel crosses. Genetics, Austin, 41(1): 65-78, 1956.
- FALCONER, D.S. Introduction to quantitative genetics. London, Longman, 1977. 365p.
- FAO PRODUCTION YEARBOOK - 1985. Rome, 39:142, 1986.
- FARIAS NETO, J.T. de. Comportamento e variabilidade de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em cultivos de verão e inverno. Piracicaba, 1987. 87p. (M.S. Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- FEHR, W.R. & ORTIZ, L.B. Recurrent selection for yield in soybeans. Journal of Agriculture of Univ. Puerto Rico, Rio Piedras, 59:222-32, 1976.

- FEHR, W.R. & WEBER, C.R. Mass selection by seed size and specific gravity in soybean populations. Crop Science, Madison, 8: 551.4, 1968.
- FERREIRA, P.E. On Jinks-Hayman's analysis of half dialles. Rev. Bras. Genet., Ribeirão Preto, 8 (1): 149-55, 1985.
- FREY, K.J. Breeding concepts and techniques for self pollinated crops. Egypt. J. Genet. Cytol., Alexandria, 5: 184-206, 1976.
- FOUILLOUX, G. Description and justification of a recurrent breeding program in order to improve dry bean. In: EUCARPIA MEETING ON PHASEOLUS BEAN BREEDING, Hamburg, 1983. Proceedings. EUCARPIA, 1983. 156p.
- GILBERT, N.E.G. Diallel cross in plant breeding. Heredity, Edinburg, 12(4):477-92, 1958.
- GRIFFING, B. A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. Heredity, Edinburg, 10(1): 31-50, 1956a.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Aust. J. Biol. Sci., Melbourne, 9:462-93, 1956b.
- GUPTA, V.P.; SOOD, D.R.; NAINAWATTI, H.S.; WAGLE, D.S. Heritability and correlation estimates for protein, oil, and crushing hardness in photo-sensitive and insensitive groups of soybean. Soybean Genetics Newsletter, Ames, 7: 50-5, 1980.
- HANSON, N.D. & WEBER, C.R. Resolution of genetic variability in self-pollinated species with on application to the soybean. Genetics, Austin, 45(11):1425-34, 1961.

- HANSON, W.D. & WEBER, C.R. Analysis of genetic variability from generations of plant progeny lines in soybeans. Crop Science, Madison, 2: 63-7, 1962.
- HANSON, W.D.; PROBST, A.H.; CALDWELL, B.E. Evaluation of a population of soybean genotypes with implications for improving self-pollinated crops. Crop Science, Madison, 7: 99-103, 1967.
- HARRISON, S.A.; BOERMA, H.R.; ASHLEY, D.A. Heritability of canopy-apparent photosynthesis and its relationship to seed yield in soybeans. Crop Science, Madison, 21: 222 - 6, 1981.
- HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables. Biometrics, Raleigh, 10: 235-44, 1954a.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics, Baltimore, 39(6): 789-809, 1954b.
- HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses: II. Genetics, Austin, 43(13): 63-85, 1958.
- HIROMOTO, D.M. & VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. Rev. Bras. Genet., Ribeirão Preto, 9(2):295-306, 1986.
- HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. Economic Botany, Lancaster, 24: 408-21, 1970.
- JENSEN, N.F. A diallel mating system for cereal breeding. Crop Science, Madison, 10: 629-35, 1970.
- JINKS, J.L. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. Genetics, Baltimore, 39(6): 767-88, 1954.
- JINKS, J.L. The F₂ and backcross generations from a set of diallel crosses. Heredity, Edinburgh, 10(1): 1-30, 1956.

- JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. Agric. Journal, Madison, 47: 314-18, 1955a.
- JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. Agric. Journal, Madison, 47: 477-83, 1955b.
- JOSHI, A.B. Breeding methodology for autogamous crops. Indian J. of Genet. & Plant Breeding, New Delhi, 39 (3): 567-78, 1979.
- KASTER, M. & BONATO, E.R. Introdução e evolução da soja no Brasil; evolução da cultura da soja no Brasil. In: MIYASAKA, S. & MEDINA, J.C. ed. A soja no Brasil. Campinas, ITAL, 1981. p.58-64.
- KAW, R.N. & MENON, P.M. Heterosis in a ten-parental diallel cross in soybean. Indian J. Agric. Sci., New Delhi, 49 (5):322-4, 1979.
- KAW, R.N. & MENON, P.M. Combining ability in soybean. Indian J. of Genet. & Plant Breeding, New Delhi, 40 (1): 305-9, 1980.
- KAW, R.N. & MENON, P.M. Combining ability for development traits in soybean. Indian J. of Genet. & Plant Breeding, New Delhi, 41(3):303-8, 1981.
- KAW, R.N. & MENON, P.M. Diallel analysis in soybean. Indian J. Agric. Sci., New Delhi, 52(12):991-7, 1983.
- KELLY, J.D. & ADAMS, M.N. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. Euphytica, Wageningen, 36:69-80, 1987.

- KEMPTHORNE, O. An introduction to genetic statistics. Ames, Iowa State University Press, 1969. 545p.
- KEMPTHORNE, O. & CURNOW, R.N. The partial diallel cross. Biometrics, Raleigh, 17(2): 229-50, 1961.
- KENWORTH, W.J. & BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans; I. Seed yield. Crop Science, Madison, 19: 315-8, 1979.
- KUNTA, T.; EDWARDS, L.H.; MacNEW, R.W; DINKINS, R. Heterosis performance and combining ability in soybeans. Soybean Genetics Newsletter, Ames, 12: 97-9, 1985.
- KNOW, S.H. & TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. Crop Science, Madison, 4: 196-8, 1964.
- LEFFEL, R.C. & HANSON, W.D. Early generation testing of diallel crosses of soybeans. Crop Science, Madison, 1(2): 169-74, 1961.
- LEFFEL, R.C. & WEISS, M.G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. Agr. Journal, Madison, 50: 528-34, 1958.
- LÖFFLER, C.M.; BUSCH, R.H.; VIERSMA, J.V. Recurrent selection for grain protein percentage in hard red spring wheat. Crop Science, Madison, 23: 1087-101, 1983.
- MAHMUD, I. & KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. Agr. Journal, Madison, 43: 605-9, 1951.
- MATHER, K. & JINKS, J.L. Biometrical genetics; the study of continuous variations. 3.ed. London, Chapman and Hall, 1982. 396p.

- McNEAL, F.H.; McGUIRE, C.F.; BER, M.A. Recurrent selection for grain protein content in spring wheat. Crop Science, Madison, 18: 779-82, 1978.
- MEHTA, S.K.; LAL, M.S.; BEOHAR, A.B.L. Heterosis in soybean crosses. Indian J. Agric. Sci., New Delhi, 54(8): 682-4, 1984.
- MILLER, J.E. & FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection of protein in soybeans. Crop Science, Madison, 19: 101-6, 1979.
- MIRANDA, J.E.C. de. Análise genética de um cruzamento dialélico em pimentão (*Capsicum annuum* L.). Piracicaba, 1987. 159p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA FILHO, J.B. Componentes da variância genética em progênes de cruzamentos em cadeia. Relatório Científico do Departamento de Genética, Piracicaba, 16: 77-86, 1982.
- NELSON, R.L. & BERNARD, R.L. Production and performance of hybrid soybeans. Crop Science, Madison, 24: 549-53, 1984.
- PANDEY, J.P. & TORRIE, J.H. Path coefficient analysis of seed yield components in soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.) Crop Science, Madison, 13: 505-7, 1973.
- PASCHAL II, E.H. & WILCOX, J.R. Heterosis and combining ability in exotic soybean germoplasm. Crop Science, Madison, 15: 344-9, 1975.
- PEDERSON, D.G. Arguments against intermating before selection in a self-fertilizing species. Theoret. Appl. Genetics, Berlin, 45: 157-62, 1974.

- PROHASKA, K.R. & FEHR, W.R. Recurrent selection for resistance to iron deficiency chlorosis in soybeans. Crop Science, Madison, 21: 524-26, 1981.
- RANZANI, G.; FREIRE, O.; KINJO, T. Carta de solos do município de Piracicaba. Piracicaba, ESALQ/Centro de Estudos de Solos, 1966. 86p. (mimeografado).
- SABBOUH, M.Y. & EDWARDS, L.H. Combining ability for seed protein and oil content in soybean. Soybean Genetics Newsletter, Ames, 12: 103-11, 1985.
- SANTOS, J.B. dos. Controle genético de caracteres agronômicos e potencialidades de cultivares de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.) para o melhoramento genético. Piracicaba, 1984. 223p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SIMPSON JR., A.M. & WILCOX, J.R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean population. Crop Science, Madison, 23: 1077-81, 1983.
- SINGH, R.K. & CHAUDHARY, B.D. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. 2.ed. New Delhi, Kalyani Publishers, 1979. 304p.
- SINGH, M. & SINGH, R.K. Hayman's graphical analysis in segregation generations of a diallel cross. Biom. Journal, Hissar, 26(1): 69-74, 1984a.
- SINGH, M. & SINGH, R.K. Some theoretical aspects of analysis in half diallel. Biom. Journal, Hissar, 26(1): 63-8 1984b.
- SINHA, S.K. & KHANNA, R. Physiological, biochemical, and genetic basis of heterosis. Advances in Agronomy, New York, 27: 123-74, 1975.

- SMITH, R.R. & WEBER, C.R. Mass selection by specific gravity for protein and oil in soybean populations. Crop Science, Madison, 8: 373-7, 1968.
- SNEDECOR, G.W. & COCHRAN, W.G. Metodos estadisticos. 4.ed. Mexico, Compañia Editorial Continental, 1977. 703p.
- SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. J. Amer. Soc. Agron., Geneva, 34(10): 923-32, 1942.
- SRIVASTAVA, R.L.; AHMAD, Z.; SINGH, H.G.; SAXENA, J.K. Combining ability for yield and related attributes in soybean. Indian J. Agric., Sci., New Delhi, 48(3): 148 - 55, 1978a.
- SRIVASTAVA, R.L.; SAXENA, J.K.; AHMAD, Z.; BHATIA, R.S. Genetics of yield and yield component traits in soybean. Indian J. of Genet. & Planta Breeding, New Delhi, 38 (1): 6-10, 1978b
- ST. MARTIN, S.K. Epistasis and soybean breeding. Soybean Genetics Newsletter, Ames, 8: 104-7, 1981.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. Principles and procedures of statistics; a biometrical approach. 2.ed. New York, McGraw-Hill Book, 1980. 633p.
- STUBER, C.W. Mating designs, field nursery layouts, and breeding records. In: FEHR, W.R. & HADLEY, H.H. ed. Hybridization of crop plants. Madison, American Society of Agronomy/Crop Science Society of America, 1980. cap.5, p.83-104.
- SUMARNO. Response to recurrent selection for yields improvement in soybean, Ames, 1981. 103p. (PhD. - Iowa State University).

TOLEDO, J.F.F. de & KIIHL, R.A. de S. Análise do modelo genético envolvido no controle de dias para florescimento em soja. Pesq. Agrop. Bras., Brasília, 17(4): 623 - 31, 1982a.

TOLEDO, J.F.F. de & KIIHL, R.A. de S. Métodos de análise dialética do modelo genético em controle das características dias para floração e número de folhas trifoliadas em soja. Pesq. Agrop. Bras., Brasília, 17(5): 745-55, 1982b.

TOLLA, G. & BLISS, F.A. Recurrent selection in bean improvement. Bean Improvement Cooperative and National Dry Bean Council, 8-10: 46-7, 1977.

VELLO, N.A. Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética dos cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Piracicaba, 1985. 91p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introductions. Crop Science, Madison, 24: 511-4, 1984.

VEATCH, C. Vigor in soybeans as affected by hybridity. J. Amer. Soc. Agron., Washington, 22(4): 289-310, 1930.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., coord. Melhoramento e produção do milho no Brasil. Campinas, Fundação Cargill, 1978. p. 122-201.

VIRMANI, S.S. & EDWARDS, I.B. Current status and future prospects for breeding hybrid rice and wheat. Advances in Agronomy, New York, 36: 145-215, 1983.

WALKER, A.K. & SCHMITTHENNER, A.F. Recurrent selection for tolerance to *Phytophthora rot* in soybean. Crop Science, Madison, 24(3): 495-7, 1984.

WEBER, C.R.; EMPIG, L.T.; THORNE, J.C. Heterotic performance and combining ability of two-way F_1 soybean hybrids. Crop Science, Madison, 10: 159-60, 1970.

WEISS, M.G.; WEBER, C.R.; KALTON, R.R. Early generation testing in soybeans. J. Amer. Soc. Agron., Geneva, 39: 791-811, 1947.

WENTZ, J.B. & STEWART, R.T. Hybrid vigor in soybeans. J. Amer. Soc. Agron., Madison, 16(8):534-40, 1924.

WOODWORTH, C.M. Genetics of soybean. J. Amer. Soc. Agron., Washington, 25:36-51, 1933.

TABELAS

Tabela 1. Características botânicas e agronômicas de dez genótipos de soja, utilizados como parentais. Piracicaba, 1986/87.

Genótipo	Nº de registro	Hábito de crescimento	Ciclo Médio (dias)	C A R A C T E R Í T I C A S ¹							Peso de cem sementes (g)
				Cor da flor	Cor da pubescência	Cor da vagem	Cor do hilo	Cor das sementes			
1 - Paraná	106	D	130	B	C	M	Cr	A	18,08		
2 - IAC-Foscarin-31	102	I	134	B	C	C	Cr	A	18,98		
3 - Coker 136	140	D	122	R	C	M	MC	A	17,71		
4 - Primavera	290	I	120	R	M	M	P	A	19,39		
5 - Dêcada	404	I	119	R	C	C	M	A	18,50		
6 - Forrest	54	D	122	B	M	C	P	A	17,44		
7 - FT 81-1835	394	I	116	R	M	C	C	A	22,35		
8 - SOC 81-79	258	I	130	B	M	C	P	A	18,78		
9 - Hale 321	157	D	113	B	M	C	C	A	18,26		
10 - Palmetto	108-1	I	131	R	M	M	P	A	14,26		

¹ D = determinado; I = indeterminado; B = branca; R = roxa; C = cinza; M = marrom; Cr = creme; MC = marrom claro; P = preto e A = amarela.

² Número médio de dias para a maturidade

Tabela 2. Fontes de variação para a análise de variância em blocos casualizados com o desdobramento da soma de quadrados de grupos e resíduo em efeitos de parentais e progênes F_2 .

Fontes de variação	G.L.	SQ	QM	Teste "F"	
				(Homogeneidade)	(Heterogeneidade)
Blocos (B)	B-1	SQ ₉	QM ₉	QM ₉ /QM ₄	QM ₉ /QM ₄
Grupos	$\left[\frac{N(N+1)}{2} \right] - 1$	SQ ₈	QM ₈	QM ₈ /QM ₄	QM ₈ /QM ₄
Parentais (P)	N-1	SQ ₇	QM ₇	QM ₇ /QM ₄	QM ₇ /QM ₃
Progênes (F_2)	$\left[\frac{N(N-1)}{2} \right] - 1$	SQ ₆	QM ₆	QM ₆ /QM ₄	QM ₆ /QM ₂
P vs. F_2	1	SQ ₅	QM ₅	QM ₅ /QM ₄	QM ₅ /QM ₁
Resíduo	(B-1) $\left[\frac{N(N+1)}{2} \right] - 1$	SQ ₄	QM ₄		
P x B	(B-1)(N-1)	SQ ₃	QM ₃		
F_2 x B	(B-1) $\left[\frac{N(N-1)}{2} \right] - 1$	SQ ₂	QM ₂		
P vs. F_2 x B	B-1	SQ ₁	QM ₁		
Total	BN $\left[\frac{(N+2)}{2} \right] - 1$	SQT			

Tabela 3. Esquema de análise de variância e covariância e esperança de quadrado e produto médio para o cálculo de correlações¹.

Fonte de variação	G.L.	C A R A C T E R E S					
		x		y		x + y	
		QM	E(QM)	QM	E(QM)	QM	E(QM)
Blocos	B-1						
Tratamentos(T) ²	T-1	QMT _(x)	$\sigma_e^2(x) + B\phi_g^2(x)$	QMT _(y)	$\sigma_e^2(y) + B\phi_g^2(y)$	QMT _(x+y)	$\sigma_e^2(x+y) + B\phi_g^2(x+y)$
Resíduo	(B-1)(T-1)	QME _(x)	$\sigma_e^2(x)$	QME _(y)	$\sigma_e^2(y)$	QME _(x+y)	$\sigma_e^2(x+y)$
						PMT _(xy)	$\sigma_e^2(xy)$

¹ QMT_(x), QMT_(y) e QMT_(x+y) = quadrado médio de tratamento para os caracteres x, y e (x+y), respectivamente

QME_(x), QME_(y) e QME_(x+y) = quadrado médio do resíduo para os caracteres x, y e (x+y), respectivamente

PMT_(xy) e PME_(xy) = produto médio (covariâncias) de tratamento e resíduo dos caracteres x e y

$\phi_g^2(x)$, $\phi_g^2(y)$, $\phi_g^2(x+y)$ = variância genética dos caracteres x, y e (x+y), respectivamente

$\sigma_e^2(x)$, $\sigma_e^2(y)$, $\sigma_e^2(x+y)$ = variância do resíduo dos caracteres x, y e (x+y), respectivamente

$\phi_g(xy)$ = covariância genética dos caracteres x e y

$\sigma_e(xy)$ = covariância dos resíduos ou do ambiente dos caracteres x e y

² Como os parentais foram deliberadamente escolhidos os efeitos de tratamento são fixos.

Tabela 4. Meia tabela dialélica reunindo os parentais na diagonal e às progêneses F₂ acima da diagonal.

[illegible]

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

F.V.	G.L.	SQ	QM	E (QM)	F
CGC	n-1	SQ_g	QM_g	$\sigma^2 + \frac{(n+2)}{(n-1)} \Sigma g_i^2$	$\frac{QM_g}{QM_{e'}}$
CEC	$\frac{n(n-1)}{2}$	SQ_s	QM_s	$\sigma^2 + \frac{2}{n(n-1)} \Sigma_{i < j} sij^2$	$\frac{QM_s}{QM_{e'}}$
Resíduo	$\left[\frac{(r-1)n(n+1)}{2} - 1 \right]$	SQ_e	$QM_{e'}$	σ^2	

tendo-se que:

$$SQ_g = \frac{1}{n+2} \left[\sum_i (Y_{i.} + Y_{ii})^2 - \frac{4}{n} Y_{..}^2 \right];$$

$$SQ_s = \sum_{i < j} Y_{ij}^2 - \frac{1}{n+2} \sum_i (Y_{i.} + Y_{ii})^2 + \frac{2}{(n+1)(n+2)} Y_{..}^2;$$

$$QM_{e'} = \frac{QM_4}{b}, \text{ , } QM_4 \text{ é o quadrado médio da interação grupos x blocos (Tabela 2);}$$

sendo:

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

$$Y_{..} = \sum_{i < j} Y_{ij} = Y_{11} + Y_{12} + \dots + Y_{22} + Y_{23} + \dots + \\ + Y_{n1} + Y_{n2} + \dots + Y_{nn}$$

Tabela 7. Eficiência e coeficiente de variação da análise em látice para dez caracteres de soja precoce. Pi racicaba, 1986/87.

Caracteres	Eficiência do látice (%)	CV (%)
Número de dias para o florescimento (NDF)	108,81	2,84
Número de internódios no florescimento (NIF)	103,56	3,26
Altura da planta no florescimento (APF) (cm)	120,44	9,43
Número de dias para a maturidade (NDM)	100,52	3,93
Número de internódios na maturidade (NIM)	101,70	3,64
Altura da planta na maturidade (APM) (cm)	114,88	10,44
Acanamento (Ac)	100,65	12,40
Valor agronômico (VA)	100,88	5,05
Produtividade de planta individual (PPI) (g/planta)	103,43	19,75
Produtividade de parcela (PP) (kg/ha)	100,80	16,43

Tabela 8. Análise de variância do número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no início do florescimento (NIF) e altura da planta no início do florescimento (APF) com desdobramento da soma de quadrados de grupos e resíduos em efeitos de parentais e de progênies F_2 . Soja precoce, Piracicaba, 1986/87.

Fontes de Variação	C A R A C T E R E S									
	NDF			NIF ¹			APF (cm)			
	G.L.	QM	G.L.	QM ²	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM ³
Bloco (B)	5	72,50**	5	66,48**	5	0,2116**	5	309,39**	5	182,18**
Grupos	54	40,66**	44	42,24**	54	0,1043**	54	201,90**	35	231,24**
Parentais(P)	9	101,93**	8	106,64**	9	0,2109**	9	445,87**	7	449,37**
Progênies (F_2)	44	28,76**	35	27,45**	44	0,0843**	44	154,93**	27	181,74**
P vs. F_2	1	13,15*	1	27,06*	1	0,0245	1	72,91	1	40,76
Resíduo	270	1,91	220	2,06	270	0,0112	270	22,37	175	25,41
P x B	45	1,80	40	1,75	45	0,0159	45	27,36	35	30,15
F_2 x B	220	1,93	175	2,16	220	0,0102	220	21,35	135	24,13
(P vs F_2) x B	5	2,24	5	0,76	5	0,0132	5	22,15	5	26,96
Total	329	9,35	229	9,82	329	0,0296	329	56,20	215	62,57
C.V.(%)		2,97		3,05		3,45		10,89		11,51
χ^2 (Qui-quadrado) ⁴		0,16		2,59		4,03		1,21		0,73

1 Dados transformados para $\sqrt{x+1}$

2 Análise com exclusão parental nº 5 (Década)

3 Análise com exclusão dos parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Década)

4 χ^2 do teste de Bartlett para homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos

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

Tabela 9. Análise de variância para o número de dias para amaturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM) e altura da planta na maturidade (APM) com o desdobramento da soma de quadrados de grupos e resíduo em efeitos de parentais e de progênes F_2 . Soja precoce, Piracicaba, 1986/87.

Fontes de Variação	C A R A C T E R E S									
	NDM			NIM ¹			APM(cm)			
	G.L.	QM	G.L.	QM	G.L.	QM ²	G.L.	QM	G.L.	QM ³
Bloco (B)	4	516,93**	5	0,1081**	5	0,0519	5	488,95**	5	458,90**
Grupos	54	136,09**	54	0,5947**	35	0,6734**	54	1968,80**	35	1777,43**
Parentais (P)	9	247,65**	9	1,6112**	7	1,7439**	9	6136,05**	7	5499,20**
Progênes (F_2)	44	106,92**	44	0,4000**	27	0,4196**	44	1161,15**	27	869,62**
P vs F_2	1	415,66	1	0,0119	1	0,0284	1	0,16	1	235,72
Resíduo	216	22,41	270	0,0247	175	0,0261	270	103,60	175	110,38
P x B	36	96,49	45	0,0305	35	0,0307	45	168,37	35	180,51
F_2 x B	176	5,77	220	0,0233	135	0,0244	220	90,39	135	89,85
(P vs F_2) x B	4	87,54	5	0,0329	5	0,0397	5	102,08	5	173,66
Total	274	52,03	329	0,1195	215	0,1321	329	415,60	215	389,86
C.V.(%)		3,90		3,76		3,95		11,86		11,33
χ^2 (Qui-quadrado) ⁴		180,70**		1,67		1,29		8,23*		8,29*

1 Dados transformados para $\sqrt{x+1}$

2 Análise com a exclusão dos parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Década)

3 Análise com a exclusão dos parentais nº 3 (Coker 136) e nº 6 (Forrest)

4 χ^2 do teste de Bertlett para homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos

*;** = significativo ao nível de probabilidade, respectivamente de 5 e 1% pelo teste "F" ou " χ^2 "

Tabela 10. Análise de variância do acamamento (Ac) e do valor agronômico (VA) com desdobramento da soma de quadrados de grupos e resíduo em efeitos de parentais e de progênies F₂. Soja precoce, Piracicaba, 1986/87.

Fontes de Variação	G.L.	C A R A C T E R E S	
		Ac	VA
		QM	QM
Bloco (B)	5	0,1521**	0,0136
Grupos	54	0,0469**	0,0211**
Parentais (P)	9	0,1297**	0,0328**
Progênie (F ₂)	44	0,0301**	0,0191*
P vs F ₂	1	0,0421*	0,0023
Resíduo	270	0,0114	0,0090
P x B	45	0,0281	0,0150
F ₂ x B	220	0,0081	0,0078
(P vs F ₂) x B	5	0,0059	0,0075
Total	329	0,0193	0,0110
C.V. (%)		7,11	5,18
χ^2 (Qui-quadrado) ²		37,62**	9,34*

¹ Dados transformados para $\sqrt{x+1}$

² χ^2 do teste de Bartlett para homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos

*,** = significativo ao nível de probabilidade, respectivamente de 5 e 1% pelo teste "F" ou " χ^2 ".

Tabela 11. Análise de variância da produtividade de planta individual (PPI) e da produtividade da parcela (PP) com desdobramento da soma de quadrados de grupos e resíduo em efeitos de parentais e de progênies F₂. Soja precoce, Piracicaba, 1986/87.

Fontes de Variação	C A R A C T E R E S					
	PPI (g/planta)			PP (kg/ha)		
	G.L.	QM	G.L.	QM ¹	G.L.	QM
Bloco (B)	5	716,57**	5	723,12**	5	5623783,0**
Grupos	54	417,86**	44	358,88**	54	1440376,0**
Parentais (P)	9	616,90**	8	538,48**	9	2605857,9**
Progênie F ₂	44	386,24**	35	327,86**	44	1230041,7**
P vs F ₂	1	17,45	1	7,77	1	205742,2
Resíduo	270	64,83	220	61,86	270	165723,2
P x B	45	74,02	40	73,96	40	207447,9
F ₂ x B	220	62,67	175	58,16	175	158882,4
(P vs F ₂) x B	5	77,42	5	94,55	5	91196,1
Total	329	132,68	269	122,73	329	457886,0
C.V. (%)		20,64		19,75		15,93
χ^2 (Qui-quadrado) ²		0,62		2,05		2,15

¹ Análise com a exclusão do parental nº 7 (FT 81-1835)

² χ^2 do teste Bartlett para homogeneidade dos quadrados médios dos resíduos

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

Tabela 12. Média, variância, heterose e heterobeliose para os caracteres número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no início do florescimento (NIF) e altura da planta no início do florescimento (APF). Dez parentais e suas 45 progênes F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce, Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S									
	NDF					NIF				
	Média	Varian- cia	Hete- rose (%)	Heterobeliose ¹ (%)	PMP	Média ²	Varian- cia ³	Hete- rose (%)	Heterobel- tiose (%)	APF
2 x 7	43,58	10,61	3,26	-0,08	-0,45	7,35	0,0490	0,00	-6,06	33,52 62,37 -21,51 -23,68
2 x 8	44,15	6,59	-0,72	2,52	-3,55	7,12	0,0525	-15,06	-17,90*	37,05 33,22 0,92 -0,53
2 x 9	44,98	7,61	-2,71	6,33	-10,92**	7,46	0,0584	-10,65	-17,60*	37,22 41,46 -16,15 -30,52*
2 x 10	48,57	10,41	-4,72	22,78**	-25,80**	8,98	0,0712	-6,88	-40,35**	46,84 65,97 -12,45 -50,95**
3 x 4	49,72	3,45	-0,24	0,12	0,40	9,11	0,0243	2,89	1,54	46,78 26,71 2,59 0,85
3 x 5	46,91	10,50	0,34	13,90**	-11,64**	8,48	0,0390	8,86	-11,06	41,34 37,92 14,36 -19,25
3 x 6	46,47	6,99	-1,79	11,36**	-13,25**	8,73	0,0469	7,36	-6,85	46,92 36,92 23,96* 5,25
3 x 7	46,67	4,67	3,04	21,54**	-12,44**	8,61	0,0380	12,06	-9,51	46,32 29,32 21,25 2,62
3 x 8	46,58	11,02	-3,54	6,92	-12,85**	8,54	0,0820	2,85	-11,06	42,38 93,48 5,77 -14,44
3 x 9	49,01	3,71	1,27	5,00	-3,21	8,79	0,0550	18,11*	-5,53	45,55 37,25 3,34 -0,43
3 x 10	49,97	5,03	-10,75**	0,64	-20,78	9,86	0,0471	-2,48	-24,17*	51,56 57,74 -13,83 -35,66**
4 x 5	46,80	7,12	0,12	13,40**	-11,40	8,92	0,0449	21,31**	1,58	43,65 29,24 23,67 -12,87
4 x 6	48,89	6,66	8,75**	22,35	-3,21	9,04	0,0503	12,16*	4,29	45,13 36,36 13,07 -6,43
4 x 7	46,72	10,92	3,48	21,78**	-12,07	9,11	0,0552	27,75**	5,87	40,32 50,31 -9,49 -27,03*
4 x 8	47,88	10,46	2,19	12,70**	-7,24*	8,61	0,0384	5,98	-5,42	44,21 54,38 12,29 -10,30
4 x 9	48,56	4,13	-0,28	4,10	-4,42	8,67	0,0630	3,04	-4,06	43,74 40,36 -6,71 -12,44
4 x 10	49,61	9,98	-11,97**	-0,32	-22,22**	9,62	0,0533	-7,96	-29,97**	51,26 54,64 -12,64 -36,62**
5 x 6	43,35	7,66	-2,55	-2,32	-2,72	7,76	0,0292	6,38	1,53	37,53 40,12 0,16 -3,14
5 x 7	43,12	5,54	0,60	4,68	-4,09	7,76	0,0347	6,36	6,36	38,98 62,04 24,60 5,26
5 x 8	44,20	7,22	-1,12	1,54	-3,55	7,41	0,0375	-2,92	-15,08	39,59 40,33 32,67* 15,80
5 x 9	44,90	7,84	-3,58	4,74	-11,34**	7,76	0,0577	1,55	-10,26	38,66 40,11 5,36 -23,69
5 x 10	48,43	11,33	-5,69	20,82**	-26,52**	9,75	0,0537	12,64	-25,58*	46,76 69,67 -1,44 -50,95**
6 x 7	45,88	10,50	13,14**	17,80**	8,63	8,12	0,0560	7,97	7,67	42,74 49,84 24,65 24,14
6 x 8	43,67	5,54	-3,68	-1,36	-5,77	7,41	0,0479	-10,48	-10,48	41,46 43,24 21,88 17,84
6 x 9	45,52	6,44	-1,13	7,04	-8,82**	8,48	0,0386	12,00	7,33	47,27 33,51 30,69** 15,48
6 x 10	48,66	8,09	-4,92	21,32	-25,44**	9,30	0,0670	-4,00	-33,60**	52,87 55,33 9,63 -31,52**

Continua...

Tabela 12. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres número de dias para o início do florescimento (NDF), número de internódios no início do florescimento (NIF) e altura da planta no início do florescimento (APF). Dez parentais e suas 45 progênes F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce, Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S												
	NDF					NIF			APF				
	Média	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	PMT	Média ²	Variância ³	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média (cm)	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)
7 x 8	44,81	6,62	5,64	12,72**	-0,88	7,94	0,0344	11,17	3,06	40,50	54,88	16,92	13,15
7 x 9	43,61	5,57	-5,61	7,02	-16,80	7,52	0,0594	-4,67	-16,13	42,35	48,96	6,83	-6,83
7 x 10	49,04	8,88	0,24	32,80**	-24,37**	8,79	0,0449	-7,02	-43,73**	47,21	59,22	-12,69	-49,68**
8 x 9	45,34	12,78	-4,18	1,42	-9,66**	8,00	0,0479	0,00	-4,40	40,83	52,53	2,78	-14,12
8 x 10	48,63	7,56	-7,13**	16,02**	-25,20**	9,43	0,0450	-1,26	-32,35**	48,90	62,95	-3,33	-44,26**
9 x 10	48,54	6,80	-12,26**	4,02	-26,16**	8,98	0,0620	-14,65*	-40,35**	50,51	69,85	-10,61	-39,17**
Média dos parentais	46,96	4,06	-	-	-	8,32	0,0397	-	-	42,41	29,01	-	-
	±4,12	±2,42				± 1,18	±0,0107			±8,62	±12,16		
Média das progê- nias F ₂	46,44	7,56	-2,07	8,21	-11,04	8,46	0,0506	3,15	-10,34	43,63	49,21	5,90	-11,98
DMS entre paren- tais (Tukey 5%)	±2,18	±2,72	±4,84	±8,64	± 8,40	±0,72	±0,0137	±9,02	±13,69	±5,08	±14,69	±14,58	±19,99
DMS entre progê- nias F ₂ (Teste Tukey 5%)	2,54	-	-	-	-	-	0,24	-	-	9,91	-	-	-
	3,11	-	-	-	-	-	0,23	-	-	10,34	-	-	-

¹ PMP = parental mais precoce; PMT = parental mais tardio

² DMS obtidos a partir da análise de dados transformados para $\sqrt{x+1}$

³ Estimativas obtidas a partir da análise de dados transformados para $\sqrt{x+1}$

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

Tabela 13. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM) e altura da planta na maturidade (APM). Dez parentais e suas 45 progênies F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S									
	NDM					NIM				
	Média	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	PMP	PMT	Média ²	Variância-3	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)
2 x 7	124,42	15,26	-0,83	14,46**	-14,18**		18,53	0,0795	-5,66	-36,23**
2 x 8	133,06	9,06	1,63	4,61	-1,19		17,31	0,2846	-26,63**	-46,26**
2 x 9	119,89	17,89	-6,00	11,65**	-20,91**		15,00	0,3301	-19,71*	-66,70**
2 x 10	128,98	21,98	-5,50	-3,60	-3,65		19,43	0,1984	-25,89**	-27,44**
3 x 4	120,10	13,68	-1,52	-0,31	-2,62		17,83	0,2190	9,02	-30,91**
3 x 5	119,55	43,43	-1,72	0,21	-3,61		16,05	0,2311	6,29	-19,05**
3 x 6	118,62	10,23	-5,23	-5,12	-5,41		12,54	0,0629	3,57	-13,39
3 x 7	116,42	15,42	-4,15	0,67	-8,70		15,56	0,2051	11,98	-4,15
3 x 8	123,86	30,61	-3,24	3,48	-9,53*		16,74	0,2054	14,98	-10,58
3 x 9	115,31	5,06	-3,76	3,56	-10,51*		12,32	0,1155	-3,50	-16,66
3 x 10	120,70	36,45	-9,24*	-1,70	-16,28*		18,18	0,1681	6,94	-35,69**
4 x 5	119,36	12,57	-0,85	-0,10	-1,49		19,88	0,0629	4,63	-11,47
4 x 6	123,18	22,13	3,43	4,80	2,13		16,97	0,2015	14,81	-30,07**
4 x 7	118,66	15,25	0,82	4,53	-2,66		19,43	0,1042	10,73	-15,74
4 x 8	123,87	20,02	-2,09	5,95	-9,53*		19,34	0,0607	0,00	-16,59**
4 x 9	117,27	11,78	0,80	7,02	-4,98		17,66	0,3296	20,06*	-32,52**
4 x 10	122,40	34,61	-5,43	3,50	-13,69**		17,14	0,2423	-41,16**	-45,09**
5 x 6	119,69	14,29	-1,60	0,45	-3,60		14,76	0,2503	5,57	-30,89**
5 x 7	116,27	8,29	-2,48	0,41	-5,19		17,89	0,0840	11,84	-9,58
5 x 8	126,17	10,20	2,27	11,30*	-5,99		16,97	0,1167	8,68	-8,68
5 x 9	114,46	9,00	-3,28	2,06	-8,20		15,08	0,2443	6,57	-29,88**
5 x 10	125,01	30,73	-0,60	9,36	-9,74		18,98	0,1501	-9,91	-28,46**
6 x 7	118,76	13,45	-0,33	4,70	-5,08		16,05	0,2197	38,83**	2,01
6 x 8	123,49	19,29	-3,95	2,64	-10,14*		14,68	0,1780	5,60	-41,89**
6 x 9	116,94	8,66	-1,12	6,44	-8,20		14,36	0,1659	50,61**	48,96**
6 x 10	124,37	32,71	-3,55	4,08	-10,65*		16,64	0,2579	4,17	-49,61**

Continua...

Tabela 13. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM) e altura da planta na maturidade (APM). Dez parentais e suas 45 progêneses F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S										
	NDM					NIM			APM		
	Média	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose ¹ (%)	Média ²	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média	Variância	Heterobeltiose (%)
7 x 8	122,22	52,00	-1,34	10,66**	17,57	0,0513	10,16	0,00	96,19	63,89	1,78
7 x 9	113,07	5,48	-2,79	-0,38	13,13	0,2339	-7,75	-34,73**	78,74	552,56	11,75
7 x 10	118,99	19,02	-7,59	5,10	19,52	0,0851	6,67	-23,58**	105,29	211,51	-1,24
8 x 9	117,65	9,05	-6,62	7,69	15,32	0,2652	12,18	-25,61**	80,08	472,10	17,34
8 x 10	127,64	13,93	-4,69	-3,72	19,70	0,1826	-0,90	-21,96**	104,96	307,70	11,88
9 x 10	115,28	12,97	-11,52**	3,51	15,56	0,2567	-11,05	-59,37**	84,22	651,14	-14,14
Média dos parentais	123,79	4,27	-	-	16,56	0,0714	-	-	85,71	142,38	-
	±7,03	±2,76			± 4,32	±0,0413			±31,98	±170,19	
Média das progêneses F ₂	120,60	18,32	-5,08	1,80	16,56	0,1716	2,86	-24,41	85,76	367,42	5,99
	±4,62	±10,92	±5,66	±7,08	± 2,41	±0,0749	±16,13	±20,96	±13,91	±189,75	±28,93
DMS entre parentais (Tukey 5%)	20,68	-	-	-	0,33	-	-	-	24,58	-	-
DMS entre progêneses F ₂ (Teste Tukey 5%)	5,94	-	-	-	0,34	-	-	-	21,28	-	-

¹ PMP=parental mais precoce e PMP= parental mais tardio

² DMS em dados transformados para $\sqrt{x+1}$

³ Estimativas obtidas a partir de dados transformados para $\sqrt{x+1}$

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

Tabela 14. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres acamamento (Ac) e valor agromômico (VA). Dez parentais e suas 45 progênies F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Grupos	C A R A C T E R E S							
	Ac				VA			
	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)
Parentais								
1. Parnã	1,07	0,0036			2,29	0,0447		
2. IAC-Foscarin-31	2,52	0,0353			1,92	0,0339		
3. Coker 136	1,04	0,0040			2,25	0,0255		
4. Primavera	1,16	0,0062			2,71	0,0340		
5. Década	1,01	0,0008			2,48	0,0597		
6. Forrest	1,10	0,0107			2,62	0,0336		
7. FT 81-1835	1,10	0,0194			2,04	0,0583		
8. SOC 81-79	1,56	0,0556			2,65	0,0821		
9. Hale 321	1,10	0,0071			2,22	0,0255		
10. Palmetto	1,74	0,0154			2,54	0,0392		
Progenies F ₂								
1 x 2	1,16	0,0240	-67,42*	16,82	2,31	0,0765	21,05	3,52
1 x 3	1,01	0,0167	-11,21	-5,76	2,16	0,0417	-9,69	-6,69
1 x 4	1,04	0,0033	-15,92	-5,60	2,50	0,0277	0,80	-16,91
1 x 5	1,04	0,0022	0,00	-1,96	2,30	0,0531	-6,72	-14,69
1 x 6	1,10	0,0114	0,00	5,60	2,60	0,0570	12,24	0,00
1 x 7	1,07	0,0043	-5,45	0,00	2,13	0,0531	-2,77	-12,33
1 x 8	1,19	0,0405	-18,32	22,42	2,76	0,0462	25,30	9,09
1 x 9	1,10	0,0093	0,00	5,60	2,24	0,0427	-2,64	-2,64
1 x 10	1,22	0,0167	-25,71	28,03	2,02	0,0585	-33,05	-40,31**
2 x 3	1,19	0,0246	-64,00*	28,84	2,53	0,0512	59,48**	25,89
2 x 4	1,59	0,0641	-25,27	74,13**	2,31	0,0788	0,00	-27,61
2 x 5	1,34	0,0307	-44,18*	62,74	2,45	0,0671	22,72	-3,21
Continua...								

Continua...

Tabela 14. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres acamamento (Ac) e valor agromômico (VA). Dez parentais e suas 45 progênies F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S							
	Ac				VA			
	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)
2 x 6	1,72	0,0530	-6,74	112,72**	2,42	0,0481	13,21	-14,55
2 x 7	1,49	0,0440	-32,58	70,90*	2,42	0,0800	43,21*	39,60*
2 x 8	1,65	0,0547	-36,63*	11,53	2,02	0,0653	-22,02	-46,96**
2 x 9	1,52	0,0450	-29,21	75,36*	2,24	0,0978	14,35	0,00
2 x 10	2,09	0,0849	-3,75	38,85	2,20	0,1080	-3,57	-26,08
3 x 4	1,10	0,0100	5,60	11,53	2,31	0,0485	-14,45	-30,14*
3 x 5	1,07	0,0036	5,76	9,80	2,06	0,0611	-26,89	-34,53
3 x 6	1,10	0,0071	5,60	11,53	2,06	0,0491	-29,75*	-42,42**
3 x 7	1,10	0,0141	5,60	11,53	2,31	0,0929	13,88	6,25
3 x 8	1,16	0,0293	-22,90	23,07	2,42	0,0686	-0,02	-16,66
3 x 9	1,01	0,0015	-11,21	-5,76	2,24	0,0503	0,00	0,00
3 x 10	1,28	0,0383	-17,14	46,15	2,50	0,0742	10,08	-3,16
4 x 5	1,13	0,0178	11,21	21,56	2,76	0,0367	11,49	2,94
4 x 6	1,13	0,0134	0,00	5,45	2,31	0,0622	-27,61*	-30,14*
4 x 7	1,43	0,0350	53,09	60,00	2,68	0,0338	25,21	-2,94
4 x 8	1,10	0,0059	-39,41	-5,17	2,72	0,0343	2,98	0,00
4 x 9	1,22	0,0089	15,92	21,81	2,64	0,0714	12,04	-5,88
4 x 10	1,19	0,0210	-36,98	5,17	2,42	0,0441	-16,66	-22,05
5 x 6	1,16	0,0247	16,82	32,00	1,99	0,0734	-45,13**	-47,50**
5 x 7	1,01	0,0011	-11,21	2,00	2,22	0,0408	-4,40	-20,08
5 x 8	1,22	0,0279	-9,37	44,00	2,42	0,0748	-11,67	-16,66
5 x 9	1,04	0,0031	-5,60	8,00	2,31	0,0573	-5,88	-14,45
5 x 10	1,62	0,0563	36,49	124,00**	2,38	0,0784	-11,85	-11,85

Continua...

Tabela 14. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres acamamento (Ac) e valor agro-nômico (VA). Dez parentais e suas 45 progênies F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S							
	A c				V A			
	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média ¹	Variância ²	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)
6 x 7	1,25	0,0383	27,27	27,27	2,34	0,0832	0,00	-20,68
6 x 8	1,25	0,0153	-13,43	27,27	2,31	0,0505	-25,00	-25,00
6 x 9	1,13	0,0042	5,45	5,45	2,27	0,0652	-12,39	-26,05
6 x 10	1,37	0,0290	-8,39	49,09	2,27	0,0711	-23,34	-26,05
7 x 8	1,16	0,0068	-26,86	10,90	2,53	0,0287	16,23	8,33
7 x 9	1,25	0,0471	27,27	27,27	1,82	0,0496	-31,48*	-37,50**
7 x 10	1,13	0,0132	-41,95	5,45	2,42	0,0646	9,52	-8,69
8 x 9	1,22	0,0156	-17,91	21,81	2,42	0,0704	-2,44	-16,66
8 x 10	1,34	0,0464	-37,57	-28,20	2,49	0,0536	-9,19	-11,36
9 x 10	1,16	0,0173	-37,76	10,90	2,34	0,0693	-3,36	-15,01
Média dos parentais	1,34 ± 0,48	0,0158 ± 0,0173	-	-	2,37 ± 0,27	0,0437 ± 0,0180	-	-
Média das progênie	1,24 ± 0,22	0,0240 ± 0,0196	-11,29 ± 24,62	25,00 ± 30,70	2,35 ± 0,21	0,0602 ± 0,0180	-1,52 ± 20,44	-13,37 ± 17,86
DMS entre parentais (Tukey 5%) ³	0,31	-	-	-	0,23	-	-	-
DMS entre progênie	0,20	-	-	-	0,20	-	-	-
F ₂ (Tukey 5%)								

¹ Dados originais

² Estimativas obtidas a partir de dados transformados para $\sqrt{x+1}$

³ DMS em dados transformados para $\sqrt{x+1}$

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

Tabela 15. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP). Dez parentais e suas 45 progêneses F₂ obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Grupos	C A R A C T E R E S									
	PPI (g/planta)					PP (kg/ha)				
	Média (g)	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)		Média (kg/ha)	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)		
Parentais										
1. Paraná	31,32	156,26				2278,6				
2. IAC-Foscarin-31	53,67	416,54				3777,0				
3. Coker 136	32,05	103,13				2428,0				
4. Primavera	35,97	413,67				2671,6				
5. Dêcada	37,58	231,91				2546,3				
6. Forrest	41,80	344,62				1577,0				
7. FT 81-1835	24,85	149,41				2136,3				
8. SOC 81-79	54,52	453,60				2179,6				
9. Hale 321	28,50	104,82				1997,6				
10. Palmetto	44,89	346,20				3423,6				
Progêneses F ₂										
1 x 2	45,52	369,41	13,74	-30,74		3326,6	19,73	-23,84		
1 x 3	31,32	137,93	-2,33	-4,98		2605,3	21,38	14,60		
1 x 4	34,71	145,64	6,30	-1,71		2373,6	-8,20	-22,30		
1 x 5	31,66	279,70	-16,19	-31,38		2456,6	3,66	-7,03		
1 x 6	37,18	223,57	3,33	-22,00		2421,0	51,15**	12,48		
1 x 7	31,31	275,68	22,92	0,00		2064,0	-13,00	-18,84		
1 x 8	49,81	558,90	32,10	-17,24		3052,0	73,72**	67,87**		
1 x 9	34,50	181,91	30,69	20,44		2289,0	14,10	0,90		
1 x 10	29,84	244,82	-43,40*	-67,26		2851,6	0,03	-33,41*		

Continua...

Tabela 15. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP). Dez parentais e suas 45 progenies F_2 obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S						
	PPI (g/planta)			PP (kg/ha)			
	Média (g)	Variância	Heterose (%)	Heterobelitiose (%)	Média (kg/ha)	Heterose (%)	Heterobelitiose (%)
2 x 3	45,95	434,02	14,36	-29,05	3346,6	15,74	-22,78
2 x 4	43,04	506,13	-7,98	-39,85*	3056,3	-10,42	-38,16**
2 x 5	47,74	592,24	9,24	-22,34	3353,0	12,10	-22,45
2 x 6	58,07	720,56	43,22**	16,38	1342,3	-99,71**	-128,92**
2 x 7	48,45	366,93	46,75*	-19,73	2049,3	-61,37	-91,48**
2 x 8	49,01	670,27	-18,85	-20,18	3273,6	-19,82	-26,65*
2 x 9	39,22	519,09	-9,10	-80,07**	2425,0	-32,02*	-71,59**
2 x 10	52,20	870,51	11,80	-5,53	3152,6	-24,86*	-33,05**
3 x 4	33,77	242,68	-1,46	-12,22	3058,3	38,87*	28,94
3 x 5	33,48	263,24	-7,69	-21,80	2651,3	13,19	8,24
3 x 6	31,48	264,42	-29,56	-49,28	2458,6	45,56*	2,52
3 x 7	36,08	239,22	53,54	24,92	2034,3	-21,72	-32,42
3 x 8	44,77	487,96	6,78	-35,59*	2313,6	0,50	-9,41
3 x 9	29,96	174,31	-8,71	-11,08	2070,6	-12,85	-29,43
3 x 10	42,44	507,32	20,58	-11,13	2615,0	-21,25	-47,24**
4 x 5	42,55	328,89	31,37	26,59	2614,0	0,38	-4,31
4 x 6	38,27	392,26	-3,27	-16,74	2725,0	56,54**	3,98
4 x 7	58,47	473,84	184,41**	125,00**	1856,6	-45,53**	-61,00**
4 x 8	44,84	298,49	-1,85	-35,59*	2837,6	33,96*	12,42
4 x 9	42,18	342,33	61,66**	34,44	2786,3	38,68*	8,57
4 x 10	35,61	289,76	-23,88	-41,42*	2692,0	-23,34	-42,74**
							Continua...

Continua...

Tabela 15. Média, variância, heterose e heterobeltiose para os caracteres produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP). Dez parentais e suas 45 progênes F_2 obtidas em esquema dialélico. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Grupos	C A R A C T E R E S							
	PPI (g/planta)				PP (kg/ha)			
	Média (g)	Variância	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	Média (kg/ha)	Heterose (%)	Heterobeltiose (%)	
5 x 6	31,97	293,54	-38,90	-46,88*	2435,0	36,21	-8,74	
5 x 7	29,85	163,75	-8,77	-40,95	2472,0	11,64	-5,83	
5 x 8	42,28	347,44	-16,41	-44,77**	3075,0	60,26**	41,52*	
5 x 9	32,29	190,88	-4,53	-28,19	2240,3	-2,79	-24,03	
5 x 10	47,04	531,56	28,12	9,35	2219,0	-51,32**	-70,37**	
6 x 7	35,06	344,33	10,31	-32,05	2260,0	43,44**	11,58	
6 x 8	35,43	265,58	-52,49**	-70,09**	2573,0	73,95**	36,08	
6 x 9	29,14	219,43	34,24	-60,76**	2712,0	103,45**	71,51**	
6 x 10	42,07	540,86	5,90	-12,47	3050,3	43,98**	-21,81	
7 x 8	30,20	210,75	-47,85*	-56,14**	1690,3	-43,34*	-44,90*	
7 x 9	24,12	92,09	-19,19	-30,87	2085,6	1,80	-4,73	
7 x 10	31,90	225,69	-17,08	-57,90**	2837,6	60,33**	-34,23**	
8 x 9	38,99	395,64	-12,18	-56,88**	2230,0	13,52	4,61	
8 x 10	47,45	431,61	-9,09	-26,05	2944,6	10,20	-27,98*	
9 x 10	30,13	309,39	-35,80	-65,92**	2300,5	-30,25*	-65,60**	
Média dos parentais	38,51 ± 10,14	272,02 ± 137,92	-	-	2501,6 ± 659,0	-	-	
Média das progênes F_2	38,92 ± 8,13	354,79 ± 167,25	5,22 ± 38,01	-22,22 ± 35,08	2561,8 ± 456,8	8,36 ± 39,94	-16,65 ± 37,88	
DMS entre parentais (Tukey 5%)	16,30	-	-	-	862,9	-	-	
DMS entre progênes F_2 (Tukey 5%)	17,70	-	-	-	892,4	-	-	

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

Tabela 16. Estimativas de correlações fenotípica, genotípica e de ambiente nos grupos de dez parentais e de 45 progêneses F_2 de um dialelo 10 x 10 entre os caracteres produtividade da parcela (PP), produtividade de planta individual (PPI), número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac) e valor agrônômico (VA). Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Caracteres ¹	Grupo dos parentais				Grupo de progêneses F_2			
	Correlações		Correlações		Correlações		Correlações	
	Fenotípica	Genotípica	De Ambiente	Fenotípica	Genotípica	De Ambiente	Fenotípica	De Ambiente
PP versus								
PPI	0,476	0,507	0,201	0,116	0,104	0,185		
NDF	0,351	0,362	0,176	0,233	0,250	0,087		
NIF	0,391	0,400	0,284	0,042	0,026	0,154		
APF	0,360	0,362	0,339	0,195	0,200	0,162		
NDM	0,640	0,853	0,040	0,369	0,403	0,055		
NIM	0,846	0,892	-0,031	0,358	0,385	0,107		
APM	0,865	0,909	0,104	0,405	0,431	0,186		
Ac	0,796	0,970	-0,210	0,382	0,523	-0,124		
VA	-0,285	-0,487	0,301	0,000	-0,017	0,053		
PPI versus								
NDF	-0,017	-0,011	-0,139	-0,104	-0,121	0,025		
NIF	0,082	0,108	-0,168	0,012	-0,033	0,292		
APF	-0,055	-0,034	-0,272	-0,345	-0,424	0,102		
NDM	0,748	1,019	-0,040	0,750	0,838	0,189		
NIM	0,547	0,567	0,430	0,602	0,620	0,524		
APM	0,561	0,613	-0,105	0,446	0,269	0,473		
Ac	0,776	0,964	-0,149	0,585	0,702	0,252		
VA	0,227	0,130	0,584	0,539	0,519	0,675		
NDF versus								
NIF	0,980	1,023	0,130	0,888	0,959	0,218		
APF	0,942	0,971	0,293	0,815	0,892	0,163		
NDM	0,235	0,304	0,000	-0,084	-0,116	0,363		
NIM	0,224	0,233	-0,252	0,253	0,269	0,009		
APM	0,140	0,143	0,026	0,161	0,172	0,020		
Ac	0,034	0,033	0,083	0,028	0,018	0,090		
VA	0,341	0,473	-0,035	0,144	0,214	-0,093		

Continua...

Tabela 16. Estimativas de correlações fenotípica, genotípica e de ambiente nos grupos de dez parentais e de 45 progênies F_2 de um dialelo 10 x 10 entre os caracteres produtividade da parcela (PP), produtividade de planta individual (PPI), número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac) e valor agrônômico (VA). Soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Caracteres ¹	Grupo dos parentais				Grupo de progênies F_2			
	Correlações				Correlações			
	Fenotípica	Genotípica	De Ambiente		Fenotípica	Genotípica	De Ambiente	
NIF versus APF	0,966	0,997	0,546		0,834	0,870	0,595	
NDM	0,310	0,388	0,110		-0,035	-0,048	0,109	
NIM	0,264	0,275	0,037		0,208	0,195	0,358	
APM	0,217	0,222	0,161		0,081	0,045	0,409	
Ac	0,137	0,147	0,093		0,004	-0,050	0,218	
VA	0,327	0,481	-0,068		0,215	0,255	0,138	
APF versus NDM	0,202	0,246	0,102		-0,196	-0,212	-0,040	
NIM	0,231	0,247	-0,171		-0,072	-0,016	0,267	
APM	0,235	0,224	0,505		-0,006	-0,076	0,598	
Ac	0,125	0,131	0,108		-0,112	-0,184	0,130	
VA	0,197	0,299	-0,095		-0,024	-0,032	-0,007	
NDM versus NIM	0,519	0,698	-0,221		0,609	0,640	0,104	
APM	0,563	0,745	-0,068		0,580	0,618	0,078	
Ac	0,778	1,216	-0,075		0,686	0,899	0,209	
VA	0,019	0,129	-0,084		0,257	0,376	-0,054	
NIM versus APM	0,946	0,966	0,101		0,885	0,904	0,627	
Ac	0,676	0,777	-0,076		0,456	0,546	0,157	
VA	0,050	0,030	0,300		0,507	0,586	0,451	
APM versus Ac	0,814	0,875	0,651		0,559	0,673	0,182	
VA	-0,173	-0,199	-0,254		0,336	0,190	0,409	
Ac versus VA	-0,320	-0,212	-0,577		-0,048	-0,044	-0,055	

¹ Todas as correlações que envolveram o caráter número de dias para a maturação (NDM) foram obtidas a partir de apenas cinco repetições.

Tabela 17. Análise de variância das estimativas de variâncias (V_i) e covariâncias (C_i), ($C_i + V_i$) e ($C_i - V_i$) pela análise de Hayman de um dialeto 10 x 10 com 45 progênies F_2 . De 12 caracteres de soja precoces. Piracicaba, 1986/87.

Caracteres	Fonte de Variação	G.L.	Q U A D R A D O S M E D I O S			
			C_i	V_i	$C_i + V_i$	$C_i - V_i$
Número de dias para o florescimento (NDF) ¹	Linhas	8	9,4266	12,8871*	41,8942*	2,7332
	Colunas	5	38,2233**	72,0019**	214,0794**	6,3710**
	Resíduo	40	4,8495	4,3443	17,0088	1,3788
Número de internódios no florescimento (NIF) ²	Linhas	9	8,3571.10 ⁻⁵	1,3968.10 ⁻⁴ *	3,8083.10 ⁻⁴	6,5670.10 ⁻⁵
	Colunas	5	1,5841.10 ⁻⁴	5,7471.10 ⁻⁴ **	9,0638.10 ⁻⁴ **	5,5986.10 ⁻⁴ **
	Resíduo	45	7,6969.10 ⁻⁵	5,1312.10 ⁻⁵	2,1013.10 ⁻⁴	4,6434.10 ⁻⁵
Altura da planta no florescimento (APF) ³	Linhas	7	573,9575	234,7052	1335,1020	282,2265
	Colunas	5	586,2826	3723,5610**	5876,8920**	2742,7880**
	Resíduo	35	334,4653	396,3200	1321,6780	139,8918
Número de dias para a maturidade (NDM)	Linhas	9	3590,338	3360,532	13755,360	146,379
	Colunas	4	4265,816	631,512	8170,424	1624,213**
	Resíduo	36	4050,575	3845,230	15687,970	103,675
Número de internódios na maturidade (NIM) ^{2,3}	Linhas	7	2,1137.10 ⁻³	3,8344.10 ⁻³ *	1,1174.10 ⁻²	7,2207.10 ⁻⁴
	Colunas	5	4,6139.10 ⁻³ *	1,8092.10 ⁻² **	4,1540.10 ⁻² **	5,0704.10 ⁻³ **
	Resíduo	35	1,5511.10 ⁻³	1,6105.10 ⁻³	5,9419.10 ⁻³	3,8124.10 ⁻⁴
Altura da planta na maturidade (APM) ⁴	Linhas	7	108156,70	152519,60**	497242,20**	24110,87*
	Colunas	5	82466,85**	158176,60**	460511,40**	20736,29
	Resíduo	35	20856,64	28086,40	87988,30	9897,61
Acamamento (Ac) ²	Linhas	9	6,8591.10 ⁻⁴ **	3,4221.10 ⁻⁴ **	1,9107.10 ⁻³ **	1,4549.10 ⁻⁴ *
	Colunas	5	7,0109.10 ⁻⁴ **	7,4290.10 ⁻⁴ **	2,8302.10 ⁻³ **	5,7743.10 ⁻⁵
	Resíduo	45	1,3662.10 ⁻⁴	1,1835.10 ⁻⁴	4,4953.10 ⁻⁴	5,9584.10 ⁻⁵

Continua ...

Tabela 17. Análise de variância das estimativas de variâncias (V_i) e covariâncias (C_i), ($C_i + V_i$) e ($C_i - V_i$) pela análise de Hayman de um dialelo 10×10 com 45 progênies F_2 . Dez caractéres de soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Caracteres	Fonte de Variação	G.L.	QUADRADOS MÉDIOS			
			C_i	V_i	$C_i + V_i$	$C_i - V_i$
Valor agrônômico (VA) ²	Linhas	9	2,1684.10 ⁻⁵	1,6067.10 ⁻⁵	6,7675.10 ⁻⁵	7,8270.10 ^{-6*}
	Colunas	5	5,8431.10 ⁻⁵	1,9378.10 ⁻⁵	5,1522.10 ⁻⁵	1,0409.10 ^{-4*}
	Resíduo	45	2,1036.10 ⁻⁵	2,9690.10 ⁻⁵	6,3384.10 ⁻⁵	3,8064.10 ⁻⁵
Produtividade de planta individual (PPI) ⁵	Linhas	8	2938,000	2055,737	8807,961	1179,519
	Colunas	5	7481,397*	4617,973*	22120,600**	2078,161
	Resíduo	40	2304,962	1528,674	5795,168	1872,102
Produtividade de parcela (PP) ⁵	Linhas	9	1,3427.10 ^{11**}	8,1797.10 ^{10**}	3,6988.10 ^{11**}	6,2244.10 ¹⁰
	Colunas	5	8,4842.10 ^{10*}	1,5146.10 ¹⁰	8,0808.10 ¹⁰	1,1907.10 ^{11*}
	Resíduo	45	3,5054.10 ¹⁰	1,5421.10 ¹⁰	6,3043.10 ¹⁰	3,7907.10 ¹⁰

1 0 parental nº 5 (Década) foi excluído da análise

2 Análises realizadas com dados transformados para $\sqrt{x + 1}$

3 Os parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Década) foram excluídos da análise

4 Os parentais nº 3 (Coker 136) e nº 6 (Forrest) foram excluídos da análise

5 0 parental nº 7 (FT 81-1835) foi excluído da análise

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

Tabela 18. Coeficiente de regressão (b), erro padrão (s_b), valores de "t" para as hipóteses $b = 0$ e $b = 1$ e coeficiente de determinação (R^2) entre covariâncias (C_i) e variância (V_i) pela análise de Hayman de um dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 . Dez caracteres de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Caracteres	P A R A M E T R O S				
	b	s_b	Teste "t"		R^2
			Hipótese b=0	Hipótese b=1	
Número de dias para o florescimento (NDF) ¹	1,0386	0,2068	5,11**	0,19	0,7889
Número de internódios no florescimento (NIF) ²	0,9428	0,3148	3,01*	-0,18	0,5318
Altura da planta no florescimento (APF) ³	0,4586	0,1816	2,52*	-2,97*	0,5143
Número de dias para a maturidade (NDM)	0,9476	0,0689	13,74**	-0,75	0,9594
Número de internódios na maturidade (NDM) ^{2,3}	1,2362	0,2182	5,66**	1,08	0,8424
Altura da planta na maturidade (APM) ⁴	1,0936	0,1889	5,78**	0,49	0,8481
Acamamento (A) ²	0,6434	0,1302	6,24**	-3,46*	0,8297
Valor agronômico (VA)	0,6899	0,2119	3,79*	-1,70	0,6425
Produtividade de planta individual (PPI) ⁵	0,6491	0,1994	3,25*	-1,75	0,4213
Produtividade de parcela (PP)	0,5728	0,1874	3,05*	-2,27	0,5386

¹ O parental nº 5 (Dêcada) foi excluído da análise

² Análises realizadas com dados transformados para $\sqrt{x+1}$

³ Os parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Dêcada) foram excluídos da análise

⁴ Os parentais nº 3 (Coker 136) e nº 6 (Forrest) foram excluídos da análise

⁵ O parental nº 7 (FT 81-1835) foi excluído da análise.

*,** = significativo ao nível de probabilidade, respectivamente de 5 e 1%.

Tabela 19. Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos do número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF) e altura da planta no florescimento (APF), pela análise de Hayman. Dialelo 10 x 10 com 45 progenies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Estimativas	C A R A C T E R E S				
	NDF ¹	NIF ²		APF ³	
Componentes de Variância					
D	17,1751 ± 0,5144**	0,037135 ± 0,002507**	74,6058 ± 5,2513**		
F	11,2560 ± 1,1853**	0,019651 ± 0,005721**	23,4688 ± 12,2677		
H ₁	6,3653 ± 1,3425**	0,008319 ± 0,006343	9,8038 ± 14,2128		
H ₂	5,3490 ± 1,1352**	-0,000422 ± 0,005321	-6,9859 ± 12,1231		
E ₀	1,7513	0,015881	30,1489		
E ₂	2,1649	0,010236	24,1275		
E ₀₂	2,0577	0,011254	25,4128		
Parâmetros Genéticos					
gmd	0,6088	0,473306	0,3626		
ND/NR	3,3314	3,535367	2,5328		
uv	0,2100	-	-		
(u-v)h/d	1,3470	0,55900	0,4338		
N	1,0977	-	-		
h _r ²	0,7076	0,873073	0,8779		
h _a ²	0,9403	0,873073	0,8779		

1 O parental nº 5 (Década) foi excluído da análise

2 Análises realizadas com dados transformados para $\sqrt{x + 1}$

3 Os parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Década) foram excluídos da análise

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

Tabela 20. Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos do número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM) e altura da planta na maturidade (APM) pela análise de Hayman. Dialelo 10 x 10 com 45 progênies F₂. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Estimativas	C A R A C T E R E S		
	NDM	NIM 1,2	APM ³
Componentes de Variância			
D	30,2309 ± 4,1011**	0,290122 ± 0,008415**	886,4492 ± 48,6299**
F	-9,8750 ± 9,3567	0,243733 ± 0,019622**	1206,9988 ± 113,3893**
H ₁	69,1326 ± 10,3746**	0,160854 ± 0,022733**	1041,4734 ± 131,3673**
H ₂	40,4445 ± 8,7026**	0,100028 ± 0,019391**	560,9198 ± 112,0524**
E ₀	96,4941	0,030696	180,5108
E ₂	5,7720	0,024417	89,8599
E ₀₂	22,3992	0,026110	110,3845
Parâmetros Genéticos			
gmd	1,5122	0,744604	1,0838
ND/NR	0,8050	3,588510	4,3777
uv	0,1463	0,155463	0,1346
(u-v)h/d	-0,1676	0,917382	0,9247
N	5,9999	0,742191	0,6460
h _f ²	0,6688	0,646137	0,3352
h _f ²	0,8933	0,947549	0,9229

1 Análises realizadas com dados transformados para $\sqrt{x+1}$

2 Os parentais nº 4 (Primavera) e nº 5 (Dêcada) foram excluídos das análises

3 Os parentais nº 3 (Coker 136) e nº 6 (Forrest) foram excluídos da análise.

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

Tabela 21. Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos do acamamento (Ac) e do valor agrônômico (VA) pela análise de Hayman. Dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Estimativas	C A R A C T E R E S ¹				
	Ac		VA		
Componentes de variância					
D	0,016948	± 0,003732**	0,002959	± 0,000865**	
F	-0,003052	± 0,003515	0,004768	± 0,001975*	
H ₁	-0,041858	± 0,009442	0,022028	± 0,002189**	
H ₂	-0,018132	± 0,007920	0,015785	± 0,001837**	
E ₀	0,028100		0,015079		
E ₂	0,008108		0,007813		
E ₀₂	0,011398		0,009016		
Parâmetros Genéticos					
gmd	-		2,728444		
ND/NR	-		1,838094		
uv	-		0,179145		
(u-v)h/d	-		0,555775		
N	-		0,668990		
h _r ²	-		0,289203		
h _a ²	-		0,803989		

¹ Caracteres analisados com dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

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

Tabela 22. Estimativas dos componentes de variância e de parâmetros genéticos da produtividade de planta individual (PPI) e da produtividade da parcela (PP) pela análise de Hayman. Dia-leto 10 x 10 com 45 progênies F₂. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Estimativas	C A R A C T E R E S	
	PPI ¹	PP
Componentes de variância		
D	89,5236 ± 10,6872**	441459,9 ± 77200,4**
F	-19,7476 ± 24,6246	761529,4 ± 176135,4**
H ₁	52,7797 ± 27,8889	2394304,0 ± 195295,4**
H ₂	107,6468 ± 23,5826**	1919276,6 ± 163822,2**
E ₀	73,9685	207447,8
E ₂	58,1634	158882,4
E ₀₂	61,8641	165723,2
Parâmetros Genéticos		
gmd	0,7678	2,3288
ND/NR	-	2,1764
uv	0,5098	0,2004
(u-v)h/d	-	0,8314
N	1,3066	0,0909
h _r ²	0,3176	0,1324
h _a ²	0,8109	0,9527

¹ O parental nº 7 (FT-81-1835) foi excluído da análise.

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

Tabela 23. Análise de variância para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), relação entre CGC e CEC e médias dos quadrados médios dos efeitos de CGC e CEC para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a amaturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP) de acordo com o método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Parâmetros	G.L.	C A R A C T E R E S									
		NDF	NIF ¹	APF	NDM ²	NIM ¹	APM	Ac ¹	VA ¹	PPI	PP
Quadrados Médios											
CGC	9	35,94**	0,0913**	176,51**	126,94**	0,5137**	1598,14**	0,0362**	0,0074**	255,44**	674750,0**
CEC	45	0,86**	0,0025	5,08	7,28	0,0158**	74,13**	0,0023	0,0028	32,37**	153121,2**
Resíduo	270	0,32	0,0019	3,73	4,48	0,0041	17,26	0,0019	0,0015	10,81	27620,5
Outros Parâmetros											
CGC/(CGC + CEC)	(%)	97,66	97,33	97,20	94,57	97,02	95,56	94,02	72,55	88,75	81,50
$\sum g_i^2/9$		2,96	0,0074	14,39	10,20	0,0424	131,74	0,0028	0,0005	20,38	53927,4
$\sum s_{ij}^2/45$		0,54	0,0006	1,35	2,80	0,0117	56,87	0,0004	0,0013	21,56	125500,7

¹ Análise realizada com dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

² Para o caráter NDM o número de G.L. do resíduo é de apenas 216, porque neste caráter foram avaliados somente cinco repetições.

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

Tabela 24. Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) com os respectivos erros padrões (EP) e correlação linear (r) entre os efeitos g_i e as respectivas médias dos parentais para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP). Método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

C A R A C T E R E S										
Efeitos (g_i)	NDF	NIF ¹	APF (cm)	NDM	NIM ¹	APM (cm)	Ac ¹	VA ¹	PPI (g/planta)	PP (kg/ha)
g_1 (Paraná)	0,2465	0,0235	2,1586	-1,4040	-0,2005	-10,6720	-0,0486	-0,0069	-3,4000	-8,4612
g_2 (IAC-Foscarin-31)	-1,7051	-0,0916	-4,7980	5,4993	0,2186	14,0103	0,1288	-0,0261	8,9333	398,4000
g_3 (Coker 136)	1,2948	0,0571	1,6936	-1,2206	-0,1463	-12,8459	-0,0469	-0,0178	-2,9666	9,2610
g_4 (Primavera)	1,8440	0,0745	1,6361	-0,4281	0,2528	6,8694	-0,0144	0,0496	1,3666	103,7050
g_5 (Dêcada)	-1,4910	-0,0711	-4,3596	-0,8665	0,0778	1,7276	-0,0336	0,0005	-1,2416	42,5109
g_6 (Forrest)	-1,1418	-0,0201	-0,6596	0,0076	-0,2563	-13,7146	-0,0111	-0,0011	-0,5583	-247,2950
g_7 (FT 81-1835)	-1,6760	-0,0760	-2,2488	-3,0290	0,0186	5,2293	-0,0194	-0,0194	-3,7333	-373,0170
g_8 (SOC 81-79)	-0,8201	-0,0555	-2,1796	3,9884	0,0828	6,3043	0,0171	0,0346	5,9666	20,8722
g_9 (Hale 321)	-0,0018	-0,0289	0,4061	-5,2838	-0,2804	-12,8288	-0,0269	-0,0194	-5,9666	-230,3220
g_{10} (Palmetto)	3,4506	0,1883	8,3511	2,7426	0,2328	15,9205	0,0555	0,0063	1,6000	284,3440
EP (g_i)	0,1548	0,0118	0,5286	0,5796	0,0207	1,1330	0,0119	0,0106	0,9002	45,5141
EP ($g_i - g_j$)	0,2308	0,0176	0,7881	0,8641	0,0261	1,6964	0,0177	0,0158	1,3420	67,8485
r (correlação linear)	0,98**	0,97**	0,96**	0,87**	0,99**	0,97**	0,98**	0,81**	0,93**	0,90**

¹ Análise realizada com dados transformados para $\sqrt{x + 1}$.

** = significativo ao nível de probabilidade de 1% (Tabela A. 13, pg. 597, STEEL & TORRIE, 1980)

Tabela 25. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação dos parentais com eles próprios (s_{ij}) com os respectivos erros padrões para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de internódios na maturidade (NIM), número de internódios na maturidade de (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), produtividade de planta individual (PPI) e produtividade de parcela (PP). Método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracaba, 1986/87.

C A R A C T E R E S										
Efeitos (s_{ij})	NDF	NIF ¹	APF (cm)	NDM	NIM ¹	APM (cm)	Ac ¹	VA ¹	PPI (g/planta)	PP (kg/ha)
Parentais										
S ₁ 1 (Paraná)	1,0649	-0,0389	-3,9224	11,5573	-0,0868	-5,6052	0,0360	-0,0063	-0,9090	-258,8530
S ₂ 2 (IAC-Foscarin-31)	0,4383	0,0454	3,2909	1,7206	0,2348	25,9420	0,1210	-0,0680	-3,1757	425,7580
S ₃ 3 (Coker 136)	0,6383	-0,0172	-1,0724	3,0006	-0,0851	-1,8455	0,0227	0,0053	-0,9757	-144,9650
S ₄ 4 (Primavera)	-0,5700	-0,0810	-0,0474	-0,0343	0,0165	0,1786	-0,0022	0,0003	-5,7424	-90,1870
S ₅ 5 (Dêcada)	0,2599	-0,0525	-3,2757	-0,0277	0,0065	-7,6327	-0,0139	0,0386	1,0742	-93,1316
S ₆ 6 (Forrest)	-0,3283	-0,0595	-4,0057	0,6839	-0,1651	-11,1816	-0,0289	0,0719	3,9075	-482,8530
S ₇ 7 (FT 81-1835)	-1,0900	-0,0617	-0,8874	0,9072	-0,1051	-0,1910	-0,0122	-0,0413	-6,6424	327,924
S ₈ 8 (SOC 81-79)	0,0883	0,0152	-2,3857	0,9022	-0,0334	-3,7027	0,0643	0,0103	3,5575	-416,5200
S ₉ 9 (Hale 321)	1,0116	0,0199	-0,3374	2,6889	-0,0668	-7,3679	0,0027	0,0086	1,4242	-96,1316
S ₁₀ 10 (Palmetto)	2,3466	0,0494	2,6925	4,6839	0,1665	10,9399	0,0477	0,0369	2,6909	300,5360
EP (s_{ij})	0,4670	0,0357	1,5942	1,7479	0,0529	3,4312	0,0359	0,0320	2,7144	137,2304
EP ($s_{ij} - s_{ij}$)	0,6530	0,0499	2,2294	2,4413	0,0740	4,7983	0,0503	0,0447	3,7958	191,9046

¹ Análise realizada com dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

Tabela 26. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}) com os respectivos erros padrões para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura de planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), produtividade de planta individual (PPI) e produtividade da parcela (PP). Método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 10 x 10 com 45 progênies de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Efeitos s_{ij}	C A R A C T E R E S										
	NDF	NIF ¹	APF (cm)	NDM	NIM ¹	APM (cm)	Ac ¹	VA ¹	PP ¹ (g/planta)	PP (kg/ha)	
Progênies F ₂											
S _{1,2}	-1,0233	-0,0097	2,6442	-5,6860	-0,0159	1,2542	-0,1114	0,0228	0,8575	382,2860	
S _{1,3}	-0,2833	-0,0195	-0,5574	-2,1060	-0,0209	-1,8195	0,0143	-0,0255	-1,3424	50,0906	
S _{1,4}	0,0874	-0,0139	0,2600	-2,0885	0,0698	3,1900	-0,0081	-0,0030	-2,2757	-276,0200	
S _{1,5}	0,1924	0,0037	0,1659	-3,8502	0,0148	1,0301	0,0010	-0,0138	-2,6674	-131,8250	
S _{1,6}	-0,9466	0,0297	1,5859	-3,4144	-0,0209	-0,5775	0,0085	0,0778	2,1492	122,3130	
S _{1,7}	-0,6225	-0,0123	-0,7949	-0,9377	0,0059	-0,3247	0,0068	-0,0338	-0,5757	-108,9650	
S _{1,8}	0,1816	0,0441	-0,2540	-0,9852	0,1793	8,5502	0,0102	0,0819	8,2242	485,1460	
S _{1,9}	-0,0966	0,0185	2,4900	-1,3769	0,0231	-1,3033	0,0243	0,0038	4,8575	-26,6594	
S _{1,10}	0,3808	0,0372	2,3050	-2,6694	-0,0501	1,2107	-0,0181	-0,0896	-7,4090	21,3408	
S _{2,3}	-1,0516	-0,0484	-1,4807	-1,5693	0,0898	-0,1567	-0,1031	0,0936	0,9242	384,5630	
S _{2,4}	0,4391	0,0361	1,0967	-1,0418	-0,1193	-5,3288	-0,0056	-0,0438	-6,3090	-0,2148	
S _{2,5}	0,1241	0,0009	0,2325	2,4164	0,0656	1,3729	-0,0664	0,0553	0,9992	357,6470	
S _{2,6}	-0,1950	0,0609	-4,9274	1,2322	-0,0701	-20,7164	0,0310	0,0469	10,7159	-1363,2200	
S _{2,7}	0,3791	-0,0101	-2,8382	0,7689	0,0048	-1,8103	-0,0306	0,0653	4,1909	-530,4920	
S _{2,8}	0,1033	-0,0686	0,6125	2,3941	-0,1993	-19,5253	-0,0172	-0,0988	-4,9091	299,4520	
S _{2,9}	0,1049	-0,0393	-1,7932	-1,5102	-0,1159	-8,8521	-0,0131	0,0153	-2,7757	-297,5210	
S _{2,10}	0,2425	-0,0125	-0,1282	-0,4427	-0,1093	1,8785	0,0743	-0,0205	2,6575	-84,5200	
S _{3,4}	-0,0008	-0,0266	0,0450	0,5581	0,0556	5,7790	0,0102	-0,0421	-3,5090	390,9250	
S _{3,5}	0,5341	0,0330	0,6009	0,4464	0,0206	-1,9524	0,0193	-0,0630	-1,3007	45,1187	
S _{3,6}	-0,2649	0,0140	2,4709	-1,3577	-0,0951	-0,8319	0,0068	-0,0613	-3,9840	142,2580	
S _{3,7}	0,4791	0,0500	3,4700	-0,5210	0,0198	0,1924	0,0152	0,0269	3,7909	-156,3540	
S _{3,8}	-0,4766	0,0205	-0,5490	-0,0885	0,0856	3,0791	-0,0014	0,0028	2,7909	-270,9090	
S _{3,9}	1,1350	0,0308	0,0450	0,6397	-0,1009	-1,5443	-0,0072	0,0069	-0,0757	-62,7151	
S _{3,10}	-1,3475	-0,0184	-1,899	-2,0027	0,1156	0,9451	-0,0002	0,0511	4,7575	-233,0480	

Continua...

Tabela 26. Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij}) com os respectivos erros padrões para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), número de internódios no florescimento (NIF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), número de internódios na maturidade (NIM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), produtividade de planta individual (PPI) e produtividade da parcela (PP). Método 2 e modelo misto B de GRIFFING (1956b). Dialelo 10 x 10 com 45 progênies de soja precoce. Piracicaba, 1986/87. Continuação.

Efeitos s_{ij}	C A R A C T E R E S										
	NDF	NIF ¹	APF (cm)	NDM	NIM ¹	APM (cm)	Ac ¹	VA ¹	PPI (g/planta)	PP (kg/ha)	
S _{4,5}	-0,1249	0,0746	2,9584	-0,5360	0,0615	4,0671	0,0068	0,0594	3,4650	-85,6589	
S _{4,6}	1,6058	0,0456	0,7384	2,4197	0,0656	5,9860	-0,0156	-0,0588	-1,5174	314,1460	
S _{4,7}	-0,0299	0,1105	-2,4824	0,9264	0,0706	-5,9078	0,0594	0,0594	21,8576	-428,4650	
S _{4,8}	1,2841	0,0150	1,3384	-0,8710	-0,0034	2,9955	-0,0439	0,0153	-1,5424	158,6460	
S _{4,9}	0,1458	-0,0015	-1,7174	1,7972	0,1698	9,2470	0,0302	0,0494	7,7909	358,5080	
S _{4,10}	-2,2666	-0,0778	-2,1424	-1,0952	-0,4034	-20,3856	-0,0622	-0,0363	-6,3757	-250,4920	
S _{5,6}	-0,5891	-0,0225	-0,8657	-0,6319	-0,0293	-0,3954	0,0135	-0,0996	-5,2090	85,3411	
S _{5,7}	-0,2850	-0,0146	2,1834	-1,0252	-0,0443	2,3956	-0,0281	-0,0113	-4,1340	248,0630	
S _{5,8}	-0,0708	-0,0451	2,7142	1,8572	-0,0984	7,5356	0,0052	-0,0155	-1,4340	457,1740	
S _{5,9}	-0,1891	-0,0128	-0,7915	-0,5644	0,0248	1,9271	-0,0206	0,0086	0,4992	-126,2980	
S _{5,10}	-0,1116	0,0879	-0,6465	1,9431	-0,0284	-0,7155	0,0968	0,0028	7,6325	-622,2980	
S _{6,7}	2,1258	0,0473	2,2434	0,6005	0,1898	7,9611	0,0293	0,0203	0,3825	325,8680	
S _{6,8}	-0,9400	-0,0941	0,8842	-1,6868	-0,0443	8,0311	0,0072	-0,0438	-9,0174	244,9800	
S _{6,9}	0,0816	0,0611	4,1084	1,0314	0,2890	18,4527	0,0031	0,0003	-3,3840	635,1740	
S _{6,10}	-0,2208	-0,0230	1,7734	0,4389	0,0456	4,4533	0,0056	-0,0255	2,0492	458,8420	
S _{7,8}	0,7341	0,0527	1,5134	0,0797	0,0306	-1,0977	-0,0289	0,0344	-2,0424	-511,9650	
S _{7,9}	-1,2941	-0,0439	0,7875	0,1981	-0,1559	0,5904	0,0452	-0,1113	-5,2090	134,5630	
S _{7,10}	0,6933	-0,0561	-2,3074	-1,9044	0,1006	-1,6171	-0,0772	0,0328	-4,9757	371,8970	
S _{8,9}	-0,4200	0,0135	-0,8015	-2,2293	0,0598	0,8521	-0,0014	0,0004	-0,0090	-114,9930	
S _{8,10}	-0,5724	0,0313	-0,6865	-0,2719	0,0565	-3,0155	-0,0439	-0,0013	0,8242	85,0073	
S _{9,10}	-1,4908	-0,0663	-1,6524	-3,3635	-0,0601	-4,6340	-0,0597	0,0128	-4,5424	-307,7980	
EP (s_{ij})	0,5209	0,0398	1,7784	1,9499	0,0591	3,8277	0,0401	0,0357	3,0280	153,0869	
EP ($s_{ij} - s_{ih}$)	0,7657	0,0595	2,6142	2,8663	0,0868	5,6265	0,0590	0,0524	4,4510	225,0279	
EP ($s_{ij} - s_{kl}$)	0,7301	0,0558	2,4925	2,7329	0,0828	5,3647	0,0562	0,0500	4,2439	214,5558	

¹ Análise realizada com dados transformados para $\sqrt{x+1}$.

Tabela 27. Número de plantas, média da produtividade de planta individual, variância fenotípica e coeficiente de variação genética para o dialelo 10 x 10 com 45 progênies F₂ e para cinco cruzamentos em cadeia. Soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Populações	Nº de cru- zamentos		Nº de plantas		PPI (g/planta)			Teste "t" ¹	Variância Fenotípica	Coeficiente de Variação Genética	
					Média	Máx.	Mín.			Absoluto (%)	% do Dialelo
Parentais	-	-	336	-	38,14	97	5	-	280,7897	-	-
Dialelo	45	-	2895	-	38,20	127	3	-	425,0317	31,4399	100
Em cadeia (C) ²											
C ₁ (1 x 5 x 7 x 9 x 10 x 4 x 8 x 2 x 3 x 6 x 1)	10		662		35,43	110	5	3,16**	355,4553	24,3887	77,56
C ₂ (1 x 7 x 8 x 5 x 6 x 2 x 10 x 3 x 9 x 4 x 1)	10		594		39,16	115	4	-1,02	471,4296	35,2585	112,21
C ₃ (1 x 2 x 8 x 10 x 5 x 7 x 6 x 9 x 4 x 3 x 1)	10		652		38,23	107	5	-0,10	403,0442	28,9219	91,99
C ₄ (1 x 10 x 9 x 3 x 8 x 6 x 4 x 5 x 2 x 7 x 1)	10		644		36,90	111	4	1,45	404,2090	30,1068	95,75
C ₅ (1 x 8 x 9 x 2 x 4 x 7 x 3 x 5 x 10 x 6 x 1)	10		625		41,57	126	4	-3,66**	483,8171	34,1920	108,75

¹ Valores estimados de "t" para comparação da média geral do dialelo com as médias dos respectivos cruzamentos em cadeia.

² Os números entre parênteses correspondem aos parentais e seus respectivos cruzamentos: 1 - Paraná; 2 - IAC-Foscarin-31; 3 - Coker 136; 4 - Primavera; 5 - Década; 6 - Forrest; 7 - FT 81-1835; 8 - SOC 81-79; 9 - Hale 321; 10 - Palmetto.

** = significativo ao nível de probabilidade de 1%.

FIGURAS

Figura 1. Umidade relativa do ar, temperaturas máxima e mínima e precipitação pluvial diária do período de outubro/86 a abril/87, no município de Piracicaba-SP.

Fonte: Departamento de Física e Meteorologia da ESALQ/USP.

Figura 2. Relações teóricas de dominância em termos de variância (V_i) das progênies do i -ésimo parental e da covariância (C_i) dessas progênies com o parental não recorrente.

Fonte: HAYMAN (1954b).

Figura 3. Curvas de regressão das covariâncias (C_i) sobre as variâncias (V_i) e parábolas limite para três caracteres avaliados no florescimento. (Parentais: 1 - Paraná, 2 - IAC-Foscarin-31, 3 - Coker 136, 4 - Primavera, 5 - Década, 6 - Forrest, 7 - FT 81-1835, 8 - SOC 81-79, 9 - Hale 321 e 10 - Palmetto). Análise de Hayman para um dialeto 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Figura 4. Curvas de regressão das covariâncias (C_i) sobre as variâncias (V_i) e parábolas limite para três caracteres avaliados na maturidade. (Parentais: 1 - Paraná, 2 - IAC-Foscarin-31, 3 - Coker 136, 4 - Primavera, 5 - Década, 6 - Forrest, 7 - FT 81-1835, 8 - SOC 81-79, 9 - Hale 321 e 10 - Palmetto). Análise de Hayman para um dialelo 10 x 10 com 45 progenies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Figura 5. Curvas de regressão das covariâncias (C_i) sobre as variâncias (V_i) e parábolas limite para dois caracteres avaliados na maturidade. (Parentais: 1 - Paraná, 2 - IAC-Foscarin-31, 3 - Coker 136, 4 - Primavera, 5 - Dêcada, 6 - Forrest, 7 - FT 81-1835, 8 - SOC 81-79, 9 - Hale 321 e 10 - Palmetto). Análise de Hayman para um dialelo 10 x 10 com 45 progênies F_2 de soja precoce. Piracicaba, 1986/87.

Figura 6. Curvas de regressão das covariâncias (C_i) sobre as variâncias (V_i) e parábolas limite para dois caracteres avaliados na maturidade. (Parentais: 1 - Paraná, 2 - IAC-Foscarin-31, 3 - Coker 136, 4 - Primavera, 5 - Década, 6 - Forrest, 7 - FT 81-1835, 8 - SOC 81-79, 9 - Hale 321 e 10 - Palmetto). Análise de Hayman para um dialeto 10 x 10 com 45 progênies F_2 de so já precoce. Piracicaba, 1986/87.

Figura 7. Curvas de distribuição de frequências da produtividade de planta individual para 2895 plantas de 45 progênies F_2 de um dialelo 10 x 10, 662 plantas de dez progênies F_2 do esquema em cadeia nº 1, 625 plantas de dez progênies F_2 do esquema em cadeia nº 5, 3177 plantas de 50 progênies F_2 dos esquemas em cadeia nºs 1 a 5. Soja precoce, Piracicaba, 1986/87.

Figura 8. Esquema de cruzamento em cadeia para a formação de uma população básica a partir de dez parentais.

1 A seta indica a direção do pólen.

2 O número de ciclos de cruzamentos planta a planta pode ser um ou mais (geralmente 1 a 3) dependendo das disponibilidades do melhorista.