**PERSPECTIVAS PARA O MELHORAMENTO
DE LINHAGENS HOMOZIGÓTICAS DE
SOJA, COM ÊNFASE EM PRODUÇÃO DE
GRÃOS E TEOR DE PROTEÍNA**

LUÍS CLÁUDIO PRADO
Engenheiro agrônomo

Orientador: Prof. Dr. ISAIAS OLÍVIO GERALDI

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

P I R A C I C A B A
Estado de São Paulo - Brasil
Outubro - 1994

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

Prado, Luis Cláudio

P896p Perspectivas para o melhoramento de linhagens homo-
zigóticas de soja, com ênfase em produção de grãos e
teor de proteína. Piracicaba, 1994.
128p. ilustr.

Diss.(Mestre) - ESALQ
Bibliografia.

1. Grão - Produção 2. Soja - Melhoramento 3. Soja -
Teor de proteína I. Escola Superior de Agricultura
Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD 633.34

ACERVO DE DOCUMENTAÇÃO
BIBLIOTECA

PERSPECTIVAS PARA O MELHORAMENTO
DE LINHAGENS HOMOZIGÓTICAS DE
SOJA, COM ÊNFASE EM PRODUÇÃO DE
GRÃOS E TEOR DE PROTEÍNA

LUÍS CLÁUDIO PRADO

Aprovada em: 14/12/94

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi

ESALQ/USP

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

ESALQ/USP

Dr. José Francisco Ferraz de Toledo

CNPSO/EMBRAPA

Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi
Orientador

aos meus irmãos,
Júnior e Luís Antônio

OFEREÇO

Aos meus pais,
Carlos Alberto Prado e
Maria Lúcia Borges Prado

DEDICO

AGRADECIMENTOS

- À Deus pela força, fé e presença constante.
- Ao Prof. Dr. Isaias Olívio Geraldi pela amizade, orientação, confiança, apoio e colaboração neste trabalho.
- À CAPES pela bolsa de estudos fornecida no período de março de 1992 a agosto de 1994.
- Ao Prof. Dr. Cláudio Lopes de Souza Júnior pela atenção dispensada durante a ausência do orientador.
- Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello e equipe pelo apoio na condução dos trabalhos que geraram esta pesquisa durante o afastamento do orientador.
- Aos professores do Departamento de Genética da ESALQ/USP, pelos ensinamentos e atenção.
- Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e ao Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA) pelo apoio financeiro na fase inicial deste programa.
- Aos funcionários do Laboratório de Soja, José Roberto Alonso e Osmair José da Silva; pelo apoio, amizade e dedicação na realização dos trabalhos de campo e de laboratório.

- Às funcionárias da Biblioteca do Departamento de Genética da ESALQ, Silvana Marchizelli Gregório e Aparecida Elisabeth Santos da Silva pela atenção, amizade e presteza.
- Aos funcionários e colegas do Departamento de Genética que contribuíram para que este trabalho fosse completado.
- Ao amigo Nelson da Silva Fonseca Júnior pela constante preocupação e ajuda na realização das análises estatísticas.
- Aos meus pais Carlos Alberto Prado e Maria Lúcia Borges Prado pelo carinho, paciência, estímulo e apoio indispensável, o qual tornou possível a realização deste curso.
- Aos amigos de República, Hélio Spinelli Cintra, Leonardo Pires Ramos e Marcelo Luiz Manna de Souza Melo pela amizade, apoio e paciência.
- Aos amigos do Curso de Pós-graduação que dividiram comigo alegrias e tristezas.
- À todas amigas pelo apoio direto ou indireto para a realização deste trabalho.

S U M Á R I O

Páginas

RESUMO	vii
SUMMARY	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	5
2.1 Aspectos quantitativos	5
2.1.1 Herdabilidades	7
2.1.2 Correlações genéticas	11
2.2 Melhoramento para teor de proteína em soja	16
2.3 Método do SSD (Single Seed Descent)	25
3. MATERIAL E MÉTODOS	29
3.1 Material genético	29
3.2 Caracterização do ambiente	31
3.3 Execução experimental	32
3.3.1 Método de melhoramento	32
3.3.2 Delineamento e características do experimento	33

3.3.3	Caracteres avaliados	35
3.3.4	Análises de variância	37
3.3.5	Estimativas dos componentes de vari- ância e dos parâmetros derivados	41
3.3.6	Análise de covariância e cálculo dos coeficientes de correlação genética ...	42
3.3.7	Progresso esperado com seleção entre linhagens	45
3.3.8	Precisão das estimativas	46
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	50
4.1	Análise de variância	51
4.2	Análises genéticas	56
4.2.1	Produção de grãos	56
4.2.2	Teor de proteína	58
4.2.3	Teor de óleo	60
4.2.4	Altura da planta na maturação	62
4.2.5	Número de dias para a maturação	64
4.2.6	Acamamento	66
4.2.7	Número de dias para o florescimento	67
4.2.8	Altura da planta no florescimento	69
4.3	Correlação entre caracteres	71
4.4	Análise final dos dados	76
5.	CONCLUSÕES	81
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	84
	TABELAS	95

PERSPECTIVAS PARA O MELHORAMENTO DE LINHAGENS HOMOZIGÓTICAS DE SOJA, COM ÊNFASE EM PRODUÇÃO DE GRÃOS E TEOR DE PROTEÍNA

Autor: LUÍS CLÁUDIO PRADO

Orientador: Prof. Dr. ISAIAS OLÍVIO GERALDI

RESUMO

No melhoramento da soja [*Glycine max* (L.) Merrill] tem sido dada ênfase, principalmente, a caracteres como produção de grãos e outros de interesse agrônômico. Pouca ênfase tem sido dada ao teor de proteína, embora este seja um dos principais produtos extraídos da soja, sendo esta, ainda a espécie cultivada que apresenta o maior teor de proteína.

O objetivo deste trabalho foi a avaliação de quatro cruzamentos biparentais de soja em gerações avançadas (F₈), conduzidas pelo método SSD, visando a seleção de genótipos superiores para teor de proteína e produção de grãos simultaneamente e, paralelamente, realizar estudos básicos baseados na estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos com intuito de estabelecer estratégias para o melhoramento conjunto dos dois caracteres.

Para os quatro cruzamentos foram realizados experimentos em blocos ao acaso com três repetições de 360

linhagens F₈; dois cruzamentos foram representados por 100 linhagens e os outros dois por 80 linhagens cada um. Os experimentos foram conduzidos em Piracicaba (SP), com latitude 22°42'S, longitude 47°38'O e altitude 537m. Avaliaram-se os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM), altura da planta na maturação (AM) e acamamento (AC).

O caráter produção de grãos apresentou em três dos quatro cruzamentos, médias superiores a das cinco testemunhas, indicando a possibilidade de progresso com seleção em todos os quatro cruzamentos.

Os quatro cruzamentos exibiram ainda alta variabilidade para a maioria dos caracteres, com exceção do número de dias para a maturação (DM) e teor de proteína (TP). Para a produção de grãos, obtiveram-se coeficientes de herdabilidade entre médias de linhagens da ordem de 50% e, conseqüentemente, estimativas de progressos esperados da ordem de 30%, com 10% de intensidade de seleção, nos quatro cruzamentos. Para o teor de óleo, o coeficiente de herdabilidade foi da ordem de 70%, com exceção de um cruzamento (46%), possibilitando, também, a obtenção de progressos substanciais com seleção. Para teor de proteína foi possível a obtenção de estimativa com boa precisão de herdabilidade em apenas um cruzamento; novamente, a

herdabilidade foi alta (61%), e, conseqüentemente, o progresso esperado com seleção também foi alto.

As correlações genéticas aditivas foram discrepantes entre os diferentes cruzamentos, indicando a necessidade de diferentes procedimentos para cada cruzamento. O cruzamento 1 (OC-79230 X BR-80-8858) mostrou-se apropriado para o melhoramento simultâneo para produção de grãos e teor de proteína. Os cruzamentos 3 e 4 (BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235) mostraram-se apropriados para o melhoramento simultâneo para produção de grãos e teor de óleo. Finalmente, o cruzamento 2 (BR-80-8858 X BR-80-14853) mostrou-se apropriado somente ao melhoramento para produção de grão. Evidentemente, os demais caracteres agronômicos, também devem ser levados em conta no processo de seleção.

Breeding perspectives of soybean inbred lines for seed yield and protein content

Author: LUÍS CLÁUDIO PRADO

Adviser: Prof. Dr. ISAIAS OLÍVIO GERALDI

SUMMARY

The main priorities in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] breeding programs has been seed yield and others traits as lodging, plant height, disease and insect resistance. Protein content has almost not been considered, although soybeans has the highest protein content among the crop species.

Four single crosses of soybeans at F_{7:8} generation were evaluated for seed yield, protein content, oil content and other traits. The main objectives were the estimation of genetic and phenotypic parameters aiming the selection for seed yield and protein content, simultaneously.

Evaluation trials were carried out at Piracicaba (SP) in 1993/94 at latitude 22°42'S, longitude 47°38'W and altitude 537m. Material used comprised 100 random inbred lines for crosses OC-79230 X BR-80-8858 and BR-80-8858 X BR-80-14853, and 80 random inbred lines for crosses BR-80-14853 X PI-165896 and BR-80-14853 X PI-239235. The entries plus the checks were evaluated in

a completely randomized block design with three replications for each cross.

Three out four crosses showed higher yields than the checks. High genetic variability was observed for most of the traits, except for days to maturity. Consequently, the coefficients of heritability were very high for most of traits; i. e., on the average, 53% for seed yield, 66% for oil content and 61% for protein content. Expected responses based on 10% of selection intensity were 28%, 3% and 5% for the three traits, respectively.

The additive genetic correlation among traits were not consistent for different crosses. Thus, we suggest different procedures for the four populations, relative to the breeding for seed yield, protein content and oil content. For cross 1 (OC-79230 X BR-80-8858), selection for seed yield and protein content; for crosses 3 and 4 (BR-80-14853 X PI-165896 and BR-80-14853 X PI-239235), selection for seed yield and oil content; and for cross 2 (BR-80-8858 X BR-80-14853), selection for seed yield, only. Obviously, other traits, such as lodging, days at maturity, plant height, etc need to be taking into account.

1. INTRODUÇÃO

A soja cultivada [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das espécies mais importantes social e economicamente. Segundo o Foreign Agricultural Service¹, citado por FEHR (1987), a soja é responsável por 60% do suprimento de proteína de origem vegetal no mundo e 30% do óleo. A proteína é utilizada principalmente para a formulação de concentrados para alimentação animal, mas também, é utilizado em vários produtos industriais.

Nos longos anos de melhoramento da soja, têm-se levado em conta, principalmente, a produção de grãos e outros caracteres agronômicos, ficando o caráter teor de proteína relegado a um segundo plano. Como normalmente há correlação negativa da produção de grãos e do teor de óleo com teor de proteína, este caráter tem mostrado tendência de decréscimo, na medida em que cultivares antigos são substituídos por cultivares modernos mais produtivos.

¹ Foreign Agricultural Service, 1985. Foreign agricultural circular FOP-1-85, USDA, Washington, D.C.

Tem havido crescente interesse em aumentar o teor protéico da semente (em torno de 40%), a patamares superiores (em torno de até 50%, baseado em genótipos não adaptados), bem como, reduzir sua pobreza em aminoácidos sulfurados, como a metionina e cistina.

Com a crescente carência alimentar pela qual passa o mundo, há a necessidade de se fornecer alimentos com alto teor de proteína, a baixo custo e de boa qualidade. A soja encaixa-se muito bem neste quadro, pois é a espécie cultivada que apresenta o maior teor de proteína. Isto mostra que é importante nos trabalhos de melhoramento, o desenvolvimento de cultivares com alto teor de proteína.

Atualmente o Brasil ocupa posição de destaque na produção mundial. Em 1940/41, a soja no Brasil atingiu uma produção de 457 toneladas em uma área de 702 ha, com uma produtividade de 651 kg/ha (Bonato², citado por MOREIRA, 1992). No período de 1987 a 1992, a soja, no Brasil, apresentou certa instabilidade na área colhida, na produção de grãos e, conseqüentemente, na produtividade média. Em 1987 foram colhidos 9.134 mil ha; em 1989, 12.211 mil ha e em 1992, 9.419 mil ha. A produção total

² BONATO, E.R. & BONATO, A.L.V. A soja no Brasil: história e estatística. Londrina, EMBRAPA - CNPSo, 1987. 61P. (Documento, 21).

foi de 16.969 mil toneladas em 1987, 24.071 mil toneladas em 1989 e de 19.161 mil toneladas em 1992. As produtividades médias em 1987, 1989 e 1992, foi de 1.858, 1.971 e 2.034 kg/ha, respectivamente (FAO Production Yearbook, 1988 a 1993). Apesar da flutuação, a soja permaneceu em segundo lugar entre as espécies vegetais mais importantes, no Brasil, perdendo apenas para o milho.

Observando estas produções, só em 1992, o Brasil produziu 7.664 mil toneladas de proteína. Se o teor de proteína dos cultivares fosse aumentado em dois pontos percentuais, o Brasil poderia produzir 384 mil toneladas de proteína a mais, um valor adicional considerável, sem aumentar a área ou os custos de produção.

Este trabalho integra o Programa de Soja do Setor de Genética Aplicadas às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo, que entre seus objetivos visa desenvolver novos genótipos de soja com alto teor de proteína e alta produção de grãos, para utilização em plantios comerciais e, também, utilização destes em programas de melhoramento. Basicamente, os objetivos do presente trabalho compreendem os seguintes aspectos:

- a. Avaliação de quatro cruzamentos biparentais de soja em gerações avançadas (F_8), conduzidas pelo método SSD,

visando a seleção de genótipos superiores para teor de proteína e produção de grãos simultaneamente;

- b. Fazer estudos básicos de estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos com o intuito de estabelecer estratégias para o melhoramento conjunto para ambos os caracteres, bem como outros de interesse agrônomo e econômico.

2. REVISÃO DE LITERATURA

Os trabalhos de melhoramento genético de qualquer espécie vegetal devem estar alicerçados no conhecimento detalhado de suas características botânicas e agrônômicas e respectivo controle genético, bem como, principalmente, nas informações sobre natureza e quantidade da variabilidade genética disponível para cada caráter importante. Disso depende a escolha acertada de parentais e do método de melhoramento mais eficiente (VERNETTI, 1983).

Nesta revisão são relatados três tópicos considerados essenciais para a abordagem do assunto em questão, lastreada por trabalhos e opiniões de diversos pesquisadores. Os tópicos são os seguintes: 1. Aspectos quantitativos; 2. Melhoramento para teor de proteína em soja e 3. Método SSD (Single Seed Descent).

2.1 Aspectos quantitativos

O estudo e entendimento dos caracteres quantitativos representam interesse primário para o

melhorista. Os caracteres quantitativos têm sido estudados desde o início da genética em soja, com o objetivo de encontrar um método mais eficiente de melhoramento e de seleção.

Estimativas da variância genética aditiva, do coeficiente de herdabilidade, do progresso esperado com seleção e correlações genéticas entre caracteres como produção de grãos, teor de proteína, teor de óleo, altura da planta, acamamento e número de dias para maturação são importantes, sendo utilizados efetivamente em programas de melhoramento de plantas.

BRIM & COCKERHAM (1961) e CROISSANT & TORRIE (1971) observaram que a variância genética aditiva foi o principal componente da variância genética para todas as características de importância econômica.

ISHIGE (1984) encontrou que os efeitos dos genes aditivos foram mais importantes para o teor de proteína que os efeitos de dominância e epistasia.

Uma análise foi feita por MCKENDRY et al. (1985), para investigar a herdabilidade do teor de proteína nas sementes em dois cruzamentos biparentais de soja. Observaram que os efeitos aditivos e dominantes foram significativos em ambos os cruzamentos. A dominância

pareceu estar direcionando o decréscimo do teor de proteína.

2.1.1 Herdabilidade

Herdabilidade é usualmente definida como uma parte da variância total ou fenotípica de um dado caráter, que é estritamente devido à variação genética.

HANSON (1963) estabelece que a estimativa da herdabilidade tem duas finalidades no melhoramento genético: a primeira, mostra com que facilidade diferentes características são selecionadas sobre um determinado método de seleção; e a segunda, visa a obtenção de estimativas com a finalidade de predizer ganhos com seleção.

DUDLEY & MOLL (1969) relataram que cada estimativa de herdabilidade no melhoramento de plantas diz respeito especificamente à população de genótipos para a qual foi estimada. Também, cada estimativa refere-se ao conjunto particular de ambientes e condições experimentais na qual os genótipos foram testados.

Os principais caracteres em soja apresentam altos coeficientes de herdabilidade, exceto a produção de

grãos que apresenta valores de herdabilidade de menor magnitude.

JOHNSON et al. (1955a) encontraram o valor do coeficiente de herdabilidade para produção de grãos igual a 0,35. Valor menor desta herdabilidade foi encontrada por KWON & TORRIE (1964). Um outro estudo realizado por SHANNON et al. (1972) mostrou uma ampla variação do coeficiente de herdabilidade para produção de grãos, de 0,16 a 0,73.

O coeficiente de herdabilidade do caráter teor de proteína foi estudado por JOHNSON et al. (1955a), que encontraram o valor desta herdabilidade igual a 0,60. KWON & TORRIE (1964) encontraram este valor igual a 0,57. FEHR & WEBER (1968) e SMITH & WEBER (1968) obtiveram, valores ainda maiores, da ordem de 0,77 e 0,88, respectivamente.

Entretanto, outros estudos mostraram uma considerável variação de resultados para os coeficientes de herdabilidade para teor de proteína; SHANNON et al. (1972) encontraram uma amplitude de 0,81 a 0,92, enquanto que, BRIM & BURTON (1979) obtiveram uma oscilação de 0,20 a 0,37. Como pode-se observar, o coeficiente de herdabilidade para o caráter teor de proteína apresenta uma ampla gama de variação.

Os altos valores de herdabilidade do caráter teor de proteína encontrados por THORNE & FEHR (1970), em

torno de 90,6%, sugerem que linhagens com altos teores de proteína podem ser selecionados a partir de populações envolvendo parentais exóticos.

Em populações derivadas de um cruzamento entre dois parentais com baixo teor de proteína e um outro cruzamento entre uma linhagem com alto teor de proteína e outra com baixo teor, SHORTER et al. (1976) encontraram estimativas de herdabilidade para este caráter iguais a 70% e 86%, respectivamente, para os dois cruzamentos.

Em seis estudos envolvendo 13 populações de linhagens tomadas ao acaso de cruzamentos biparentais e triplos, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para teor de proteína variaram de 39% a 92%. A herdabilidade média para populações de cruzamentos entre linhagens adaptadas com média de porcentagem de proteína inferior a 42% foi de 71%. A herdabilidade média para teor de proteína foi de 82% para populações oriundas de linhagens adaptadas onde um ou mais parentais tinham acima de 42% de proteína. Havia, também, dez populações que tinham germoplasma exótico (*Glycine Max* ou *G. soja*) na sua constituição; a herdabilidade média para teor de proteína nestas populações foi de 83% (BURTON, 1984).

JOHNSON et al (1955a) encontraram o coeficiente de herdabilidade para o teor de óleo da ordem de 0,70. Segundo os estudos realizados pelos seguintes

autores: BRIM et al. (1959), KWON & TORRIE (1964), FEHR & WEBER (1968), SMITH & WEBER (1968) e BURTON & BRIM (1981), os valores dos coeficientes de herdabilidade do teor de óleo oscilaram entre 0,28 e 0,89.

JOHNSON & BERNARD (1963) organizaram uma tabela de herdabilidades (em %) de alguns caracteres, quando a unidade de seleção são plantas F_2 e médias de F_4 ou linhas de gerações mais avançadas ($\overline{F_n}$). A seguir, a tabela adaptada:

Caráter	Unidade de seleção	
	$\hat{h}^2_{(F_2)}$	$\hat{h}^2_{(\overline{F_n})}^{(1)}$
Produção de grãos	5	38
Teor de proteína	25	63
Teor de óleo	30	67

(1): $n \geq 4$

Estimativas de herdabilidades têm grande utilidade para obtenção da estimação do progresso genético esperado com seleção. Até meados da década de 50, as estimativas de herdabilidades não estavam sendo utilizadas com esta finalidade (JOHNSON et al., 1955a).

2.1.2 Correlações genéticas

O conhecimento das correlações entre os caracteres é de relevante importância no melhoramento de plantas. Quando se pratica seleção em um caráter é importante saber como os demais são alterados indiretamente (FALCONER, 1989). Pode-se, se a correlação entre dois caracteres for alta, selecionar um caráter e obter a resposta no outro, principalmente, se este segundo caráter apresentar dificuldade de seleção e/ou baixa herdabilidade.

As correlações de muitos pares diferentes de caracteres têm sido estimadas, mas aqui é dada atenção especial às correlações envolvendo os três mais importantes caracteres para este trabalho, isto é, produção de grãos, teor de proteína e teor de óleo.

Produção de grãos e teor de proteína apresentam, normalmente, correlações genéticas negativas. Portanto, a seleção para um resulta no declínio do outro. Entretanto, esta correlação não tem sido muito consistente.

JOHNSON et al. (1955a), KWON & TORRIE (1964) e JOHNSON & BERNARD (1963), encontraram correlação genética entre produção de grãos e teor de proteína, da ordem de -0,64, -0,58 e -0,20, respectivamente. Entretanto, através

de outros estudos, diversos autores encontraram uma ampla variação da correlação genética entre estes dois caracteres: $r = 0,35$ a $-0,55$ (BYTH et al., 1969b), $r = 0,54$ a $-0,74$ (SIMPSON & WILCOX, 1983) e $r = -0,33$ a $-0,65$ (HOLBROOK et al., 1989).

Ao contrário, do que normalmente ocorre, alguns autores mencionam a presença de correlação genética positiva entre produção de grãos e teor de proteína, como alguns já citados anteriormente.

Monteverde³, citado por BURTON (1989), observou correlações genéticas positivas com valores iguais a 0,50, 0,33 e 0,59 entre produção de grãos e teor de proteína, em três grupos de linhagens F_3 derivadas do cruzamento entre a cultivar 'Roanoke' e três linhagens que foram relativamente superiores em teor de proteína e produção de grãos.

SHANNON et al. (1972) estudaram seis populações de soja derivadas do cruzamento de quatro linhagens, sendo duas de alto teor de proteína e duas de alta produção de grãos. Os valores das correlações

³ MONTEVERDE, E. Phenotypic and genotypic correlations between yield, protein and oil contents and others characters in soybean (*Glycine max*). Revista de Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela 13: 183-214. 1984.

genéticas entre produção, proteína e óleo estão apresentadas no quadro a seguir. Entre outros aspectos, constatou-se que nas populações derivadas de alguns cruzamentos não havia correlação entre teor de proteína e produção de grãos, indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores para estes dois caracteres.

Populações	Correlações Genéticas		
	TP X PG	TP X TÔ	PG X TO
Prot. 1 X Prot. 2	-0,28	-0,64	0,24
Prot. 1 X Prod. 1		-0,62	
Prot. 1 X Prod. 2	-0,07	-0,92	0,07
Prot. 2 X Prod. 1	-0,05	-0,46	0,21
Prot. 2 X Prod. 2	-0,55	-0,57	0,08
Prod. 1 X Prod. 2	0,61	-0,62	-0,08

A ampla gama de correlações genéticas entre teor de proteína e produção de grãos, citadas na literatura, indicam ser possível o desenvolvimento de cultivares com alta produção de grãos e com alto teor de proteína (BURTON, 1984).

A correlação genética entre produção de grãos e teor de óleo, tem sido observada como positivas ou

nulas. KWON & TORRIE (1964) encontraram para esta correlação um valor igual a 0,07, enquanto que, BYTH et al. (1969b) observaram uma variação na magnitude da correlação genética para estes dois caracteres, entre 0,45 a -0,03.

A correlação genética negativa entre teor de óleo e teor de proteína tem sido observada por vários pesquisadores.

HANSON et al. (1961a), JOHNSON & BERNARD (1963), KWON & TORRIE (1964), HARTWIG (1969) e MILLER & FEHR (1979) encontraram, respectivamente, correlação genética de -0,54, -0,60, -0,66, -0,80 e -0,66 entre teor de óleo e teor de proteína. Outros autores encontraram uma ampla oscilação dos valores da correlação entre estes dois caracteres: $r = -0,26$ a $-0,74$ (WEISS et al., 1952), $r = -0,48$ a $-0,70$ (JOHNSON et al., 1955b), $r = -0,65$ a $-0,77$ (HARTWIG & COLLINS, 1962) e $r = -0,15$ a $-0,96$ (SIMPSON & WILCOX, 1983).

LAM-SÁNCHEZ et al. (1989) trabalhando no Brasil, encontraram uma correlação genética negativa entre teor de proteína e teor de óleo da ordem de -0,24.

Os estudos realizados por KROBER & CARTTER (1962) indicam que um aumento no teor de proteína,

geralmente significa a redução de 1,6 a 2 vezes esse valor, no teor de óleo.

Os estudos realizados por SEBERN & LAMBERT (1984) sintetizados no quadro abaixo, indicam a dificuldade do desenvolvimento de um cultivar com alta produção de grãos e também, com alto teor de proteína e de óleo.

CORRELAÇÕES GENÉTICAS			
Geração	TP X PG	TP X TO	PG X TO
<hr/>			
<u>População A</u>			
F ₄	-0,23	-0,44	-0,39
F ₆	-0,58	-0,18	-0,02
 <u>População B</u>			
F ₄	-0,25	-0,11	0,29
F ₆	-0,47	-0,20	0,17

A densidade de sementes de soja, foi muito utilizada para a seleção de genótipos com altos teores de proteína e óleo. SMITH & WEBER (1968) encontraram correlações genéticas entre densidade de sementes e teor de proteína e teor de óleo, da ordem de 0,70 e - 0,99, respectivamente.

Segundo FEHR & WEBER (1968), as correlações genéticas entre densidade de sementes e teor de proteína e densidade de sementes e teor de óleo foram de 0,18 e - 0,38, respectivamente.

Há poucos trabalhos realizados, relacionando produção de grãos e, principalmente, teor de proteína, para as condições brasileiras. Portanto, a obtenção de informações a respeito da correlação entre estes dois caracteres é de fundamental importância para a condução de trabalhos de melhoramento.

2.2 Melhoramento para teor de proteína em soja

Os cultivares atualmente recomendados para plantio no Brasil foram selecionados principalmente para produção de grãos e teor de óleo. Como estes dois caracteres são normalmente negativamente correlacionados com o teor de proteína, como já foi mencionado anteriormente, este tem-se mantido em níveis baixos (em torno de 40%), em comparação com o teor potencial (em torno de 50%) nos materiais não adaptados.

É esperado que as cultivares futuras de soja, tenham uma maior porcentagem de proteína que as cultivadas atualmente. Entretanto, em adição ao maior teor de proteína, estas cultivares precisam ser tão ou mais

produtivas, e ter adequadas resistências às doenças e condições ambientais adversas (HARTWIG, 1969).

É muito importante a uniformização das amostras de sementes de soja onde serão realizadas as análises do teor de proteína e teor de óleo. COLLINS & CARTTER (1956) e BRIM et al. (1967) encontraram que as sementes da metade inferior das plantas de soja continham significativamente menos proteína e mais óleo que as sementes da metade superior.

Os métodos de melhoramento empregados para aumentar o teor de proteína em soja têm utilizados cruzamentos entre plantas introduzidas com altos teores de proteína e cultivares adaptados com altos rendimentos de grãos.

O conhecimento do desempenho dos parentais é importante para o desenvolvimento de populações para seleção de linhagens para alto teor de proteína e óleo.

Introduções de plantas com altos teores de proteína têm sido desejáveis nas coleções de soja mundiais. Estas são, normalmente, denominadas de linhagens exóticas, podendo ser úteis como fonte de variabilidade.

THORNE & FEHR (1970) estudaram germoplasmas exóticos com alto teor de proteína como fonte de variabilidade para proteína e óleo, em populações de soja

derivadas de cruzamentos simples (adaptado X exótico) e cruzamentos triplos [(adaptado X exótico) X cultivar com alto teor de proteína]. Os cruzamentos triplos produziram maior número de linhagens superiores para proteína e óleo que os cruzamentos duplos, refletindo a influência dos genes para alta proteína da cultivar.

Segundo SHANNON et al. (1972), o progresso tem sido lento no desenvolvimento de linhagens com características agronômicas desejáveis e produção de grãos a partir de variedades cruzadas com plantas introduzidas com alto teor de proteína. Isto pode ser devido a correlação negativa entre produção de grãos e teor de proteína ou simplesmente, devido a maior dificuldade de combinação favorável dos genes afetando ambas características.

Uma estratégia possível para desenvolver cultivares com alta produção de grãos e alto teor de proteína é a transferência de genes responsáveis pela alta concentração de proteína para cultivares com alta produção de grãos, via retrocruzamento.

HARTWIG & HINSON (1972) realizaram o retrocruzamento de uma linhagem não-adaptada com alto teor de proteína e o cultivar 'Bragg' como parental recorrente. Selecionado para baixo teor de óleo obtiveram uma linhagem na segunda geração de retrocruzamento a qual, comparada

com 'Bragg', foi 10% superior em teor de proteína e apenas 3,5% menos produtiva.

Após dois ciclos de retrocruzamentos de uma planta introduzida com alto teor de proteína para três diferentes parentais recorrentes com alta produção de grãos; 15%, 22% e 19% das linhagens foram significativamente superiores para proteína e não significativamente diferentes para produção de grãos em relação aos três parentais recorrentes (WEHRMANN et al., 1987).

CAPUNO (1986) comparou o cruzamento biparental e o retrocruzamento para aumentar a produção de grãos da 'Vinton 81' tentando manter o teor de proteína constante a nível moderadamente alto. Três cultivares de alta produção foram utilizados como parentais recorrentes. Quando linhagens F_5 dos cruzamentos biparentais e linhagens RC_1F_4 foram avaliadas com os parentais, apenas duas linhagens dos cruzamentos simples e nenhuma dos retrocruzamentos foram superiores em produção e igual ao teor de proteína da 'Vinton 81'.

A seleção recorrente não é normalmente utilizada em culturas autógamas, principalmente a soja, devido ao custo associado aos cruzamentos de progênie de plantas selecionadas e o baixo número de sementes produzidas por cruzamento.

Uma redução na produtividade de grãos em genótipos com alto teor de proteína seria considerada consistente com a correlação genética negativa entre teor de proteína e produção de grãos, já notificada por vários autores. Entretanto, BRIM (1963) não observou redução na produção de grãos, mas um aumento no teor de proteína, após quatro ciclos de seleção recorrente para alto teor de proteína em uma população de soja.

Programas de seleção recorrente têm tido aplicações limitadas no melhoramento de soja. BRIM & STUBER (1973) descreveram um método de seleção para a soja que elimina a polinização manual.

BRIM & BURTON (1979) obtiveram sucesso no aumento do teor de proteína em sementes de soja, sem uma redução significativa na produção de grãos, utilizando dois ciclos de seleção recorrente. Estes sugerem uma estratégia viável para aumentar o teor de proteína sem a conseqüente redução do rendimento de grãos, onde realiza-se dois ou três ciclos de seleção recorrente para teor de proteína seguida de um ciclo de seleção recorrente para produção de grãos.

A seleção recorrente oferece consideráveis promessas como um método efetivo de melhoramento para caracteres econômicos (KENWORTHY & BRIM, 1979).

MILLER & FEHR (1979) avaliaram a eficácia da seleção recorrente para teor de proteína em soja via seleção direta para teor de proteína e seleção indireta para baixo teor de óleo, e concluíram que a seleção indireta poderia ser utilizada para aumento do teor de proteína em soja, mas seria consideravelmente menos eficiente que a seleção direta.

Usando a seleção recorrente, para aumentar o teor de proteína, entre progênies S_1 de uma população derivada do cruzamento de 12 linhagens para alta concentração de proteína com 12 linhagens para alto rendimento de grãos, MILLER & FEHR (1979) conseguiram aumentar em 3,4% a média da população original com um ciclo de seleção.

KENWORTHY & BRIM (1979) observaram uma redução significativa da produção de grãos após três ciclos de seleção recorrente para teor de proteína, e em apenas uma população, observaram a redução do teor de proteína após três ciclos de seleção recorrente para produção de grãos. Portanto, parece que o teor de proteína teve um maior efeito negativo sobre a produção de grãos que a situação inversa.

KELLY & BLISS (1975), trabalhando com feijão, têm sugerido a seleção de famílias para produção de grãos

seguida por uma seleção individual dentro de famílias para teor de proteína.

Através da seleção massal para alta e baixa densidade de sementes, realizada em duas populações de soja, SMITH & WEBER (1968) observaram que quando selecionavam as sementes para alta densidade, o teor de proteína aumentava e o teor de óleo reduzia e, quando faziam a seleção para baixa densidade, o inverso ocorria.

Normalmente os melhoristas não acreditam na seleção precoce para aumentar o teor de proteína em soja, entretanto, SEBERN & LAMBERT (1984) observaram que a maioria das linhas testadas para teor de proteína estabilizaram-se em gerações iniciais, e encontraram uma significativa correlação entre as gerações iniciais e gerações subseqüentes para teor de proteína, indicando que a seleção precoce de plantas ou linhas é aplicável.

FEHR & WEBER (1968) realizaram três ciclos de seleção massal para tamanho de sementes e densidade de sementes e, demonstraram que o máximo progresso para teor de proteína ocorria quando selecionava-se sementes grandes e com alta densidade. A seleção de sementes pequenas e com baixa densidade resultou em máximo progresso para teor de óleo.

A separação por densidade foi estudada por HARTWIG & COLLINS (1962) e concluíram que a seleção de plantas com baixa densidade das sementes resultou em aumento da frequência de linhas com alto teor de óleo, por outro lado, selecionando plantas com alta densidade nas sementes, resultou em aumento na frequência de progênie com alto teor de proteína.

A densidade do óleo de soja é aproximadamente $0,93 \text{ g/cm}^3$ e a densidade da porção não oleosa da semente de soja é estimada entre $1,3$ a $1,4 \text{ g/cm}^3$. O óleo e a proteína juntos perfazem de 60 a 65% do peso seco nas sementes de soja. Com base nas diferenças de densidades das porções oleosas e não-oleosas das sementes, é possível classificar as sementes de plantas em populações segregantes, com base na densidade, e portanto, selecionar plantas com maior teor de proteína ou maior teor de óleo (HARTWIG, 1969).

Uma outra técnica utilizada para melhoramento do teor de proteína e demais caracteres agronômicos em soja é a utilização de seleção por índices. HAZEL (1943) sugeriu um método de construção de índices o qual proporcionava o máximo avanço na seleção. Na construção do índice, é necessário o conhecimento de três constantes (1) valor econômico relativo de cada caráter, (2) as variâncias genéticas e fenotípicas de cada caráter e (3)

as covariâncias genéticas e fenotípicas de cada par de caracteres.

BRIM et al. (1959) compararam índices onde vários pesos foram atribuídos para teor de proteína e teor de óleo e, concluíram que a seleção simultânea para teor de proteína e produção de grãos foi equivalente ou superior em valores econômicos em relação à seleção individual para teor de proteína.

KEMPTHORNE & NODSKOG (1959) desenvolveram a teoria do índice de seleção onde o ganho genético é maximizado em um ou mais caracteres, enquanto o ganho genético restringe-se a zero em outro grupo de um ou mais caracteres.

OPENSHAW & HADLEY (1984) examinaram a efetividade de vários índices de seleção destinados a aumentar a concentração de proteína da soja, mantendo o teor de óleo constantes.

O progresso tem sido lento, no desenvolvimento de cultivares com alta concentração de proteína e alta produção de grãos. Isto é devido à correlação genética negativa entre estes dois caracteres e a dificuldade de selecionar simultaneamente combinações com alto teor de proteína e produção de grãos para o grande número de genes controlando estes caracteres. O uso da seleção por índices

restritos, parece ser o mais promissor método para aumento da produção de grãos e manter constante a alta concentração de proteína (HOLBROOK et al., 1989).

Os trabalhos de pesquisa demonstram ser possível o melhoramento para aumentar a quantidade e qualidade da proteína da soja, sem sacrificar o desempenho dos caracteres agrônômicos. Entretanto, é necessário incentivos econômicos neste sentido, visto que hoje, a importância é dada, prioritariamente à produção. Se aos produtores fossem pagos um prêmio pela produção de proteína, a demanda por cultivares com esta característica seria aumentada e haveria uma pressão maior sobre os melhoristas por novos cultivares. No futuro, a soja, provavelmente será comercializada de acordo com sua constituição química (proteína e óleo), assim como, já ocorre com o trigo e a cana-de-açúcar.

2.3 Método SSD (Single Seed Descent)

O tamanho e número de populações que podem ser avaliados para determinados caracteres, assim como, os objetivos primários de um programa de melhoramento, são condições de interesse quando da escolha do método de melhoramento de plantas.

O método SSD consiste no avanço rápido das gerações sem seleção natural e sem seleção artificial. O conceito de rápido avanço de gerações, alcançando a homozigose em quantas linhagens fosse possível, sem seleção, foi proposto por Goulden (1941), que não utilizou o termo "single seed descent" para descrever o seu processo, embora utilizando o termo "progenies of single plants" que não ficou consagrado (JENSEN, 1988).

A primeira citação na literatura do termo Single Seed Descent, para descrever o avanço rápido de um grande número de plantas F_2 até a geração F_5 , sem a extração de linhagens, como um método de melhoramento em soja, foi feita por JOHNSON & BERNARD (1962).

BRIM (1966) descreveu o método do SSD como sendo uma modificação do método genealógico e relata que a aplicação do SSD está diretamente ligada à predominância da variância genética aditiva para os caracteres em questão.

Segundo BRIGGS & KNOWLES (1967), quando o melhorista está tentando retirar o máximo de um ou poucos cruzamentos em pouco tempo, o método genealógico é a melhor escolha. Entretanto, várias modificações do método de linhas puras do melhoramento de plantas têm sido aplicadas em plantas autógamas.

EMPIG & FEHR (1971) avaliaram o SSD em comparação com outros três métodos para avançar gerações de populações de soja híbrida, para suas habilidades em manter genótipos superiores e variabilidade genética para caracteres agrônômicos e suas eficiências em tempo experimental. Eles encontraram que o SSD foi o método menos influenciado pela seleção natural e pode ser o mais útil método para certas condições, como casa de vegetação e avanço em outros locais no inverno, onde o genótipo exibe performance diferente das áreas de produção comercial.

BOERMA & COOPER (1975a) usaram quatro populações segregantes de soja para avaliar a seleção precoce, o método genealógico e o SSD. Eles concluíram que o SSD foi o método mais eficiente por causa do menor esforço de seleção, permitir o rápido avanço de populações segregantes, e a não utilização de testes caros para rendimento até as gerações avançadas onde estes teste são mais eficientes. Com base nos resultados, os autores sugeriram que o método SSD fosse usado em situações onde o objetivo principal é a seleção de linhagens com alta produtividade de grãos.

BOERMA & COOPER (1975b) usaram o SSD e o método genealógico para testar a efetividade da seleção precoce para produção de grãos em linhas heterozigotas de

soja. Em um dos quatro cruzamentos estudados, as linhas puras selecionadas por SSD foram significativamente superiores em rendimento e mais precoces que as linhas heterogêneas. Nos outros cruzamentos, não houve diferenças estatísticas para rendimento, embora as linhas puras foram usualmente mais precoces que as linhas heterogêneas.

BONETTI (1978) analisando o caráter teor de óleo nas sementes, estudou a seleção de sementes individuais em gerações iniciais através do Espectômetro de Ressonância Nuclear Magnética (NMR), método não destrutivo, e a sua possível incorporação ao método de melhoramento do SSD, reduzindo o número populacional pela eliminação de genótipos inferiores. As correlações existentes entre as sementes individuais e suas progênies para porcentagem de óleo, foram nulas ou baixas, indicando que a seleção precoce para teor de óleo nas sementes, baseada em sementes individuais, não é eficiente.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Em janeiro de 1987, realizaram-se cruzamentos dialélicos com oito parentais, os quais foram escolhidos, com base na avaliação realizada em cerca de 400 genótipos, a nível de campo e de laboratório (teor de proteína), correspondentes à coleção de soja mantida pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", da Universidade de São Paulo.

Os cinco genótipos selecionados, quanto ao teor de proteína e produção de grãos semelhantes aos cultivares recomendados para plantio, foram: Gaúcha, La-4910-215, OC-79230, BR-80-8858 e BR-80-14853. Os outros três genótipos parentais (PI-123439, PI-165896 e PI-239235) correspondem às introduções de plantas (PI) dos Estados Unidos da América e foram cedidos pela EMBRAPA. Estas introduções apresentam elevados teores de proteína, entretanto, são pouco adaptadas às condições ambientais brasileiras e, portanto, pouco produtivas. Na Tabela 1,

apresenta-se de forma sumarizada, algumas características dos parentais, envolvidos nos cruzamentos utilizados neste trabalho.

Com base nos resultados obtidos para teor de proteína e produção de grãos, da avaliação experimental da geração F₂, dos 28 cruzamentos, realizada no ano agrícola 1987/88, selecionaram-se os quatro cruzamentos mais promissores para estes caracteres. Estes cruzamentos compreendem o material utilizado neste trabalho. Os cruzamentos selecionados foram os seguintes:

- 1: OC-79230 X BR-80-8858
- 2: BR-80-8858 X BR-80-14853
- 3: BR-80-14853 X PI-165896
- 4: BR-80-14853 X PI-239235

A descrição dos genótipos utilizados nos cruzamentos selecionados (PIMENTEL, 1991), encontra-se a seguir:

A - OC-79230: Linhagem brasileira, proveniente da OCEPAR, com ciclo aproximado de 60 dias (florescimento), hábito de crescimento determinado, flor branca, semente amarela, pubescência cinza e hilo marrom.

- B - BR-80-8858: Linhagem brasileira, proveniente da EMBRAPA-CNPSo, com ciclo aproximado de 53 dias para florescimento, hábito de crescimento indeterminado, flor roxa, semente amarela, pubescência e hilo cinza.
- C - BR-80-14853: Linhagem brasileira proveniente da EMBRAPA-CNPSo, com ciclo aproximado para florescimento de 51 dias, hábito de crescimento indeterminado, flor roxa, semente verde, pubescência marrom e hilo preto.
- D - PI-165896: Linhagem norte-americana fornecida pelo Centro Nacional de Pesquisa de Soja (EMBRAPA), com ciclo aproximado de 47 dias para florescimento, hábito de crescimento determinado, flor roxa, semente preta, pubescência marrom e hilo preto.
- E - PI-239235: Linhagem norte-americana fornecida pela EMBRAPA-CNPSo, com ciclo de 55 dias para florescimento, hábito de crescimento indeterminado, flor branca, semente amarela, pubescência e hilo cinza.

3.2 Caracterização do ambiente

O estudo foi realizado, em solo do tipo terra roxa estruturada série "Luiz de Queiroz" (RANZANI et al., 1966), na área experimental do Departamento de Genética da

Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", no município de Piracicaba, SP, situada a $22^{\circ} 42' 30''$ de latitude sul, $47^{\circ} 38' 00''$ de longitude oeste e a 537m de altitude em relação ao nível do mar.

De acordo com a classificação climática de THORNTHWAITE para esta região, a fórmula climática resulta em C2rA'a', ou seja, clima úmido com pequeno déficit de água, megatérmico, e com vegetação o ano todo.

3.3 Execução experimental

3.3.1 Método de melhoramento

O método de melhoramento escolhido para a condução das sementes oriundas dos cruzamentos à homozigose, foi o SSD (Single Seed Descent), onde foi colhida uma semente de cada planta da geração F_2 à geração F_7 , para constituir a geração seguinte.

Para o avanço dos materiais foi utilizada uma geração por ano, colhendo-se, sempre, uma semente por planta. No ano agrícola de 1992/93, foram colhidas plantas individuais, na geração F_8 , isto é, plantas $F_{7:8}$, para realizar os experimentos com as linhagens homozigóticas oriundas dos cruzamentos selecionados, que constituiu o material básico deste estudo.

3.3.2 Delineamento e características do experimento

Dentro de cada um dos quatro cruzamentos selecionados havia número de plantas diferentes, que deram origem a um numero diferente de linhagens por cruzamento. Foi realizada uma seleção das plantas para número de sementes, visando obter numero suficiente de plantas para a realização deste trabalho.

Utilizou-se um delineamento em blocos ao acaso, onde o número de repetições foi igual a três. A parcela foi constituída de uma fileira de 1 m de comprimento com um espaçamento de 0,50 m e 13 plantas dentro da fileira no estande ideal.

O experimento foi instalado no campo experimental em 22 de novembro de 1993. Como o número de linhagens dentro de cruzamento era grande, as linhagens do mesmo cruzamento foram divididas em conjuntos, cada um deles constituído por 20 linhagens, os dois parentais e cinco testemunhas, que foram a IAC-12, IAC-Foscarin-31 e Bossier para produção de grãos, Biloxi e BR-80-14887 para teor de proteína. Os cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858 e BR-80-14853 X PI-165896 foram constituídos por quatro conjuntos nas duas primeiras repetições e três conjuntos na terceira repetição. Os cruzamentos BR-80-8858 X BR-80-14853 e BR-80-14853 X PI-239235 foram constituídos por

cinco conjuntos em duas repetições e por quatro conjuntos em três repetições.

O preparo do solo constou de uma aração profunda e duas gradagens. A abertura dos sulcos de plantio e a adubação utilizando-se 300 kg/ha da fórmula 4-20-20, foram realizadas simultaneamente, com um implemento adaptado para tal finalidade.

No momento da semeadura, que foi realizada manualmente, foi feito a inoculação das sementes com uma estirpe de *Bradyrhizobium japonicum*, pulverizando-se o sulco de plantio com uma solução do inoculante, seguida da semeadura e da cobertura dos sulcos.

Durante os primeiros dias após a semeadura houve a necessidade da realização da prática da irrigação, através de aspersores suspensos, no sentido de evitar falhas na germinação. Sempre que necessário, foi realizada a irrigação do campo experimental.

Foram realizadas pulverizações, quando necessárias, para o controle de insetos mastigadores e sugadores, principalmente o percevejo verde (*Nezara viridula* (L.), 1758) e a lagarta da soja (*Anticarsia gemmatalis* Hüber, 1818).

3.3.3 Caracteres avaliados

As observações foram realizadas nas linhagens homozigóticas, oriundas de uma única planta. Os caracteres avaliados foram os seguintes:

- DF: número de dias para o início do florescimento. Período que corresponde ao número de dias decorridos entre a semeadura e quando mais de 50% das plantas apresentavam flores. A determinação foi realizada por parcela em três repetições.
- AF: altura média das plantas da parcela em cm, no início do florescimento. Distância compreendida entre a base e o ápice da haste principal, nos primeiros dias do florescimento. Foram medidas cinco plantas por parcela em três repetições. Para a realização das análises estatísticas foram utilizadas a média da altura das cinco plantas.
- DM: número de dias para maturidade. Período que corresponde ao número de dias decorridos desde a semeadura até quando aproximadamente 95% das vagens das plantas apresentarem-se maduras. A determinação foi realizada por parcela em três repetições.
- AM: altura média das plantas da parcela em cm, na maturidade. Distância compreendida entre a base e o ápice da haste principal na época da maturidade. Foram

medidas cinco plantas por parcela em três repetições. Para a realização das análises estatísticas foi utilizada a média das alturas das cinco plantas.

- AC: acamamento. Avaliado na maturidade através de uma escala de notas visuais que varia de 1 a 5, onde a nota 1 corresponde a uma parcela com todas as plantas eretas e a nota 5 a uma parcela com todas as plantas acamadas. A avaliação foi realizada por parcela em três repetições.
- PG: produção de grãos. Avaliada na maturidade através do peso dos grãos (g) de cada parcela em três repetições.
- TP: teor de proteína. A determinação do teor de proteína (%) foi baseada na avaliação do nitrogênio total pelo método de Kjeldahl, a partir de farinha integral (grãos moídos sem extração do óleo) e com base no peso da matéria seca. Esta foi efetuada no laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP. A determinação foi realizada em uma amostra de sementes de cada parcela em duas repetições.
- TO: teor de óleo. A determinação do teor de óleo (%) foi efetuada no laboratório de Genética Fisiológica do Departamento de Genética da ESALQ/USP, utilizando-se o

método do NMR (Espectômetro de Ressonância Nuclear Magnética); Convênio FINEP/ EMBRAPA-UAPDIA/Genética-ESALQ-USP. A determinação foi realizada em uma amostra de sementes de cada parcela em duas repetições.

3.3.4 Análises de variância

As análises de variância foram realizadas para cada conjunto separadamente, bem como através do agrupamento das análises de variância dos conjuntos de um mesmo cruzamento. As análises foram efetuadas com o total de parcelas para o caráter produção de grãos e com médias de parcelas para os demais caracteres, sendo que para o acamamento os dados foram transformados para $\sqrt{X+1}$. As análises de covariância foram realizadas da mesma forma, considerando apenas, algumas combinações entre os oito caracteres. Inicialmente, foi realizada uma análise de variância em blocos ao acaso para cada conjunto de cada cruzamento. Posteriormente, os diferentes conjuntos de cada cruzamento foram agrupados em uma única análise.

As análises de variância individuais foram realizadas de acordo com o delineamento experimental empregado e com o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = m + t_i + r_j + e_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} é a observação referente ao tratamento "i" na repetição "j";

m é a média geral;

t_i é o efeito aleatório de tratamentos (linhagens);
 $i=1,2,3,\dots,T$;

r_j é o efeito aleatório de repetições; $j=1,2,3,\dots,R$;

e_{ij} é o erro experimental associado à parcela ij .

Segundo este modelo, o esquema da análise de variância é o seguinte:

FV	GL	QM	F	E (QM)
REPETIÇÕES	(R-1)	Q_3	Q_3/Q_1	$\sigma^2_E + T\sigma^2_r$
TRATAMENTOS	(T-1)	Q_2	Q_2/Q_1	$\sigma^2_E + R\sigma^2_t$
RESÍDUO	(R-1)(T-1)	Q_1		

Os graus de liberdade residuais freqüentemente são pouco menores do que o esperado com base no produto $(R-1)(T-1)$, devido à ocorrência de parcelas perdidas. Os processos estatísticos para a estimação de parcelas perdidas implicam na redução correspondente dos graus de liberdade do resíduo.

A análise combinada dos diferentes conjuntos de cada cruzamento seguem um esquema hierárquico, baseado no seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = m + t_{i(k)} + r_{j(k)} + c_k + e_{ij(k)}$$

Onde:

Y_{ijk} é a media do tratamento "i" da repetição "j" no conjunto "k";

c_k é o efeito de conjuntos; $k=1,2,3,\dots,C$;

Os demais parâmetros têm o mesmo significado do esquema anterior, sendo todos hierárquicos em relação ao efeito de conjuntos c_k .

Segundo este modelo, a análise de variância combinada toma a seguinte forma:

FV	GL	QM	F	E (QM)
CONJUNTOS	(C-1)			
REPETIÇÕES/CONJUNTOS	C (R-1)	Q ₃	Q ₃ /Q ₁	$\sigma^2_E + T\sigma^2_r$
TRATAMENTOS/CONJUNTOS	C (T-1)	Q ₂	Q ₂ /Q ₁	$\sigma^2_E + \bar{R}\sigma^2_t$
RESÍDUO MEDIO	C (R-1) (T-1)	Q ₁		

É importante ressaltar que o número de linhagens (tratamentos) variou entre os cruzamentos, variando portanto, o número de conjuntos por cruzamento, conforme descrito a seguir:

Cruzamentos	Número de conjuntos	Número de linhagens
1- OC-79230 X BR-80-8858	4	80
2- BR-80-8858 X BR-80-14853	5	100
3- BR-80-14853 X PI-165896	4	78
4- BR-80-14853 X PI-239235	5	97

Para a obtenção do número de repetições médio para uso na análise de variância combinada, utilizou-se a média harmônica do número de repetições, onde:

$\bar{R} = 2,67$ para os cruzamentos com quatro conjuntos;

$\bar{R} = 2,73$ para os cruzamentos com cinco conjuntos.

Para os caracteres produção de grãos (PG), número de dias para o florescimento (DF), número de dias para a maturação (DM), altura da planta no florescimento (AF), altura da planta na maturação (AM) e acamamento

(AC), foram avaliadas todas as linhagens possíveis nos quatro cruzamentos e em três repetições. Entretanto, para os caracteres teor de proteína (TP) e teor de óleo (TO) foram avaliadas apenas 60 linhagens (três conjuntos) por cruzamento e em apenas duas repetições. Todos estes fatores fazem com que o número de graus de liberdade varie entre cruzamentos e entre caracteres.

3.3.5 Estimativas dos componentes de variância e dos parâmetros derivados

Com base nas análises de variância combinadas foram estimados os seguintes parâmetros:

- Variância genética entre linhagens

$$\hat{\sigma}^2_L = \frac{(QM_T - QM_E)}{\bar{R}} = \hat{\sigma}^2_t$$

- Variância do erro experimental entre parcelas

$$\hat{\sigma}^2_E = QM_E$$

- Herdabilidade entre médias de parcelas

$$h^2_Y = \frac{\sigma_A^2}{(\sigma_A^2 + \frac{\sigma_E^2}{R})}$$

- Coeficiente de variação experimental

$$CV_E = \frac{\sqrt{\sigma_E^2}}{\bar{X}} 100$$

- Coeficiente de variação genético

$$CV_G = \frac{\sqrt{\sigma_G^2}}{\bar{X}} 100$$

Onde,

QM_T : quadrado médio entre tratamentos (linhagens);

QM_E : quadrado médio do erro experimental (resíduo);

$\bar{R}$: número médio de repetições;

σ_A^2 : variância genética aditiva entre linhagens;

σ_G^2 : variância genética entre linhagens ($\sigma_G^2 = \sigma_A^2$);

σ_E^2 : variância do erro experimental entre parcelas.

$\bar{X}$: média do caráter.

3.3.6 Análise de covariância e cálculo dos coeficientes de correlação genética

Foram estimados coeficientes de correlação genética aditiva para seis combinações dois a dois entre

os oito caracteres estudados (PG X TP, PG X TO, TP X TO, PG X DM, PG X AM e AM X AC).

As correlações foram estimadas através das estimativas das variâncias e das covariâncias. A obtenção da análise de covariância, para dois caracteres, foi feita com base nas análises de variância conjuntas para cada caráter e na análise de variância da soma dos dois caracteres, seguindo-se, sempre, a mesma estrutura em cada cruzamento, de acordo com KEMPTHORNE (1973).

$$PM_{L_{xy}} = \frac{1}{2} (QM_{L_z} - QM_{L_x} - QM_{L_y}) \quad e,$$

$$PM_{E_{xy}} = \frac{1}{2} (QM_{E_z} - QM_{E_x} - QM_{E_y})$$

Onde,

X e Y : caracteres em estudo;

Z : refere-se à soma dos dois (Z = X + Y);

QM_{L_z} : quadrado médio entre linhagens para a soma dos caracteres(X + Y);

QM_{E_z} : quadrado médio do erro experimental para a soma dos caracteres(X + Y);

QM_{L_x} : quadrado médio entre linhagens para o caráter X;

QM_{E_X} : quadrado médio do erro experimental para o caráter X;

QM_{L_Y} : quadrado médio entre linhagens para o caráter Y;

QM_{E_Y} : quadrado médio do erro experimental para o caráter Y;

$PM_{L_{XY}}$: produto médio entre linhagens entre os caracteres X e Y.

$PM_{E_{XY}}$: produto médio do erro experimental entre os caracteres X e Y.

A covariância genética (COV_G) e a covariância ambiental (COV_E) entre os caracteres X e Y, foram estimadas através das seguintes expressões, a partir das análises combinadas:

$$C\hat{O}V_G(xy) = \frac{(PM_{L_{XY}} - PM_{E_{XY}})}{R} = COV_{A_{XY}}$$

$$C\hat{O}V_E(xy) = PM_{E_{XY}}$$

Finalmente, foi estimado o coeficiente de correlação genética aditiva e o coeficiente de correlação fenotípica entre médias de progênies através das seguintes expressões:

$$r_{A(xy)} = \frac{COV_{A(xy)}}{\sqrt{\sigma_{A(x)}^2 \cdot \sigma_{A(y)}^2}}$$

$$r_{\bar{F}(xy)} = \frac{PM_{L(xy)}}{\sqrt{QM_{L(x)} \cdot QM_{L(y)}}}$$

Onde,

$r_{A(xy)}$: correlação genética aditiva entre os caracteres X e Y;

$r_{\bar{F}(xy)}$: correlação fenotípica entre médias de linhagens;

$\sigma_{A(x)}^2$: variância genética aditiva do caráter X;

$\sigma_{A(y)}^2$: variância genética aditiva do caráter Y.

3.3.7 Progresso esperado com seleção entre linhagens

O progresso genético (Gs) com a seleção entre médias de linhagens foi obtido através da expressão seguinte (FALCONER, 1989), considerando-se uma porcentagem de seleção de 10%.

$$Gs = i \frac{\sigma_A'}{\sqrt{\sigma_F^2}}$$

Onde,

σ_A^2 : variância genética aditiva;

i : diferencial de seleção estandarizado (i=1,755);

σ_F^2 : variância fenotípica entre médias de linhagens.

Foi, também, calculado o progresso com seleção em termos percentuais, da seguinte forma:

$$GS\% = \frac{Gs}{\bar{x}} 100$$

Onde,

$\bar{x}$: média das linhagens.

Foi considerada a seleção truncada para um caráter, para a obtenção dos valores do progresso com seleção. Embora, na prática, isto não ocorra, pois é feita a seleção para vários caracteres simultaneamente, isto foi feito para determinar o potencial de seleção para cada caráter.

3.3.8 Precisão das estimativas

As estimativas de variâncias genéticas e ambientais, coeficientes de herdabilidade e coeficientes de correlação foram testadas para verificar as precisões,

segundo a metodologia apresentada por VELLO & VENCovsky (1974) e VENCovsky & BARRIGA (1992).

- Erro associado à estimativa da variância genética aditiva entre linhagens

$$DP_L = \sqrt{\text{Var}(\sigma_A^2)}$$

$$\text{Var}(\sigma_A^2) = \frac{2}{r^2} \left[\left(\frac{QM_L^2}{gl_L + 2} \right) + \left(\frac{QM_E^2}{gl_E + 2} \right) \right]$$

- Erro associado à estimativa da variância do erro experimental

$$DP_E = \sqrt{\text{Var}(\sigma_E^2)}$$

$$\text{Var}(\sigma_E^2) = \frac{2QM_E^2}{gl_E + 2}$$

- Erro associado à estimativa do coeficiente de herdabilidade

$$DP_h^2 = \sqrt{\text{Var}(h^2)}$$

$$\text{Var}(h^2) = 2(1-h^2)^2 \left[\left(\frac{1}{gl_L + 2} \right) + \left(\frac{1}{gl_E + 2} \right) \right]$$

- Erro associado à estimativa do coeficiente de correlação genética aditiva

$$DP_{rA} = \sqrt{V\hat{a}r(r_A)}$$

$$\begin{aligned} V\hat{a}r(r_A) = & \frac{1}{gl_L r^2 t_1 t_2} \{ [1+(r-1)t_1] [1+(r-2)t_2 + rf^2] \} + \\ & + \frac{1}{gl_E r^2 t_1 t_2} [(1-t_1)(1-t_2) + rf^2] \end{aligned}$$

Onde,

r : número médio de repetições;

QM_L : quadrado médio entre linhagens;

QM_E : quadrado médio do erro experimental;

gl_L : graus de liberdade entre linhagens;

gl_E : graus de liberdade do erro experimental;

$$t_1 = \frac{\sigma_{A(x)}^2}{\sigma_{A(x)}^2 + \sigma_{E(x)}^2}$$

$$t_2 = \frac{\sigma_{A(y)}^2}{\sigma_{A(y)}^2 + \sigma_{E(y)}^2}$$

$$rf^2 = \frac{COV_{A(x)} + COV_{E(x)}}{\sqrt{(\sigma_{A_x}^2 + \sigma_{E_x}^2)(\sigma_{A_y}^2 + \sigma_{E_y}^2)}}$$

$\sigma_{A_x}^2$: variância genética aditiva do caráter X;

$\sigma_{A_y}^2$: variância genética aditiva do caráter Y;

$\sigma_{E_x}^2$: variância do erro experimental do caráter X;

$\sigma_{E_y}^2$: variância do erro experimental do caráter Y.

- Erro associado à estimativa da correlação fenotípica entre médias de progênies

Por se tratar de uma correlação fenotípica, esta foi testada utilizando-se a Tabela A-13, de STEEL & TORRIE (1980), com n-2 graus de liberdade.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Durante o período experimental, não ocorreu qualquer anomalia. Os desenvolvimentos vegetativo e reprodutivo foram normais. Foi obtida uma boa precisão experimental, conforme pode ser constatado abaixo.

Os coeficientes de variação experimental (CV_e) representam a precisão experimental. Portanto, quanto menor o valor do coeficiente de variação experimental, melhor à precisão do experimento. Na tabela 2, estão registrados os valores para os coeficientes de variação experimental (CV_e), para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura da planta na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF) e acamamento (AC), para os quatro cruzamentos, obtidos das análises de variância combinadas.

Foi possível agrupar os caracteres avaliados em três grupos, quanto à precisão experimental, nos quatro cruzamentos. Os caracteres que apresentaram a melhor

precisão experimental ou o menor coeficiente de variação experimental foram o teor de proteína, teor de óleo, número de dias para o florescimento e número de dias para a maturação, com CV_e em torno de 2% a 7%. Os caracteres que apresentaram os coeficientes de variação experimental intermediários, em torno de 9% a 13%, foram: acamamento, altura da planta no florescimento e altura da planta na maturação. Estes valores coincidem com os encontrados por ZIMBACK (1992), exceto para teor de proteína que não foi avaliado e acamamento que apresentou o coeficiente de variação experimental igual a 20,47%. O terceiro grupo, quanto à precisão experimental, é formado pelo caráter produção de grãos, que apresenta o CV_e em torno de 28% a 37%.

4.1 Análise de variância

As análises de variâncias individuais para os caracteres PG, TP, TO, DM, AM, DF, AF e AC dos cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858, BR-80-8858 X BR-80-14853, BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235 estão apresentados nas Tabelas 3 a 10, respectivamente. A variação no número de graus de liberdade deve-se à ocorrência de parcelas perdidas e ao número diferente de repetições das linhagens dos quatro cruzamentos.

Na Tabela 11, são apresentados os valores referentes às médias populacionais ($\bar{x}$), para os caracteres: PG, TP, TO, DM, AM, DF, AF e AC dos quatro cruzamentos.

Para o caráter produção de grãos, as médias encontradas nos cruzamentos apresentaram um intervalo de variação de 178,3 a 255,9 g/parcela nos cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-8858 X BR-80-14853, respectivamente. Os valores entre as médias do caráter teor de proteína mostraram-se bastante uniformes, praticamente não apresentando variação, ficando em torno de 39,7%. Para o caráter teor de óleo, os valores relativos às médias apresentaram intervalo de variação de 21,1% para o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 a 22,3% para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858. Para o caráter número de dias para a maturação as médias oscilaram entre 138 e 140 dias. O caráter altura da planta na maturação oscilou entre 72 cm/planta para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 e 88 cm/planta para os cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235. O número de dias para o florescimento oscilou entre 59 e 62 dias, em média nos quatro cruzamentos. Para altura da planta na maturação as médias apresentaram uma variação de 57 cm/planta no cruzamento BR-80-14853 X PI-165896 a 67 cm/planta no cruzamento BR-80-14853 X PI-239235. E, para o caráter acamamento, as médias dos dados transformados para $\sqrt{X+1}$, apresentaram um intervalo de variação de 1,75 a 2,05 para

os cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858 e BR-80-14853 X PI-165896, respectivamente. Como é possível verificar, os caracteres produção de grãos e altura da planta na maturação foram os que apresentaram maiores amplitudes de variação entre médias entre os quatro cruzamentos.

As médias das testemunhas em cada um dos cruzamentos para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura da planta na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF) e acamamento (AC) estão apresentadas na Tabela 12 para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, na Tabela 13 para o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, na Tabela 14 para o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896 e na Tabela 15 para o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235. Como as análises do teor de proteína são demoradas, utilizou-se para este caráter apenas uma testemunha por cruzamento e somente no cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 é que foram utilizadas duas testemunhas.

Fazendo-se uma comparação de médias entre as linhagens dos cruzamentos e as médias das testemunhas, observa-se que as médias para o caráter produção de grãos dos cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858, BR-80-8858 X BR-80-14853 e BR-80-14853 X PI-239235 foram superiores a todas as testemunhas.

Para o caráter teor de proteína, os quatro cruzamentos foram, em média, superiores a todas as testemunhas, exceto a BR-80-14887. Esta só foi igualada sua média pelas linhagens do cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853.

O teor de óleo de todos os cruzamentos, em média, foi superior somente à testemunha BR-80-14887, sendo superados por todas as outras testemunhas.

O caráter número de dias para a maturação dos quatro cruzamentos foram, em média, mais tardios que todas as testemunhas exceto a BR-80-14887.

Para a altura da planta na maturação, o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 apresentou a menor média entre os cruzamentos, igualando-se às testemunhas Bossier e BR-80-14877. O cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853 igualou sua média com a da testemunha IAC-12. Os outros dois cruzamentos apresentaram menor porte que a IAC-Foscarin-31 e a Biloxi.

Todos os cruzamentos apresentaram o florescimento mais precoce que a IAC-12 e mais tardio que as demais testemunhas.

Para o caráter altura da planta no florescimento, o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 apresentou-se, em média, plantas mais altas que todas as

testemunhas, enquanto que o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 apresentou-se, em média, de menor porte que todas as testemunhas, exceto a IAC-Foscarin-31, que foi igualada.

Para o caráter acamamento, todos os cruzamentos foram inferiores às testemunhas IAC-Foscarin-31 e Biloxi. O cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 apresentou o maior nível de acamamento entre os cruzamentos e as testemunhas.

As análises de variâncias combinadas para todos os conjuntos de um tratamento estão apresentados nas Tabelas 16 a 19 para os cruzamentos: OC-79230 X BR-80-8858, BR-80-8858 X BR-80-14853, BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235, juntamente com suas significâncias, respectivamente.

No cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, todos os caracteres avaliados foram significativos, exceto o caráter acamamento. As linhagens do cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853 não apresentaram significância para os caracteres teor de proteína e altura da planta no florescimento. Nos cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235, todos os caracteres apresentaram significância, exceto o caráter teor de proteína. Portanto, os cruzamentos apresentam variação genética para a grande maioria dos caracteres.

4.2 Análises genéticas

4.2.1 Produção de grãos

As estimativas da variância genética em uma população que se encontra na geração F_8 , apresenta apenas um componente de variância genética, a variância genética aditiva. Portanto, a partir de agora, os relatos serão feitos apenas para a variância genética aditiva.

Na Tabela 20 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter produção de grãos, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens. Todas as estimativas, com exceção do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção, apresentam seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram uma relativa estabilidade nos quatro cruzamentos. O maior valor (2721,249) foi encontrado no cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, e o menor valor (1544,596) foi obtido do cruzamento BR-80-14853 X PI-165896. A diferença corresponde a 76,18%. Estes valores da variância genética aditiva são inferiores aos encontrados por BRIM & COCKERHAM (1961). Os erros associados as estimativas apresentaram uma variação

percentual de 24,3% a 33,2%, sendo que o erro associado à estimativa foi, percentualmente, maior, para o menor valor da estimativa da variância aditiva.

As estimativas das variâncias do erro experimental entre parcelas apresentaram-se maiores que as estimativas da variância genética aditiva. Nos quatro cruzamentos, os erros associados às estimativas do erro experimental apresentaram valores entre 10,9% e 13,2%, em relação às estimativas da variância do erro experimental entre parcelas.

Os coeficientes de herdabilidade apresentaram uma variação de 0,48 a 0,61, nos cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e OC-79230 X BR-80-8858, respectivamente. Estes são superiores aos valores encontrados por JOHNSON et al. (1955a) e JOHNSON & BERNARD (1963), e coincidindo com os valores encontrados por SHANNON et al. (1972). Os baixos valores dos erros associados indicam que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram boa precisão, exceto para o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, onde o erro associado chegou a 23%, embora pareça que o erro está alto devido à menor variância genética aditiva.

O coeficiente de variação genético oscilou de 20,38% a 22,77%, indicando a liberação moderadamente

constante da quantidade da variância genética aditiva, nos quatro cruzamentos.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens foi em média de 27,75%, com pouca variação entre os cruzamentos, indicando boas possibilidades de seleção de linhagens mais produtivas, em média, nos quatro cruzamentos.

4.2.2 Teor de proteína

Na Tabela 21, estão apresentados, para o caráter teor de proteína, nos quatro cruzamentos, as estimativas da variância genética aditiva, variância do erro experimental entre parcelas, do coeficiente de herdabilidade, em valor absoluto, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, e os respectivos erros associados.

A variância genética aditiva entre linhagens do cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 apresentou um valor de 2,0311, ficando superior ao encontrado por BRIM & COCKERHAM (1961). O erro associado a esta estimativa foi igual a 32,4% da estimativa da variância genética aditiva. O cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853 apresentou o erro associado maior que a estimativa da variância genética aditiva, indicando que não foi detectada variação entre as

linhagens neste cruzamento. O mesmo ocorre para os outros dois cruzamentos que apresentaram as estimativas da variância genética aditiva negativas. Isto ocorreu, provavelmente, devido a problemas na determinação do teor de proteína em laboratório, de modo que podem ser feitas inferências apenas sobre o primeiro cruzamento.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram uma oscilação de 3,4324 (OC-79230 X BR-80-8858) a 7,4163 (BR-80-14853 X PI-165896). Os erros associados às estimativas do erro experimental apresentaram uma oscilação em percentual de 18,6% a 20,9%, em relação às estimativas da variância do erro experimental.

A estimativa do coeficiente de herdabilidade ao nível de médias de linhagens no cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 foi igual a 0,61, com o erro associado ficando em 16,9%. Esta estimativa coincide com os valores encontrados por JOHNSON et al. (1955a) e JOHNSON & BERNARD (1963). No cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, a estimativa da herdabilidade foi igual a 0,17, entretanto o erro associado apresentou-se superior (0,2167) à estimativa, provavelmente, devido a não presença de variância genética aditiva, como já foi constatado.

O coeficiente de variação genético foi igual a 4,16% no cruzamento OC-79230 X BR-80-8858.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens foi em média de 4,93%, para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858. Em virtude da ausência de variação no cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, o valor encontrado para o progresso com seleção foi muito baixo, igual a 0,46% de proteína.

4.2.3 Teor de óleo

Na Tabela 22 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter teor de óleo, da variância aditiva, da variância do erro experimental, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram variação de 0,1256 a 0,3365, coincidindo com as estimativas encontradas por BRIM & COCKERHAM (1961). Os erros associados às estimativas apresentaram uma variação percentual de 32,8% a 60,5%, sendo que o erro associado à estimativa foi, percentualmente, maior, para o menor valor da estimativa da variância genética aditiva.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram oscilação entre 0,3900 e 0,2087. Os erros associados às estimativas do erro experimental entre parcelas apresentaram oscilação de 18,6% a 21,1%, em relação às estimativas da variância do erro experimental.

O cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,46, com o erro associado igual a 30,4% desta estimativa. Nos outros três cruzamentos, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram uma oscilação de 0,68 a 0,77, ficando muito próximos aos valores encontrados por JOHNSON et al. (1955a), JOHNSON & BERNARD (1963), ZIMBACK (1992) e MIRANDA (1994). Os erros associados variaram, em porcentagem, de 8,0% a 13,7%. O menor valor da estimativa da variância aditiva fez com que a estimativa do coeficiente de herdabilidade fosse bem menor e apresentando um erro bem maior em relação aos outros três cruzamentos.

O coeficiente de variação genético foi em média de 2,42%.

O progresso esperado com seleção foi em média, nos quatro cruzamentos, de 0,65% de óleo. O cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 foi o que apresentou o maior ganho percentual (4,00%), indicando possibilidades de seleção de

linhagens com maior teor de óleo. Já, o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853 apresentou o menor ganho percentual (1,98%), em virtude dos menores coeficientes de herdabilidade e de variação genético.

4.2.4 Altura da planta na maturação

Na Tabela 23 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter altura da planta na maturação, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram uma oscilação de 22,2846 a 772,7399. Os erros associados a estas estimativas variaram percentualmente de 15,6% a 25,6%, sendo que o erro associado à estimativa foi, percentualmente maior, para o menor valor da estimativa da variância aditiva.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram-se menores que as estimativas da variância genética aditiva, oscilando entre 42,1900 e 117,2700. Os erros associados às estimativas do

erro experimental apresentaram variação de 10,9% a 12,4%, em relação às estimativas da variância do erro experimental.

O cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,59, com o erro associado igual a 14,3% do valor desta estimativa. Nos outros três cruzamentos, estas estimativas apresentaram uma variação de 0,82 a 0,95, com os erros associados oscilando de 1,1% a 3,9%. O menor valor da estimativa da variância genética aditiva, fez com que o coeficiente de herdabilidade fosse bem menor e apresentando um erro associado bem maior, em relação os outros três cruzamentos.

O coeficiente de variação genético oscilou de 6,60% a 31,91%, indicando a liberação diferenciada da quantidade de variância genética aditiva, nos cruzamentos.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens apresentou variação de 8,4% a 51,4%, nos cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858 e BR-80-14853 X PI-165896, respectivamente, indicando possibilidades diferenciadas de seleção de linhagens para o caráter altura da planta na maturação, nos quatro cruzamentos.

4.2.5 Número de dias para a maturação

Na Tabela 24 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter número de dias para a maturação, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram o maior valor (17,6854) no cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, e o menor valor (2,4872) foi obtido do cruzamento BR-80-14853 X PI-239235. Os erros associados às estimativas apresentaram uma variação de 19,1% a 34,1%, sendo que o erro associado a estimativa foi, percentualmente maior, para o menor valor da estimativa da variância aditiva. Como a estimativa da variância aditiva é muito pequena, a expressão do erro ficou muito alta.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram oscilação entre 7,7700 e 10,2000. Os erros associados às estimativas do erro experimental entre parcelas apresentaram variação de 0,8607 a 1,2381 e, em percentual de 10,9% a 12,4%, em

relação às estimativas da variância do erro experimental entre parcelas.

O cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,47, com o erro associado igual a 21,1% desta estimativa. Nos outros três cruzamentos, estas estimativas apresentaram uma oscilação de 0,76 a 0,84, com os erros associados variando de 3,9% a 5,6%. Este intervalo de variação engloba o valor 0,79, encontrado por KWON & TORRIE (1964). O menor valor da estimativa da variância aditiva do cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, fez com que a estimativa do coeficiente de herdabilidade fosse bem menor e apresentando um erro bem maior em relação aos outros três cruzamentos.

O coeficiente de variação genético apresentou um intervalo de variação de 1,15% a 3,03%.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens foi em média de 3,69%. O cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 foi o que apresentou o maior ganho percentual (4,86), indicando possibilidades de seleção de linhagens mais precoces. Entretanto, o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 apresentou o menor ganho com seleção, igual a 1,31%, praticamente um terço do ganho obtido com seleção para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, em virtude do menor coeficiente de variação genético.

4.2.6 Acamamento

Na Tabela 25 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter acamamento, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram uma variação de 0,0075 a 0,1049. Os erros associados a estas estimativas oscilaram entre 17,2% a 57,3%, sendo que o erro associado à estimativa foi, percentualmente maior, para o menor valor da estimativa da variância aditiva.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas oscilaram entre 0,0500 e 0,0600. Os erros associados às estimativas do erro experimental entre parcelas variaram entre 11,0% e 12,4%.

O cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,29, com o erro associado igual a 50,4% do valor desta estimativa. O cruzamento BR-80-14853 X PI-165896 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,85, com o erro associado igual a 3,6% do valor da estimativa, enquanto que nos cruzamentos BR-80-14853 X

PI-239235 e BR-80-14853 X PI-165896, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade e seus erros associados, foram iguais a 0,50 e 0,58, e 18,4% e 12,9%, respectivamente. Estes dois últimos cruzamentos apresentaram os valores das estimativas dos coeficientes de herdabilidade semelhantes às encontradas por JOHNSON & BERNARD (1963) e KWON & TORRIE (1964), que foram 0,54 e 0,44, respectivamente.

O coeficiente de variação genético oscilou entre 4,95 e 15,80, indicando a liberação diferenciada da quantidade de variância genética aditiva.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens apresentou variação de 4,63% a 25,46%, nos cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858 e BR-80-14853 X PI-165896, respectivamente, indicando possibilidades diferenciadas de seleção de linhagens eretas, nos quatro cruzamentos.

4.2.7 Número de dias para o florescimento

Na Tabela 26 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter número de dias para o florescimento das plantas, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de

linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram um intervalo de variação de 13,7079 a 29,714. Os erros associados às estimativas da variância genética aditiva apresentaram uma oscilação de 13,8% a 15,4%.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram-se menores que as estimativas da variância genética aditiva, oscilando entre 2,4200 e 3,8200. Os erros associados às estimativas do erro experimental entre parcelas apresentaram variação de 10,8% a 12,3%.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram uma relativa uniformidade, oscilando de 0,93 a 0,96, nos quatro cruzamentos, com os erros associados às estimativas variando de 0,7% a 1,4%.

O coeficiente de variação genético foi de 8,85% para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 e, nos outros três cruzamentos, o coeficiente de variação genético apresentou-se relativamente uniforme, oscilando entre 6,19% e 6,94%.

O progresso esperado com seleção das 10% melhores linhagens apresentou variação de 10,49% a 15,22%, indicando boas possibilidades de seleção de linhagens para o caráter número de dias para o florescimento, nos quatro cruzamentos.

4.2.8 Altura da planta no florescimento

Na Tabela 27 são apresentados, para os quatro cruzamentos, as estimativas, relativas ao caráter altura da planta no florescimento, da variância genética aditiva, da variância do erro experimental entre parcelas, da herdabilidade ao nível de médias de linhagens, do coeficiente de variação genético e do ganho com seleção obtido entre linhagens, com seus respectivos erros associados.

As estimativas da variância genética aditiva entre linhagens, apresentaram variação de 17,5805 a 115,6117. Os erros associados às estimativas apresentaram uma variação percentual de 16,0% a 26,8%, sendo que o erro associado a estimativa foi, percentualmente maior, para o menor valor da estimativa da variância aditiva. Como a estimativa da variância aditiva foi muito pequena, a expressão do erro ficou muito alta.

As estimativas da variância do erro experimental entre parcelas apresentaram oscilação entre 31,4900 e 57,5300. Os erros associados às estimativas do erro experimental apresentaram variação de 3,8471 a 6,3726 e, em percentual de 10,8% a 12,3%.

O cruzamento BR-80-14853 X PI-165896 apresentou a estimativa do coeficiente de herdabilidade igual a 0,57, com o erro associado igual a 15,5% desta estimativa. Nos outros três cruzamentos, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentaram uma oscilação de 0,74 a 0,85, com os erros associados variando de 3,4% a 6,3%. O menor valor da estimativa da variância genética aditiva do cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, fez com que a estimativa do coeficiente de herdabilidade fosse bem menor e apresentando um erro bem maior em relação aos outros três cruzamentos.

O coeficiente de variação genético oscilou entre 7,38% a 15,97%, indicando a liberação diferenciada da quantidade de variância genética aditiva, nos quatro cruzamentos.

O progresso esperado com seleção foi em média de 17,44%. O cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 foi o que apresentou o maior ganho percentual (25,69%), indicando boas possibilidades de seleção de linhagens para este caráter. Entretanto o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896

apresentou o menor ganho com seleção, igual a 9,73%, praticamente um terço do ganho obtido com seleção para o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, em virtude dos menores coeficiente de herdabilidade e do coeficiente de variação genético.

4.3 Correlações entre caracteres

As análises de covariância para as seis combinações escolhidas (produção de grãos X teor de proteína, produção de grãos X teor de óleo, teor de proteína X teor de óleo, produção de grãos X número de dias para a maturação, produção de grãos X altura da planta na maturação e acamamento X altura da planta na maturação), para os quatro cruzamentos estão apresentados nas Tabelas 28 a 31. Nas Tabelas 32 a 35, estão apresentados as estimativas das covariâncias genéticas e das covariâncias ambientais, para as seis combinações escolhidas, para os quatro cruzamentos.

Segundo JOHNSON et al. (1955b), as estimativas dos coeficientes de correlação genética e fenotípica entre caracteres são importantes no planejamento e na avaliação dos programas de melhoramento.

Desta maneira, nas Tabelas 36 a 39, estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de correlação

genética aditiva com seus respectivos erros associados e dos coeficientes de correlação fenotípica, das combinações de caracteres estudados, obtidos nos quatro cruzamentos.

A correlação genética entre produção de grãos e teor de proteína, apresentou um valor alto e positivo (0,74) para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, concordando com o valor encontrado por SIMPSON & WILCOX (1983) e BYTH et al. (1969b), e discordando da maioria dos autores. Neste cruzamento foi encontrado o maior coeficiente de variação genética, podendo assim explicar a alta correlação genética. A correlação fenotípica foi significativa a 5% de probabilidade, apresentando o valor igual a 0,29. No cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, a estimativa de correlação genética foi inferior ao erro associado, indicando que esta estimativa não difere de zero, ou seja, para este cruzamento não foi detectada correlação genética entre produção de grãos e teor de proteína, o que também ocorreu com a correlação fenotípica. Não foi possível calcular as estimativas das correlações genéticas e fenotípicas para os outros dois cruzamentos, pois as estimativas da variância aditiva foram negativas. Os problemas ocorridos na determinação da estimativas de correlações genéticas e fenotípicas nos cruzamentos BR-80-8858 X BR-80-14853, BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235, aconteceram, provavelmente, devido problemas na determinação do teor de

proteína em laboratório, fato este que tem ocorrido em outros experimentos.

As estimativas dos coeficientes de correlação genética para a combinação produção de grãos e teor de óleo, foram para os cruzamentos OC-79230 X BR-80-8858 e BR-80-8858 X BR-80-14853, muito próximas de zero com os erros associados maiores que as estimativas. Pode-se concluir, portanto, que não existe correlação entre estes dois caracteres nestes cruzamentos, coincidindo com os valores encontrados por KWON & TORRIE (1964). Para os cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235 as estimativas dos coeficientes de correlação genéticas foram positivamente alta e medianamente alta (0,78 e 0,40), respectivamente. Os resultados encontrados por BYTH et al. (1969b), SHANNON et al. (1972) e SEBERN & LAMBERT (1984), concordam com os aqui apresentados, embora, em menor magnitude. Para esta combinação de caracteres, a correlação fenotípica, ao contrário da genética, foi não significativa em todos os cruzamentos.

Para a combinação teor de proteína e teor de óleo, a estimativa dos coeficientes de correlação genética para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 foi negativa (-0,41), coincidindo com os resultados encontrados por WEISS et al. (1952), JOHNSON et al. (1955b), JOHNSON & BERNARD (1963), SHANNON et al. (1972), SIMPSON & WILCOX (1983),

SEBERN & LAMBERT (1984) e MILLER & FEHR (1979). Para o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, a estimativa do coeficiente de correlação genética foi praticamente igual a zero, além do mais, o erro associado foi muito maior que a estimativa, indicando que a estimativa, realmente, não difere de zero. Portanto, para este cruzamento, não há indicação de correlação entre os dois caracteres estudados. A correlação fenotípica não foi significativa para os dois cruzamentos citados anteriormente, embora a correlação genética do cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 tenha dado significativa. Para os outros dois cruzamentos não foi possível obter as estimativas dos coeficientes de correlação genética e correlação fenotípica entre teor de proteína e teor de óleo, pois as estimativas da variância aditiva foram negativas, pelas razões já descritas anteriormente.

A combinação dos caracteres produção de grãos e número de dias para maturação, apresentou a estimativa do coeficiente de correlação genética no cruzamento BR-80-14853 X PI-239235 baixa e negativa, entretanto, como o erro associado foi alto e praticamente idêntico à estimativa, esta não difere de zero; o mesmo ocorre para a estimativa da correlação fenotípica. Nos demais cruzamentos, as estimativas dos coeficientes de correlação genética apresentaram valores altamente positivos, oscilando entre 0,57 a 0,72. JOHNSON et al. (1955b), WEBER

& MOORTHY (1962) e ANAND & TORRIE (1963) encontraram também, estimativas positivas de alta magnitude, o que é normalmente esperado para estes dois caracteres. Coincidindo com a correlação genética, a correlação fenotípica, também, foi altamente significativa para estes três cruzamentos, embora apresentando valores um pouco menores.

As estimativas de correlação genética entre produção de grãos e altura da planta na maturação foi para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 altamente positivo e significativo (0,65), coincidindo com a estimativa de correlação fenotípica (0,469). O cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, apresentou o valor da correlação genética medianamente positiva (0,28), não diferindo dos resultados encontrados por WEBER & MOORTHY (1952) e ANAND & TORRIE (1963). A correlação fenotípica, para este cruzamento, não foi significativa, diferindo da correlação genética. Para os cruzamentos BR-80-14853 X PI-165896 e BR-80-14853 X PI-239235, os valores das estimativas das correlações genéticas não diferem de zero, já que o seus respectivos erros associados são menores que duas vezes os respectivos erros associados. O mesmo ocorre com as estimativas das correlações fenotípicas que não foram significativas para estes dois cruzamentos.

As estimativas das correlações genéticas entre acamamento e altura da planta na maturação, apresentaram valores altos e positivos num intervalo de variação de 0,58 (OC-79230 X BR-80-8858) a 0,96 (BR-80-14853 X PI-165896), concordando com os estudos realizados por KAMIKOGA (1989). As estimativas das correlações fenotípicas coincidiram com as correlações genéticas, ou seja, todos os quatro cruzamentos apresentaram significância para as correlações fenotípicas. Inclusive, o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858 que apresentou o menor nível de significância genética e fenotípica.

É importante observar, que foi encontrado estimativas de correlações genéticas diferentes para diferentes cruzamentos. Este fato, apresenta grande importância dentro do melhoramento; as estimativas de correlações genéticas não são absolutas e permanentes, devendo ser avaliadas separadamente em cada população em estudo.

4.4 Análise final dos dados

A análise comparativa da ordem de variabilidade genética para produção de grãos encontrada nestes quatro cruzamentos, na geração F_{7:8}, onde a variância genética é ($\sigma_g^2 = 2\sigma_a^2$), foi a mesma detectada na geração F₂, onde a variância genética é

($\sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_E^2$) (PIMENTEL, 1991), ou seja, a ordem não foi alterada tornando as estimativas em ambas as gerações mais confiáveis, e indicando que a variância genética da geração F₂ foi um bom indicador da variância genética em gerações avançadas, mas também, que variância genética dominante não foi significativa, para este caráter, na geração F₂.

No cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, entre outros aspectos, aconteceu os seguintes fatores favoráveis:

1. A correlação genética entre produção de grãos e teor de proteína foi positiva, enquanto que a correlação genética entre produção de grãos e teor de óleo foi negativa. Estes valores são o contrário da maioria dos cruzamentos, o que é muito bom para o melhoramento do teor de proteína.
2. Embora a correlação da produção de grãos com a altura da planta na maturação seja positiva (o que é ruim), este último apresenta pouca variação, como atesta o CV_g , indicando que a seleção em produção de grãos deve alterar pouco a altura da planta na maturação.
3. Também, apesar da correlação genética entre produção de grãos e número de dias para a maturação ser positiva, este último é um caráter que apresenta pouca variação na maioria dos cruzamentos, indicando que a seleção

para produção de grãos deve alterar muito pouco o número de dias para maturação.

4. Em resumo, este cruzamento indica ser possível selecionar plantas com maior produção de grãos, maior teor de proteína e com padrões aceitáveis para os demais caracteres agronômicos.

O cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, apresentou as seguintes características:

1. A correlação genética entre produção de grãos e teor de óleo foi positiva, o que é muito bom para o melhoramento do teor de óleo.
2. A correlação genética entre produção de grãos e número de dias para a maturação não foi significativa, ou seja, próxima de zero. Portanto, a seleção para produção de grãos não altera este caráter.
3. A correlação genética entre produção de grãos e altura da planta na maturação foi negativa, este último é um caráter que apresenta cerca de 15% de variação (CV_g), indicando que a seleção de linhagens para produção de grãos deve reduzir um pouco a altura da planta na maturação.
4. Em resumo, a seleção para produção de grãos, neste cruzamento, implica na seleção para alto teor de óleo,

redução da altura da planta na maturação e não alteração no ciclo.

O cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, apresentou as seguintes características:

1. A correlação genética entre produção de grãos e teor de proteína foi alta e positiva, indicando possibilidades de seleção conjunta para estes dois caracteres.
2. Embora, a correlação entre produção de grãos e número de dias para maturação foi, também, alta e positiva, o que é ruim para o melhoramento, este último caráter apresenta pouca variação, como atesta o CV_g , indicando que a seleção para produção de grãos deve alterar muito pouco o ciclo.
3. A correlação genética entre produção de grãos e altura da planta na maturação não foi significativa, ou seja, não difere de zero, indicando que a seleção para produção de grãos não deve alterar a altura da planta na maturação.
4. Em resumo, este cruzamento indica ser possível selecionar linhagens com maior produção de grãos, maior teor de óleo, sem alterar muito o ciclo e a altura da planta na maturação.

Entre outros aspectos, o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, apresenta os seguintes fatores favoráveis:

1. As correlações genéticas entre produção de grãos e teor de proteína e, entre produção de grãos e teor de óleo foram nulas.
2. A correlação genética entre produção de grãos e número de dias para maturação foi positiva. Entretanto, a pouca variação para o número de dias para a maturação, com base no CV_g , indica que a seleção para produção de grãos não deve alterar muito o ciclo.
3. A correlação genética entre produção de grãos e altura da planta na maturação foi positiva. Indicando que a seleção para produção de grãos deve aumentar a altura da planta na maturação.
4. Apesar deste cruzamento não apresentar correlações genéticas significativas entre produção de grãos e teor de proteína e nem, entre produção de grãos e teor de óleo, a sua média de produção de grãos foi superior aos demais cruzamentos e às testemunhas, bem como, sua média de teor de proteína, também foi superior aos demais cruzamentos e igualando-se à melhor testemunha para este caráter.

5. CONCLUSÕES

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

a) Os cruzamentos exibiram ampla variabilidade genética para a maioria dos caracteres, indicando que os parentais utilizados eram bem contrastantes.

b) Os caracteres produção de grãos e teor de óleo apresentaram coeficientes de herdabilidade relativamente altos, isto é, da ordem de 50% e 70% para produção de grãos e teor de óleo, respectivamente, que associados a coeficientes de variação genético altos indicam boas perspectivas de melhoramento para os mesmos.

c) Quanto ao teor de proteína, um dos cruzamentos apresentou também, coeficiente de herdabilidade relativamente alto (da ordem de 60%), associado a um alto coeficiente de variação genético, indicando boas perspectivas para o melhoramento. Entretanto, nos demais cruzamentos não foi possível obter tais informações.

d) Os coeficientes de correlação genética aditiva não foram consistentes entre os quatro cruzamentos, considerando os três caracteres principais. Em um deles, a produção de grãos apresentou correlação positiva e alta com teor de proteína, em dois apresentou correlação positiva e alta com teor de óleo, e no último não apresentou correlação significativa com nenhum dos caracteres.

e) Os resultados gerais indicam portanto, que embora a maioria dos cruzamentos sejam promissores quanto a perspectivas de melhoramento para os três caracteres principais, devem ser adotadas estratégias diferentes para cada um. Existem populações mais apropriadas ao melhoramento para produção de grãos e teor de óleo simultaneamente e populações mais apropriadas ao melhoramento para produção de grãos e teor de proteína simultaneamente.

f) Embora a literatura indique que a produção de grãos e o teor de proteína são negativamente correlacionados, verificou-se que esta não é uma regra geral, e que o sentido e a magnitude da correlação dependem da população, havendo casos em que o melhoramento simultâneo para os dois caracteres é mais fácil.

g) Quanto aos demais caracteres, isto é, número de dias para florescimento, altura da planta no

florescimento, altura da planta na maturação e acamamento, no geral foram obtidos, também, ~coeficientes de herdabilidade relativamente altos, associados a altos coeficientes de variação genética, indicando boas perspectivas para o melhoramento.

h) O caráter dias para maturação, embora altamente correlacionado com produção de grãos na maioria dos cruzamentos, apresentou um baixo coeficiente de variação genético, indicando que a seleção de genótipos mais produtivos não deverá acarretar aumentos indesejáveis no ciclo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ANAND, S.C. & TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison, **3**: 508-11, 1963.
- BOERMA, H.R. & COOPER, R.L. Comparison of three selection procedures for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, **15**: 225-8, 1975a.
- BOERMA, H.R. & COOPER, R.L. Effectiveness of early-generation yield selection of heterogeneous lines in soybeans. **Crop Science**, Madison, **15**: 313-5, 1975b.
- BONETTI, L.P. The use of single seed selection in combination with single seed descent for modifying oil content in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. Urbana - Illinois, 1978. 63p. (Mestrado - University of Illinois at Urbana - Champaign).
- BRIGGS, F.N. & KNOWLES, P.F. **Introduction to plant breeding**. New York, Reinhold, 1967.

- BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: CALDWELL, B.E., ed. **Soybeans**: improvement, production, and uses. Madison, American Society of Agronomy, 1963. p. 155-86.
- BRIM, C.A. Modified pedigree method of selection in soybeans. **Crop Science**, Madison, **6**: 220, 1966.
- BRIM, C.A.; JOHNSON, H.W.; COCKERHAM, C.C. Multiple selection criteria in soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, **51**: 42-6, 1959.
- BRIM, C.A. & COCKERHAM, C.C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. **Crop Science**, Madison, **1**: 187-90, 1961.
- BRIM, C.A.; SCHUTZ, W.M.; COLLINS, F.I. Nuclear magnetic resonance analysis for oil in soybeans with implications in selection. **Crop Science**, Madison, **7**: 220-2, 1967.
- BRIM, C. A. & STUBER, C. W. Application of genetic male sterility to recurrent selection schemes in soybeans. **Crop Science**, Madison, **13**: 528-30, 1973.
- BRIM, C.A. & BURTON, J.W. Recurrent selection in soybean. II. Selection for increased percent protein in seeds. **Crop Science**, Madison, **19**: 494-8, 1979.

- BURTON, J.W. Breeding soybeans for improved protein quantity and quality. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 3., Ames, 1984. **Proceedings**, edited by R. SHIBLES. Boulder, Westview, 1984. p. 361-7.
- BURTON, J.W. Breeding soybeans cultivars for increased seed protein percentage. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4., Buenos Aires, 1989. **Proceedings**, edited by A.J. PASCALE. Buenos Aires, Orientación Gráfica, 1989. p. 1079-85.
- BURTON, J.W. & BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. III. Selection for increased percent oil in seeds. **Crop Science**, Madison, **21**: 31-4, 1981.
- BYTH, D.E.; WEBER, C.A.; CALDWEL, B.E. Correlated truncation selection for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, **9**: 699-702, 1969b.
- CAPUNO, O.B. I. Method for breeding high-protein cultivars of soybeans. II. Transfer of Phythopphthora resistance in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] by backcrossing. **Dissertation Abstracts International, B (Sciences and Engineering)** **47**: 1334B-5B, 1986.
- COLLINS, F.I. & CARTTER, J.L. Variability in chemical composition of seed from different portions of the soybean plant. **Agronomy Journal**, Madison, **48**: 216-9, 1956.

- 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.
- DUDLEY, J.W. & MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**, Madison, **9**: 257-62, 1969.
- EMPIG, L.T. & FEHR, W.R. Evaluation of methods for generation advance in bulk hybrid soybean populations. **Crop Science**, Madison, **11**: 51-4, 1971.
- FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 3. ed. London, Longman, 1989, 438p.
- FEHR, W.R. Soybean. In: _____, ed. **Principles of cultivar development - crop science**. New York, Macmillian, 1987. cap. 14, p. 533 - 76.
- FEHR, W.R. & WEBER, C.R. Mass selection by seed size and specific gravity in soybean populations. **Crop Science**, Madison, **8**: 551-4, 1968.
- HANSON, W.D. Heritability. In: HANSON, W.D. & ROBINSON, H.F., ed. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Sciences. 1963. p.125-39.

- HANSON, W.D.; LEFFEL, R.C.; HOWELL, R.W. Genetic analysis of energy production in the soybean. **Crop Science**, Madison, **1**: 121-6, 1961.
- HARTWIG, E.E. Breeding soybeans for high protein content and quality. In: INTERNATIONAL ATOMIC ENERGY AGENCY. **New approaches to breeding for improved plant protein**. Vienna, IAEA, 1969. P. 67-70.
- HARTWIG, E.E. & COLLINS, F.I. Evaluation of density classification as a selection technique in breeding soybeans for protein or oil. **Crop Science**, Madison, **2**: 159-62, 1962.
- HARTWIG, E.E. & HINSON, K. Association of chemical composition of seed and seed yield of soybeans. **Crop Science**, Madison, **12**: 829-30, 1972.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, New York, **28**: 476-90, 1943.
- HOLBROOK, C.C.; BURTON, J.W.; CARTER JUNIOR, T.E. Evaluation of recurrent restricted index selection for increasing yield while holding seed protein constant in soybean. **Crop Science**, Madison, **29**: 324-9, 1989.
- ISHIGE, T. Biometrical analysis and estimation of the number of genes for seed protein content of soybean,

Glycine max (L.) Merrill. **Japan Agricultural Research Quartely**, Tokio, **17**: 230-5, 1984.

JENSEN, N.F. The single descent method. In: _____. **Plant breeding methodology**. New York, Wiley, 1988. cap. 21, p. 271-96.

JOHNSON, H.W. & BERNARD, R.L. Soybean genetics and breeding. **Advances in Agronomy**, New York, **14**: 149-221. 1962.

JOHNSON, H.W. & BERNARD, R.L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A.G., ed. **The soybean genetics, breeding, physiology, nutrition, management**. New York, Academic Press, 1963. p. 1-73.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. **Agronomy Journal**, Madison, **47**: 314-8, 1955a.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.P.; COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy Journal**, Madison, **47**: 477-83, 1955b.

KAMIKOGA, M.K. Herança do acamamento e associações com outros caracteres em soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Piracicaba, 1989. 130p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- KELLY, J.D. & BLISS, F.A. Heritability estimates of percentage seed protein and available methionine and correlations with yield in dry beans. **Crop Science**, Madison, **15**: 753-7, 1975.
- KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. 2. ed. Ames, Iowa State University Press. 1973. 545p.
- KEMPTHORNE, O. & NORDSKOG, A.W. Restricted selection indeces. **Biometrics**, Alexandria, **15**: 10-9, 1959.
- KENWORTHY, W.J. & BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, **19**: 315-8, 1979.
- KROBER, O.A. & CARTTER, J.L. Quantitative interrelations of protein and nonprotein constituents of soybeans. **Crop Science**, Madison, **2**: 171-2, 1962.
- KWON, S.H. & TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, **4**: 196-8, 1964.
- LAM-SÁNCHEZ, A.; DURIGAN, J.F.; ASSIS, G.M. de. Respostas de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) ao retardamento de colheita quanto aos conteúdos de proteína e óleo da semente. **Científica**, São Paulo, **17**: 121-5, 1989.

- MCKENDRY, A.L.; MCVETTY, P.B.E.; VOLDENG, H.D.
Inheritance of seed protein and seed oil content in
early maturing soybean. **Canadian Journal of Genetics
and Citology**, Ottawa, **27**: 603-7. 1985.
- MILLER, J.E. & FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent
selection for protein in soybeans. **Crop Science**,
Madison, **19**: 101-6, 1979.
- MILLER, J.E. & FEHR, W.R. Direct and indirect selection
for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, **19**:
101-6, 1979.
- MIRANDA, M.A.C. de Seleção recorrente divergente para
peso de sementes e porcentagem de óleo em soja com o
uso de machoesterelidade genética. Piracicaba, 1994.
112p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura
"Luiz de Queiroz"/USP).
- MOREIRA, R.M.P. Predição do comportamento de cruzamentos
dialélicos de soja avaiados na geração F₃ em cultivo de
inverno. Piracicaba, 1992. 95p. (Mestrado - Escola
Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- OPENSHAW, S.J. & HADLEY, H.H. Selection indexes to modify
protein concentration of soybean seeds. **Crop Science**,
Madison, **24**: 1-4, 1984.

- PIMENTEL, A.M. Cruzamentos dialélicos em soja com ênfase em teor de proteína e produção de grãos. Piracicaba, 1991. 150p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- RANZANI, G.; FREIRE, O.; KINJO, T. Carta de solos do município de Piracicaba. Piracicaba, ESALQ/Centro de Estudos de Solos, 1966. 86p. (mimeografado).
- SEBERN, N.A. & LAMBERT, J.W. Effect of stratification for percent protein in two soybean populations. **Crop Science**, Madison, **24**: 225-8, 1984.
- SHANNON, J.G.; WILCOX, J.R.; PROBST, A.H. Estimated gains from selection for protein and yield in the F₄ generation of six soybean populations. **Crop Science**, Madison, **12**: 824-6, 1972.
- SHORTER, R.; BLYTH, D.E.; MUNGOMERY, V.E. Estimates of selection parameters associated with protein and oil content of soybean seeds [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Australian Journal of Agriculture Research**, Melbourne, **28**: 211-22. 1976.
- SIMPSON, A.M. Jr. & WILCOX, J.R. Genetic and phenotypic association of agronomic characteristics in four high protein soybean population. **Crop Science**, Madison, **23**: 1077-81, 1983.

- 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.
- STEEL, R.D.D. & TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. 2. ed. New York, McGraw-Hill, 1980. 633p.
- THORNE, J.C. & FEHR, W.R. Incorporation of high-protein, exotic germplasm into soybean populations by 2- and 3-way crosses. **Crop Science**, Madison, **10**: 652-5, 1970.
- VELLO, N.A. & VENCOVSKY, R. Variâncias associadas às estimativas de variâncias genéticas e coeficientes de herdabilidade. **Relatório Científico do Departamento de Genética**, Piracicaba, **8**: 238-48, 1974.
- VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto, Revista Brasileira de Genética, 1992. 496p.
- VERNETTI, F.J. Genética da soja - Caracteres quantitativos. In: _____. **Soja: genética e melhoramento**. Campinas, Fundação Cargill, 1983. p. 727-40.
- WEBER, C.R. & MOORTHY, B.R. Heritable and non heritable relationships and variability of oil contrast and

- agronomic characters in the F₂ generation of soybean crosses. **Agronomy Journal**, Madison, **44**: 202-9, 1952.
- WEHRMANN, V.K.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R.; CAVINS, J.F.
Transfer of high seed protein to high-yielding soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, **27**: 927-31, 1987.
- WEISS, M.G.; WEBER, C.R.; WILLIAMS, L.F.; PROBST, A.H.
Correlation of agronomic characters and temperature with seed compositional characters in soybeans, as influenced by variety and time of planting. **Agronomy Journal**, Madison, **44**: 289-97, 1952.
- ZIMBACK, L. Cruzamentos em cadeia entre genótipos adaptados e exóticos de soja com ênfase na produção de óleo. Piracicaba, 1992. 178p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

T A B E L A S

Tabela 1 - Características botânicas e agronômicas dos cinco genótipos de soja, utilizados como parentais, Piracicaba 1987/88.

C A R A C T E R Í S T I C A S ¹								
GENÓTIPOS	No de	Hábito de	Ciclo ²	Cor	Cor da	Cor	Cor	Cor
	Registro	crescimento	Médio	da	Pubes-	da	do	do
			(dias)	Flor	cência	vagem	hilo	Teg.
1 OC-79230	S-285	D	157	B	C	C	C	A
2 BR-80-8858	S-572	I	157	R	C	M	C	A
3 BR-80-14853	S-573	I	158	R	M	M	P	V
4 PI-165896	S-650	D	150	R	M	M	P	P
5 PI-239235	S-660	I	160	B	C	C	C	A

1 - D=determinado, I=indeterminado, B=branca, R=roxa, C=cinza, M=marrom, P=preto, A=amarelo e V=verde.

2 - Número de dias para a maturação.

Fonte: PIMENTEL (1991).

Tabela 2 - Valores dos coeficientes de variação experimental (CV_e), expressos em porcentagem, para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativo às linhagens oriundas dos quatro cruzamentos: (1) OC-79230 X BR-80-8858, (2) BR-80-8858 X BR-80-14853, (3) BR-80-14853 X PI-165896 e (4) BR-80-14853 X PI-239235.

Caráter	Cruzamentos			
	(1)	(2)	(3)	(4)
PG (g/parcela)	28,545	33,407	37,601	35,518
TP (%)	4,681	5,756	6,898	6,665
TO (%)	2,329	2,927	2,125	2,265
DM (dias)	2,189	2,291	2,256	2,026
AM (cm)	9,077	11,662	12,292	11,025
DF (dias)	2,765	2,630	2,634	3,154
AF (cm)	9,010	10,155	10,515	11,262
AC (nota) ¹	12,778	11,769	10,908	12,066

¹: Valores transformados para $\sqrt{x+1}$.

Tabela 3 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, para os caracteres: produção de grãos (PG), teor de óleo (TO), teor de proteína (TP) e acamamento (AC), para quatro conjuntos experimentais.

FV	PG		TO		TP		AC	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	7650,21	19	1,681	19	7,216	19	0,430
Resíduo	36	1273,26	17	0,270	17	4,623	37	0,634
Linhagens	19	8059,14	19	0,972	19	7,079	19	0,929
Resíduo	38	4856,26	19	0,246	19	2,385	38	0,621
Linhagens	19	11344,04	19	0,847	19	12,272	19	0,964
Resíduo	38	2587,97	16	0,294	16	3,408	38	0,467
Linhagens	19	10377,09					19	0,981
Resíduo	15	8852,91					18	0,851

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3 e 4, respectivamente

Tabela 4 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, para os caracteres: número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM) e altura da planta na maturação (AM), para quatro conjuntos experimentais.

FV	DF		AF		DM		AM	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	103,523	19	168,171	19	96,071	19	103,213
Resíduo	38	2,436	38	35,157	37	16,700	37	49,645
Linhagens	19	87,490	19	216,026	19	32,887	19	94,855
Resíduo	38	2,643	38	36,101	38	6,945	38	49,28
Linhagens	19	86,207	19	189,046	19	61,070	19	110,899
Resíduo	38	3,041	38	26,609	38	6,810	38	31,140
Linhagens	19	51,735	19	129,752	19	35,677	19	97,810
Resíduo	18	4,126	18	24,300	18	3,693	18	35,247

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3, e 4, respectivamente

Tabela 5 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, para os caracteres: produção de grãos (PG), teor de óleo (TO), teor de proteína (TP) e acamamento (AC), para cinco conjuntos experimentais.

FV	PG		TO		TP		AC	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	21988,30	19	0,919	19	7,956	19	1,753
Resíduo	36	8151,79	18	0,470	18	4,934	37	0,512
Linhagens	19	13139,42	19	0,849	19	4,676	19	2,597
Resíduo	35	10282,79	19	0,292	19	6,890	37	1,113
Linhagens	19	8514,69	19	0,409	19	6,487	19	1,133
Resíduo	37	6487,04	19	0,413	19	4,000	35	0,699
Linhagens	19	14704,74					19	1,869
Resíduo	38	6024,09					38	0,411
Linhagens	19	15344,95					19	1,126
Resíduo	19	4408,14					19	0,768

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente

Tabela 6 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, para os caracteres: número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM) e altura da planta na maturação (AM), para quatro conjuntos experimentais.

FV	DF		AF		DM		AM	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	61,280	19	167,985	19	63,736	19	221,567
Resíduo	38	2,227	38	59,710	37	5,950	37	129,851
Linhagens	19	61,869	19	220,906	19	48,786	19	856,148
Resíduo	37	3,777	37	56,792	37	13,644	37	102,664
Linhagens	19	42,995	19	92,849	19	53,334	19	408,048
Resíduo	37	1,974	37	28,870	35	14,252	35	42,744
Linhagens	19	32,881	19	208,565	19	40,891	19	695,754
Resíduo	38	1,641	38	31,441	38	10,204	38	68,572
Linhagens	19	24,821	19	107,194	19	9,730	19	86,912
Resíduo	19	2,584	19	19,610	19	4,288	19	31,491

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente

Tabela 7 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, para os caracteres: produção de grãos (PG), teor de óleo (TO), teor de proteína (TP) e acamamento (AC), para quatro conjuntos experimentais.

FV	PG		TO		TP		AC	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	9098,82	18	0,621	18	6,860	19	7,534
Resíduo	36	4754,76	18	0,156	18	8,513	37	0,574
Linhagens	19	7653,16	17	0,586	17	4,803	19	3,946
Resíduo	33	5253,68	14	0,247	14	5,779	38	0,731
Linhagens	19	11729,60	15	0,748	15	8,712	19	4,986
Resíduo	31	4349,06	13	0,240	12	7,681	38	0,936
Linhagens	15	5288,14					17	3,907
Resíduo	12	1993,33					16	0,702

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3 e 4, respectivamente

Tabela 8 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, para os caracteres: número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM) e altura da planta na maturação (AM), para quatro conjuntos experimentais.

FV	DF		AF		DM		AM	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	23,764	19	29,564	19	55,894	19	2654,169
Resíduo	38	1,843	38	36,133	37	8,548	37	80,993
Linhagens	19	35,474	19	56,528	19	63,232	19	2510,994
Resíduo	38	1,945	38	37,390	38	10,126	38	110,427
Linhagens	19	53,860	19	119,076	19	80,031	19	2043,811
Resíduo	38	3,407	38	32,250	38	11,957	38	164,283
Linhagens	17	43,694	17	130,569	17	130,509	17	1636,253
Resíduo	17	3,015	17	38,831	16	8,570	16	105,724

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3 e 4, respectivamente

Tabela 9 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, para os caracteres: produção de grãos (PG), teor de óleo (TO), teor de proteína (TP) e acamamento (AC), para quatro conjuntos experimentais.

FV	PG		TO		TP		AC	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	12684,98	18	0,715	18	7,818	19	2,080
Resíduo	38	5725,20	16	0,112	16	6,946	38	0,632
Linhagens	19	19245,58	18	0,890	18	4,200	19	1,364
Resíduo	37	5774,25	17	0,175	17	7,383	37	1,199
Linhagens	18	13572,15	16	0,858	16	9,120	18	1,605
Resíduo	34	7400,49	15	0,410	15	6,658	35	1,066
Linhagens	18	7185,79					18	3,010
Resíduo	33	7314,22					36	0,902
Linhagens	16	13898,81					16	0,947
Resíduo	15	1728,76					15	0,531

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente

Tabela 10 - Resumo das análises de variâncias individuais para o cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, para os caracteres: número de dias para o florescimento (DF), altura da planta no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM) e altura da planta na maturação (AM), para quatro conjuntos experimentais.

FV	DF		AF		DM		AM	
	GL	QM	GL	QM	GL	QM	GL	QM
Linhagens	19	105,350	19	781,659	19	10,536	19	1155,808
Resíduo	38	3,334	38	52,560	38	8,690	38	88,076
Linhagens	19	46,559	19	257,437	19	18,734	19	198,554
Resíduo	37	3,289	37	59,869	37	5,170	37	65,969
Linhagens	18	42,579	18	156,584	18	19,456	18	360,150
Resíduo	35	3,973	35	60,446	35	11,978	35	67,635
Linhagens	18	55,934	18	451,259	18	12,347	18	615,196
Resíduo	36	4,808	36	69,729	36	6,467	36	173,095
Linhagens	16	15,276	16	186,265	16	11,307	16	507,264
Resíduo	15	2,615	15	22,812	15	5,265	15	46,633

A sequência refere-se aos conjuntos 1, 2, 3, 4 e 5, respectivamente

Tabela 11 - Valores das médias populacionais $\{x\}$, para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura da planta na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativo às linhagens oriundas dos quatro cruzamentos: (1) OC-79230 X BR-80-8858, (2) BR-80-8858 X BR-80-14853, (3) BR-80-14853 X PI-165896 e (4) BR-80-14853 X PI-239235.

Caráter	Cruzamentos			
	(1)	(2)	(3)	(4)
PG (g/parcela)	211,18	255,92	178,28	221,46
TP (%)	39,58	39,92	39,48	39,73
TO (%)	22,25	21,34	21,50	21,07
DM (dias)	138,65	139,40	140,31	137,58
AM (cm)	71,56	76,76	88,10	87,83
DF (dias)	61,58	59,14	59,78	61,97
AF (cm)	62,28	63,40	56,84	67,35
AC (nota) ¹	1,75	1,90	2,05	2,03

¹: Valores transformados para $\sqrt{x+1}$.

Tabela 12 - Média ($\bar{x}$) e desvio padrão (DP) das cinco testemunhas utilizadas no experimento, para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento OC-79230 x BR-80-8858.

Caracteres	T e s t e m u n h a s									
	<u>IAC-12</u>		<u>IAC-FOSCARIN-31</u>		<u>BOSSIER</u>		<u>BILOXI</u>		<u>BR-80-14887</u>	
	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP
PG	155,60	43,03	183,73	62,36	185,09	55,54	209,18	51,71	194,00	57,54
TP							38,45	1,93		
TO							23,41	0,64		
DM	137,18	6,59	132,64	2,98	139,55	3,59	135,73	3,52	140,82	3,25
AM	82,78	10,98	100,45	12,06	69,32	5,79	123,80	9,60	67,96	11,01
DF	62,55	0,93	50,27	0,65	56,82	1,40	57,18	1,40	56,09	1,30
AF	65,82	5,97	54,57	8,41	62,98	5,08	61,92	4,82	56,74	10,00
AC	1,96	0,29	2,26	0,25	2,00	0,29	2,27	0,20	1,74	0,24

Tabela 13 - Média ($\bar{x}$) e desvio padrão (DP) das cinco testemunhas utilizadas no experimento, para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853.

Caracteres	T e s t e m u n h a s									
	IAC-12		IAC-FOSCARIN-31		BOSSIER		BILOXI		BR-80-14887	
	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP
PG	161,46	27,02	167,23	47,64	199,50	65,03	205,21	56,28	180,71	45,17
TP					38,96	3,99				
TO					23,66	0,72				
DM	134,08	3,97	134,21	3,75	137,07	2,76	134,93	3,43	139,50	3,46
AM	75,38	6,24	101,93	13,44	72,45	5,60	124,62	12,94	64,71	9,68
DF	62,69	1,38	50,43	0,85	57,57	2,10	57,71	1,27	56,79	1,12
AF	59,92	7,64	52,72	8,35	65,50	7,87	64,43	5,05	56,08	10,53
AC	1,81	0,32	2,19	0,24	2,07	0,24	2,28	0,18	1,84	0,24

Tabela 14 - Média ($\bar{x}$) e desvio padrão (DP) das cinco testemunhas utilizadas no experimento, para os caracteres produção de grãos (FG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-165896.

Caracteres	T e s t e m u n h a s									
	IAC-12		IAC-FOSCARIN-31		BOSSIER		BILOXI		BR-80-14887	
	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP
PG	165,91	32,78	166,80	35,89	174,09	61,94	181,10	47,59	205,09	77,09
TP									39,91	2,43
TO									20,29	0,72
DM	137,18	4,40	132,73	2,24	139,09	3,02	134,80	3,01	140,82	2,56
AM	74,93	6,14	101,66	13,47	66,30	12,03	124,53	9,83	73,25	10,74
DF	63,00	0,63	50,27	0,47	57,09	1,38	57,70	1,42	55,36	0,92
AF	60,21	5,23	54,47	8,29	60,31	12,80	63,22	4,48	61,47	10,84
AC	1,90	0,17	2,23	0,14	1,90	0,22	2,36	0,11	1,78	0,17

Tabela 15 - Média ($\bar{x}$) e desvio padrão (DP) das cinco testemunhas utilizadas no experimento, para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativo às linhagens do cruzamento BR-80-14853 X PI-239235.

Caracteres	T e s t e m u n h a s									
	IAC-12		IAC-FOSCARIN-31		BOSSIER		BILOXI		BR-80-14887	
	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP	$\bar{x}$	DP
PG	175,43	29,46	185,00	34,82	162,64	30,42	206,00	42,45	210,36	68,95
TP	38,77	3,59	37,43	2,51						
TO	22,92	0,94	23,74	0,74						
DM	136,64	4,33	133,50	2,90	136,79	2,91	133,93	2,30	139,64	3,48
AM	79,21	8,92	108,43	13,69	76,03	18,24	120,89	11,03	75,82	9,33
DF	62,43	0,65	50,50	0,65	56,93	1,14	57,64	1,86	56,50	1,16
AF	66,12	8,54	55,38	6,62	64,08	6,29	62,96	7,51	61,91	6,66
AC	1,97	0,22	2,19	0,20	1,99	0,19	2,36	0,14	1,94	0,31

Tabela 16 - Valores e significâncias dos quadrados médios entre linhagens (QM_L) e dos quadrados médios dos erros experimentais (QM_E), e seus respectivos graus de liberdade (GL), para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, para as análises combinadas.

Caracteres	GL_L	QM_L	GL_E	QM_E
PG	76	9357,620**	127	3633,950
TP	57	8,855**	52	3,432
TO	57	1,167**	52	0,269
DM	76	56,430**	131	9,210
AM	76	101,694**	131	42,193
DF	76	82,240**	132	2,900
AF	76	175,750**	132	31,490
AC	76	0,066 ^{ns}	131	0,048

^{ns}: não significativo; **: significativo a 1%.

Tabela 17 - Valores e significâncias dos quadrados médios entre linhagens (QM_L) e dos quadrados médios dos erros experimentais (QM_E), e seus respectivos graus de liberdade (GL), para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, para as análises combinadas.

Caracteres	GL _L	QM _L	GL _E	QM _E
PG	95	14738,420**	165	7309,41
TP	57	6,373 ^{ns}	56	5,281
TO	57	0,725**	56	0,390
DM	95	43,300**	166	10,200
AM	95	453,686**	166	80,139
DF	95	44,770**	166	2,420
AF	95	159,500 ^{ns}	169	553,970
AC	95	0,117**	166	0,047

^{ns}. não significativo; **: significativo a 1%.

Tabela 18 - Valores e significâncias dos quadrados médios entre linhagens (QM_L) e dos quadrados médios dos erros experimentais (QM_E), e seus respectivos graus de liberdade (GL), para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, para as análises combinadas.

Caracteres	GL_L	QM_L	GL_E	QM_E
PG	72	8617,670**	112	4493,600
TP	50	6,716 ^{ns}	44	7,416
TO	50	0,647**	45	0,209
DM	74	56,110**	129	10,020
AM	74	2226,850**	129	117,270
DF	74	39,080**	131	2,480
AF	74	82,660**	131	35,720
AC	74	0,330**	129	0,050

^{ns}: não significativo; **: significativo a 1%.

Tabela 19 - Valores e significâncias dos quadrados médios entre linhagens (QM_L) e dos quadrados médios dos erros experimentais (QM_E), e seus respectivos graus de liberdade (GL), para os caracteres produção de grãos (PG), teor de proteína (TP), teor de óleo (TO), número de dias para maturação (DM), altura de plantas na maturação (AM), número de dias para o florescimento (DF), altura de plantas no florescimento (AF) e acamamento (AC), relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, para as análises combinadas.

Caracteres	GL_L	QM_L	GL_E	QM_E
PG	90	13126,950**	157	6187,270
TP	52	6,966 ^{ns}	48	7,011
TO	52	0,820**	48	0,227
DM	90	14,560**	161	7,770
AM	90	571,074**	161	93,755
DF	90	54,330**	161	3,820
AF	90	373,150**	161	57,530
AC	90	0,116**	161	0,060

^{ns}: não significativo; **: significativo a 1%.

Tabela 21 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do erro experimental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito entre médias de linhagens (h_x^2), coeficiente de variação genética (CVg) e progresso genético esperado com seleção (Gs) para o caráter teor de proteína (TP), nos quatro cruzamentos.

Parâmetros	C r u z a m e n t o s							
	OC-79230 X BR-80-8858		BR-80-8858 X BR-80-14853		BR-80-14853 X PI-165896		BR-80-14853 X PI-239235	
	estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP
$\hat{\sigma}_A^2$	2,0311	0,8796	0,4091	0,7645	-0,2621	1,0157	-0,0169	0,9700
$\hat{\sigma}_e^2$	3,4324	0,6606	5,2808	0,9806	7,4163	1,5464	7,0110	1,4022
(h_x^2)	0,6124	0,1032	0,1714	0,2167	(1)	(1)	(1)	(1)
CVg	4,160		1,851		(1)	(1)	(1)	(1)
Gs	1,952	(4,93)	0,463	(1,16)				

(1) : Estimativa de variância genética negativa.

$\hat{\sigma}_A^2$: (% de proteína/parcela)²; $\hat{\sigma}_e^2$: (% de proteína/parcela)²; (h_x^2) : valor absoluto; CVg: %; Gs: % de proteína/parcela e em percentuais (entre parênteses).

Tabela 22 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do erro experimental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h_x^2), coeficiente de variação genética (CVg) e progresso genético esperado com seleção (Gs) para o caráter teor de óleo (TO), nos quatro cruzamentos.

Parâmetros	C r u z a m e n t o s					
	OC-79230 X BR-80-8858	BR-80-8858 X BR-80-14853	BR-80-14853 X PI-165896	BR-80-14853 X PI-239235		
	estimativas DP	estimativas DP	estimativas DP	estimativas DP		
$\hat{\sigma}_A^2$	0,3365	0,1105	0,1256	0,0760	0,1642	0,2218
$\hat{\sigma}_e^2$	0,2685	0,0517	0,3900	0,0724	0,2087	0,2272
(h_x^2)	0,7699	0,0613	0,4623	0,1406	0,6775	0,7228
CVg	3,012		1,919		2,178	2,583
Gs	0,891 (4,00)	0,422 (1,98)	0,584 (2,72)	0,701 (3,53)		
$\hat{\sigma}_A^2$: (% de óleo/parcela) ² ; $\hat{\sigma}_e^2$: (% de óleo/parcela) ² ; (h_x^2): valor absoluto; CVg: %; Gs: % de óleo/parcela e em percentuais (entre parênteses).						

Tabela 24 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do erro experimental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h_x^2), coeficiente de variação genética (CVg) e progresso genético esperado com seleção (Gs) para o caráter número de dias para maturação (DM), nos quatro cruzamentos.

Parâmetros	C r u z a m e n t o s							
	OC-79230 X BR-80-8858		BR-80-8858 X BR-80-14853		BR-80-14853 X PI-165896		BR-80-14853 X PI-239235	
	estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP
$\hat{\sigma}_A^2$	17,6854	3,0354	12,1245	2,1054	17,2622	3,0620	2,4872	0,7710
$\hat{\sigma}_e^2$	9,2100	1,1294	10,2000	1,1129	10,0200	1,2381	7,7700	0,8607
(h_x^2)	0,8368	0,0329	0,7644	0,0425	0,8214	0,0364	0,4663	0,0984
CVg	3,033		2,498		2,961		1,146	
Gs	6,732	(4,86)	5,328	(3,82)	6,590	(4,70)	1,885	(1,37)
$\hat{\sigma}_A^2$: (dias/parcela) ² ; $\hat{\sigma}_e^2$: (dias/parcela) ² ; (h_x^2) : valor absoluto; CVg: %; Gs: dias/parcela e em percentuais (entre parênteses).								

Tabela 25 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do erro experimental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h_x^2), coeficiente de variação genética (CVg), expresse em porcentagem, e progresso genético esperado com seleção (Gs) para o caráter acamamento (AC), nos quatro cruzamentos. Gs em nota e em percentuais (entre parênteses).

Parâmetros	C r u z a m e n t o s					
	OC-79230 X BR-80-8858	BR-80-8858 X BR-80-14853	BR-80-14853 X PI-165896	BR-80-14853 X PI-239235		
	estimativas DP	estimativas DP	estimativas DF	estimativas DP		
$\hat{\sigma}_A^2$	0,0075	0,0043	0,0256	0,0060	0,1049	0,0180
$\hat{\sigma}_e^2$	0,0500	0,0061	0,0500	0,0055	0,0500	0,0062
(h_x^2)	0,2857	0,1441	0,5833	0,0751	0,8485	0,0309
CVg	4,949		8,421		15,799	7,307
Gs	0,081 (4,63)		0,214 (11,26)		0,522 (25,46)	0,184 (9,06)
$\hat{\sigma}_A^2$: $(\sqrt{X+1}/\text{parcela})^2$; $\hat{\sigma}_e^2$: $(\sqrt{X+1}/\text{parcela})^2$; (h_x^2) : valor absoluto; CVg: %; Gs: $\sqrt{X+1}/\text{parcela}$ e em percentuais (entre parênteses).						

Tabela 26 - Estimativas da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$), variância do erro experimental entre parcelas ($\hat{\sigma}_e^2$), coeficiente de herdabilidade no sentido restrito (h_x^2), coeficiente de variação genética (CVg) e progresso genético esperado com seleção (Gs) para o caráter número de dias para o florescimento (DF), nos quatro cruzamentos.

Parâmetros		C r u z a m e n t o s							
		OC-79230 X BR-80-8858		BR-80-8858 X BR-80-14853		BR-80-14853 X PI-165896		BR-80-14853 X PI-239235	
		estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP	estimativas	DP
$\hat{\sigma}_A^2$		29,7154	4,3912	15,5128	2,1446	13,7079	2,1156	18,5018	2,6739
$\hat{\sigma}_e^2$		2,9000	0,3543	2,4200	0,2617	2,4800	0,3041	3,8200	0,4231
(h_x^2)		0,9647	0,0071	0,9459	0,0097	0,9365	0,0129	0,9297	0,0130
CVg		8,852		6,660		6,193		6,941	
Gs		9,370	(15,22)	6,704	(11,34)	6,270	(10,49)	7,258	(11,71)
$\hat{\sigma}_A^2$: (dias/parcela) ² ; $\hat{\sigma}_e^2$: (dias/parcela) ² ; (h_x^2) : valor absoluto; CVg: %; Gs: dias/parcela e em percentuais (entre parênteses).									

Tabela 28 - Produtos médios entre linhagens (PM_L) e produtos médios do erro experimental (PM_E), com os seus respectivos graus de liberdade (GL) relativos ao cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	GL_L	PM_L	GL_E	PM_E
PG X TP	57	76,525	51	-15,648
PG X TO	57	-18,720	51	-9,623
TP X TO	57	-0,730	52	0,184
PG X DM	76	335,133	127	28,321
PG X AM	76	501,944	127	124,857
AC X AM	76	0,714	131	0,114

Tabela 29 - Produtos médios entre linhagens (PM_L) e produtos médios do erro experimental (PM_E), com os seus respectivos graus de liberdade (GL), relativos ao cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	GL_L	PM_L	GL_E	PM_E
PG X TP	57	24,630	56	31,896
PG X TO	57	1,148	56	-4,174
TP X TO	57	-0,357	56	-0,408
PG X DM	95	295,070	163	6,654
PG X AM	95	593,506	163	124,566
AC X AM	95	3,506	163	0,111

Tabela 30 - Produtos médios entre linhagens (PM_L) e produtos médios do erro experimental (PM_E), relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	GL_L	PM_L	GL_E	PM_E
PG X TP		(1)		(1)
PG X TO	50	16,011	44	-2,048
TP X TO		(1)		(1)
PG X DM	72	345,448	111	34,731
PG X AM	72	342,705	111	98,577
AC X AM	72	23,518	129	0,205

(1): Estimativa da variância genética negativa.

Tabela 31 - Produtos médios entre linhagens (PM_L) e produtos médios do erro experimental (PM_E), relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	GL_L	PM_L	GL_E	PM_E
PG X TP		(1)		(1)
PG X TO	52	25,510	48	3,007
TP X TO		(1)		(1)
PG X DM	90	-17,554	157	46,434
PG X AM	90	-123,218	157	256,602
AC X AM	90	5,316	161	0,476

(1): Estimativa da variância genética negativa.

Tabela 32 - Estimativas das covariâncias genéticas (COV_g) e das covariâncias ambientais (COV_e) relativos ao cruzamento OC-79230 X BR-80-8858, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	COV_g	COV_e
PG X TP	46,087	-15,648
PG X TO	-4,549	-9,623
TP X TO	-0,457	0,184
PG X DM	114,911	28,321
PG X AM	141,231	124,857
AC X AM	0,225	0,114

Tabela 33 - Estimativas das covariâncias genéticas (COV_g) e das covariâncias ambientais (COV_e) relativos ao cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	COV_g	COV_e
PG X TP	-3,633	31,896
PG X TO	2,661	-4,174
TP X TO	0,026	-0,408
PG X DM	105,647	6,654
PG X AM	171,773	124,566
AC X AM	0,111	1,244

Tabela 34 - Estimativas das covariâncias genéticas (COV_g) e das covariâncias ambientais (COV_e) relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-165896, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	COV_g	COV_e
PG X TP	(1)	(1)
PG X TO	9,030	-2,048
TP X TO	(1)	(1)
PG X DM	116,373	34,731
PG X AM	91,434	98,577
AC X AM	8,731	0,205

(1): Estimativa da variância genética negativa.

Tabela 35 - Estimativas das covariâncias genéticas (COV_g) e das covariâncias ambientais (COV_e) relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-239235, para algumas combinações de caracteres:

Combinações	COV_g	COV_e
PG X TP	(1)	(1)
PG X TO	11,252	3,007
TP X TO	(1)	(1)
PG X DM	-23,439	46,434
PG X AM	-139,128	256,602
AC X AM	1,773	0,476

(1): Estimativa da variância genética negativa.

Tabela 36 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), dos erros associados (DP) e dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), entre os caracteres estudados, relativos ao cruzamento OC-79230 x BR-80-8858.

Correlações	r_A	DP	r_F
PG X TP	0,744	0,277	0,292*
PG X TO	-0,179	0,219	-0,197 ^{ns}
TP X TO	-0,414	0,164	-0,227 ^{ns}
PG X DM	0,605	0,141	0,469**
PG X AM	0,654	0,185	0,516**
AC X AM	0,580	0,284	0,276*

^{ns}: não significativo; *: significativo a 5%; **: significativo a 1%.

Tabela 37 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), dos erros associados (DP) e dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), entre os caracteres estudados, relativos ao cruzamento BR-80-8858 X BR-80-14853.

Correlações	r_A	DP	r_F
PG X TP	-0,083	0,503	0,084 ^{ns}
PG X TO	0,108	0,270	0,012 ^{ns}
TP X TO	0,084	0,531	-0,166 ^{ns}
PG X DM	0,571	0,147	0,366**
PG X AM	0,281	0,139	0,231 ^{ns}
AC X AM	0,669	0,128	0,481**

^{ns}: não significativo; *: significativo a 5%; **: significativo a 1%.

Tabela 38 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), dos erros associados (DP) e dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), entre os caracteres estudados, relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-165896.

Correlações	r_A	DP	r_F
PG X TP	(1)	(1)	(1)
PG X TO	0,780	0,389	0,247 ^{ns}
TP X TO	(1)	(1)	(1)
PG X DM	0,718	0,165	0,506**
PG X AM	0,084	0,144	0,081 ^{ns}
AC X AM	0,961	0,108	0,870**

(1): Estimativa da variância genética negativa.

ns: não significativo; *: significativo a 5%; **: significativo a 1%.

Tabela 39 - Estimativas dos coeficientes de correlação genética aditiva (r_A), dos erros associados (DP) e dos coeficientes de correlação fenotípica (r_F), entre os caracteres estudados, relativos ao cruzamento BR-80-14853 X PI-239235.

Correlações	r_A	DP	r_F
PG X TP	(1)	(1)	(1)
PG X TO	0,403	0,214	0,265 ^{ns}
TP X TO	(1)	(1)	(1)
PG X DM	-0,286	0,206	-0,040 ^{ns}
PG X AM	-0,211	0,139	-0,046 ^{ns}
AC X AM	0,928	0,145	0,653**

(1): Estimativa da variância genética negativa.

ns: não significativo; *: significativo a 5%; **: significativo a 1%.