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

**Herança e relações genéticas entre densidade da semente,
teores de proteína e óleo e produtividade em soja**

Luís Antônio Stabile Silva

**Tese apresentada para obtenção do título de Doutor
em Agronomia. Área de Concentração: Genética e
Melhoramento de Plantas**

**Piracicaba
2008**

Luís Antônio Stabile Silva
Engenheiro Agrônomo

**Herança e relações genéticas entre densidade da semente,
teores de proteína e óleo e produtividade em soja**

Orientador:
Prof. Dr. **NATAL ANTONIO VELLO**

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

**Piracicaba
2008**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - ESALQ/USP

Silva, Luís Antônio Stabile

Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja / Luís Antônio Stabile Silva. - - Piracicaba, 2008.
170 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2008.
Bibliografia.

1. Correlação genética e ambiental – Proteínas de plantas 2. Grãos
3. Hereditariedade 4. Melhoramento genético vegetal 5. Soja 6. Variação genética
em plantas I. Título

CDD 633.34

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

DEDICO

Aos meus pais, José Luís da Silva e Irene Stabile da Silva, pelo exemplo de vida e grande apoio à minha formação profissional.

Ao sistema de ensino público brasileiro (municipal, estadual e federal) por possibilitar minha formação intelectual desde a alfabetização até a pós-graduação.

OFEREÇO

A todos os meus mestres, certo de que cada um, ao seu tempo, deu a contribuição necessária para o êxito deste trabalho.

Aos sojicultores brasileiros por acreditarem na pesquisa que busca soluções tecnológicas para superar os desafios enfrentados pelo agronegócio da soja.

*“A sabedoria distribui a ciência e a prudente inteligência;
eleva à glória aqueles que a possuem.”*

(Eclesiástico 1, 24)

AGRADECIMENTOS

A Deus pela dádiva da vida e o entusiasmo pela pesquisa.

Aos meus pais e todos os familiares pelo carinho e incentivo.

À Universidade de São Paulo, que através da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” me deu a oportunidade de realizar este doutorado.

Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela orientação neste trabalho e pelos ensinamentos valiosos transmitidos durante o curso de pós-graduação.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos de doutorado.

A Embrapa Soja por fornecer parte do germoplasma avaliado neste trabalho e, também, pela oportunidade de realizar um treinamento no seu Laboratório de Análises Físico-químicas, sob coordenação do pesquisador M.Sc. José Marcos Gontijo Mandarino.

À pesquisadora da Embrapa Soja Dr^a. Mercedes Concórdia Carrão-Panizzi pelas sugestões importantes dadas durante a realização deste trabalho.

Aos professores pelos conhecimentos transmitidos, os quais muito ajudarão na minha vida profissional.

Aos colegas do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (Funcionários: Marcos Custódio Nekatschalow, Claudinei Antonio Didoné e Antônio Roberto Cogo; Alunos: Farias, Walter, Jair, Paulo, Flávia, Inocencio, Gilberto, Regina, Milena, Aliandra, Bruno e Jeferson) pela ajuda na realização dos experimentos e pela grande amizade. Em especial, aos colegas Paulo, Flávia e Inocencio pelas sugestões e correções finais nos manuscritos deste trabalho.

Aos funcionários do Departamento de Genética e a todos os alunos do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela amizade e pelos bons momentos de convivência.

A todos que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho, meu muito obrigado.

SUMÁRIO

RESUMO.....	9
ABSTRACT	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 DESENVOLVIMENTO	13
2.1 Revisão de Literatura	13
2.1.1 A importância da cultura da soja	13
2.1.2 Características da soja tipo alimento.....	15
2.1.3 A soja como fonte de proteínas.....	16
2.1.3.1 Glicinina (11S).....	18
2.1.3.2 Beta-conglicinina (7S)	19
2.1.4 O teor e a qualidade da proteína de soja	21
2.1.5 Melhoramento genético do teor de proteína.....	23
2.1.6 Densidade da semente e sua relação com os teores de proteína e de óleo	27
2.1.7 Correlação entre caracteres e resposta correlacionada à seleção.....	32
2.1.8 A análise gráfica <i>biplot</i> aplicada ao melhoramento genético.....	34
2.2 Material e Métodos.....	35
2.2.1 Herança genética da densidade da semente	35
2.2.1.1 Germoplasma utilizado.....	35
2.2.1.2 Procedimentos experimentais	36
2.2.1.3 Caracteres avaliados.....	37
2.2.1.4 Análises estatístico-genéticas	40
2.2.1.4.1 Análises de variância.....	41
2.2.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose	42
2.2.1.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica.....	43
2.2.1.5 Análise gráfica <i>biplot</i>	44
2.2.2 Respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente.....	46
2.2.2.1 Experimento Inicial	47
2.2.2.1.1 Germoplasma utilizado.....	47
2.2.2.1.2 Procedimentos experimentais	47

2.2.2.1.3 Caracteres avaliados.....	48
2.2.2.1.4 Análises estatístico-genéticas	50
2.2.2.1.4.1 Análises de variância.....	50
2.2.2.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade	52
2.2.2.1.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	53
2.2.2.1.4.4 Predição das médias dos teores de óleo e de proteína.....	54
2.2.2.1.4.5 Respostas correlacionadas	55
2.2.2.2 Experimento Densidade	56
2.2.2.2.1 Germoplasma utilizado.....	57
2.2.2.2.2 Procedimentos experimentais	57
2.2.2.2.3 Caracteres avaliados.....	57
2.2.2.2.4 Análises estatístico-genéticas	57
2.2.2.2.4.1 Análises de variância.....	58
2.2.2.2.4.2 Coeficientes de herdabilidade	58
2.2.2.2.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	59
2.2.2.2.4.4 Estatística descritiva.....	59
2.2.2.2.4.5 Comparações entre médias	60
2.2.2.3 Experimento Alimentos.....	61
2.2.2.3.1 Germoplasma utilizado.....	61
2.2.2.3.2 Procedimentos experimentais	62
2.2.2.3.3 Caracteres avaliados.....	62
2.2.2.3.4 Análises estatístico-genéticas	62
2.2.2.3.4.1 Análises de variância.....	62
2.2.2.3.4.2 Coeficientes de herdabilidade	63
2.2.2.3.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	63
2.2.2.3.4.4 Estatística descritiva.....	64
2.2.2.3.4.5 Comparações entre médias	64
2.2.2.3.4.6 Teores de óleo e de proteína: observados vs. preditos.....	64
2.3 Resultados e Discussão	67
2.3.1 Herança genética da densidade da semente	67
2.3.1.1 Aspectos gerais.....	67

2.3.1.2 Cruzamento USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura	69
2.3.1.2.1 Análises de variância.....	69
2.3.1.2.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose	70
2.3.1.3 Cruzamento USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) x Biloxi	71
2.3.1.3.1 Análises de variância.....	71
2.3.1.3.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose	72
2.3.1.4 Cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura.....	73
2.3.1.4.1 Análises de variância.....	73
2.3.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose	74
2.3.1.5 Cruzamento USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235	75
2.3.1.5.1 Análises de variância.....	75
2.3.1.5.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose	76
2.3.1.6 Coeficientes de correlação fenotípica.....	78
2.3.1.7 Análise gráfica <i>biplot</i>	80
2.3.2 Respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente.....	83
2.3.2.1 Aspectos gerais	83
2.3.2.2 Experimento Inicial	86
2.3.2.2.1 Análises de variância.....	86
2.3.2.2.2 Coeficientes de herdabilidade	87
2.3.2.2.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	88
2.3.2.2.4 Predição das médias dos teores de óleo e de proteína.....	91
2.3.2.2.5 Respostas correlacionadas	92
2.3.2.3 Experimento Densidade	95
2.3.2.3.1 Análises de variância.....	95
2.3.2.3.2 Coeficientes de herdabilidade	97
2.3.2.3.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	98
2.3.2.3.4 Estatística descritiva.....	101
2.3.2.3.5 Comparações entre médias	102
2.3.2.4 Experimento Alimentos.....	103
2.3.2.4.1 Análises de variância.....	104
2.3.2.4.2 Coeficientes de herdabilidade	105

2.3.2.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	105
2.3.2.4.4 Estatística descritiva.....	108
2.3.2.4.5 Comparações entre médias	108
2.3.2.4.6 Teores de óleo e de proteína: observados vs. preditos.....	109
2.3.3 Considerações finais	110
3 CONCLUSÕES	114
REFERÊNCIAS	115
ANEXOS	124

RESUMO

Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja

O elevado valor sócioeconômico da soja é atribuído, em grande parte, à combinação muito favorável de altos teores de proteína e óleo, juntamente com níveis adequados de produtividade de grãos. Porém, existe uma alta correlação negativa entre os teores de proteína e óleo, fato que dificulta o melhoramento simultâneo destes caracteres. Além disso, também existe tendência de correlação negativa e moderada entre o teor de proteína e a produtividade de grãos. Existem evidências de que a seleção para densidade da semente pode promover ganhos indiretos simultâneos no teor de proteína e na produtividade de grãos. Assim, os principais objetivos deste trabalho foram: a) estimar parâmetros genéticos relacionados com a herança da densidade da semente; b) avaliar a eficiência da seleção para densidade da semente no melhoramento do teor de proteína e da produtividade de grãos. Para o estudo de herança foram utilizados quatro cruzamentos diferentes: USP98-06.011.10 x Abura, M-SOY 8001 x Abura, USP98-06.027.03 x Biloxi e USP98-06.009.01 x PI 239.235, sendo que os parentais e as plantas F_2 foram avaliados durante a safra 2006/07. Já para avaliar as respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente foram delineados três experimentos distintos: Experimento Inicial, no qual foram avaliadas 520 progênies $F_{7:6}$, durante a safra 2005/06; Experimento Densidade, em que foram avaliadas 100 progênies $F_{8:6}$ selecionadas para densidade da semente; Experimento Alimentos, em que foram avaliadas 100 progênies $F_{8:6}$ selecionadas para soja tipo alimento. Os dois últimos experimentos foram realizados durante a safra 2006/07, e as progênies avaliadas neles foram selecionadas dentre as 520 progênies $F_{7:6}$ do Experimento Inicial. Os resultados permitiram chegar as seguintes conclusões: a) existe ampla variabilidade genética para densidade da semente; b) a herdabilidade no sentido amplo para este caráter é baixa quando estimada na geração F_2 , mas em geração avançada de endogamia atinge valor alto; c) a herança genética é aditiva e, assim, o caráter não manifesta heterose; d) existe correlação moderada e positiva da densidade da semente com a produtividade de grãos e o teor de proteína e, por outro lado, a correlação entre a densidade da semente e o teor de óleo é negativa; e) é possível identificar genótipos tipo alimento com médias altas de produtividade de grãos e teor de proteína; f) a seleção para aumentar a densidade da semente é eficiente no melhoramento simultâneo do teor de proteína e da produtividade de grãos, permitindo a obtenção de genótipos com alta produtividade de proteína; g) a seleção para reduzir a densidade da semente não promove aumentos significativos do teor de óleo.

Palavras-chave: *Glycine max*; Melhoramento de soja; Soja tipo alimento; Heterose; Herdabilidade; Correlação genética; Resposta correlacionada

ABSTRACT

Inheritance and genetic relationships among seed density, protein and oil contents and yield in soybean

The high socioeconomic importance of soybean is mainly attributed to its much favorable combination of high protein and oil contents, together with appropriate levels of seed yield. However, there is a high negative correlation between protein and oil contents, fact that difficult the simultaneous breeding of these traits. Besides, also there is tendency of negative and moderate correlation between protein content and seed yield. There are evidences that the selection for seed density can promote indirect responses in protein content and seed yield, simultaneously. The main objectives of this work were: a) to estimate genetic parameters related to inheritance of seed density; b) to evaluate the efficiency of selection for seed density in breeding protein content and seed yield. In the inheritance study, four different crosses were used: USP98-06.011.10 x Abura, M-SOY 8001 x Abura, USP98-06.027.03 x Biloxi e USP98-06.009.01 x PI 239.235. The parents and F_2 plants were evaluated during the 2006/07 season. For evaluating the correlated responses to selection for seed density three different experiments were designed: the Initial Experiment, in which were evaluated 520 $F_{7:6}$ progenies, during the 2005/06 season; the Seed Density Experiment, in that were evaluated 100 $F_{8:6}$ progenies selected for seed density; and the Food Soybean Experiment, in that were evaluated 100 $F_{8:6}$ progenies selected for food type soybean. The last two experiments were accomplished during the 2006/07 season, and the progenies were selected among the 520 $F_{7:6}$ progenies of the Initial Experiment. The results allowed the following conclusions: a) there is genetic variability for seed density; b) the broad sense heritability for seed density is low in F_2 and high in advanced generations; c) the genetic inheritance is additive, because this, there is no heterosis for seed density; d) there is moderate and positive correlation of seed density with seed yield and protein content, but the correlation between seed density and oil content is negative; e) is possible to identify food type genotypes with high means of seed yield and protein content; f) the selection to increase seed density is efficient in breeding protein content and seed yield simultaneously, obtaining genotypes with high protein yield; g) the selection to reduce seed density promote no significant increases of oil content.

Keywords: *Glycine max*; Soybean breeding; food type soybean; Heterosis; Heritability; Genetic correlation; Correlated response

1 INTRODUÇÃO

O avanço da agricultura depende muito dos resultados alcançados pelos programas de melhoramento genético. No caso da cultura da soja, devido às novas demandas do mercado, parcela desses resultados está condicionada ao progresso das pesquisas para melhorar tanto o teor como a qualidade da proteína e do óleo presentes nos grãos. A melhoria desses dois caracteres, juntamente com níveis adequados de produtividade de grãos, pode prolongar o sucesso do cultivo da soja, tão importante para o agronegócio brasileiro.

O desenvolvimento de cultivares produtivas e com teores de proteína altos sempre foi um dos principais desafios dos programas de melhoramento de soja. Estudos mostram que é possível aumentar a média do teor de proteína, pois existe considerável variabilidade genética para o caráter. Entretanto, os casos de sucesso ainda são raros, e o esforço direcionado para aumentar o teor de proteína, normalmente, veio acompanhado de redução da produtividade de grãos.

Durante décadas o melhoramento da soja obteve grande sucesso no aumento da produtividade de grãos, quase sempre acompanhado de teores de óleo satisfatórios, mas, por outro lado, ocorreu significativa redução do teor de proteína. Isto aconteceu devido a produtividade de grãos e o teor de proteína serem negativamente correlacionados. Além disso, um outro obstáculo enfrentado pelos melhoristas é a avaliação, relativamente difícil, do teor de proteína nas etapas iniciais do programa de melhoramento, pois, os métodos de determinação disponíveis, além de dispendiosos para um grande número de amostras, são em sua maioria destrutivos.

Sabe-se também que a correlação entre os teores de proteína e de óleo é negativa e alta. Isto pode incentivar o planejamento de programas de melhoramento de soja direcionados para o desenvolvimento de cultivares especializadas. Parte deles com o objetivo de desenvolver genótipos produtivos e com teores de óleo altos (acima de 23%), e a outra parte destinada ao desenvolvimento de genótipos produtivos e com teores de proteína altos (cerca de 45%).

Diante desses fatos, é difícil aumentar o teor de proteína sem reduzir a produtividade de grãos. Uma alternativa para contornar essas dificuldades seria utilizar

caracteres auxiliares na seleção, praticando-se seleção indireta para o teor de proteína. Nesse sentido, alguns estudos indicaram que a seleção para aumentar a densidade da semente pode promover acréscimo do teor de proteína, sem afetar de forma significativa a produtividade de grãos, uma vez que o teor de proteína é positivamente correlacionado com a densidade da semente e esta apresenta baixa associação com a produtividade de grãos. Além disso, contrariamente à determinação do teor de proteína, a densidade da semente é obtida por método simples, prático, rápido e de baixo custo.

Embora alguns estudos já tenham sido realizados, ainda persiste a necessidade de aprofundar o entendimento sobre as bases genéticas da densidade da semente. Faltam estudos mais detalhados sobre a variabilidade genética para o caráter e a sua associação com outros caracteres. Não obstante, foi pouco testada a eficiência da seleção quando aplicada em gerações avançadas de endogamia. Somente com um melhor entendimento desses aspectos será possível avaliar sua contribuição para o melhoramento simultâneo do teor de proteína e da produtividade de grãos.

O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo geral de avaliar a eficiência da seleção para densidade da semente no melhoramento do teor de proteína e da produtividade de grãos em soja. Também foram considerados os seguintes objetivos específicos: a) estudar a variabilidade genética da densidade da semente; b) estimar parâmetros genéticos relacionados com a herança da densidade da semente; c) avaliar as respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente no desempenho de outros caracteres; d) identificar genótipos com bom potencial produtivo e teor de proteína alto. Com os resultados deste trabalho, espera-se disponibilizar informações que possam contribuir para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento que visem desenvolver cultivares de soja mais produtivas e com teores de proteína altos.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão de Literatura

2.1.1 A importância da cultura da soja

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, é uma cultura agrícola de grande importância mundial. Sendo a espécie oleaginosa que ocupa a maior área cultivada no mundo (cerca de 94 milhões de hectares), responsável por uma produção que ultrapassou 236 milhões de toneladas de grãos na safra 2006/07 (USDA, 2007a); com esse montante de produção, é atualmente considerada a principal fonte de proteína vegetal disponível. Isso faz da soja uma das leguminosas cultivadas mais importantes de todo o mundo. O Brasil é o segundo maior produtor e exportador mundial, com uma área cultivada de aproximadamente 21 milhões de hectares e uma produção ao redor de 58 milhões de toneladas de grãos na safra 2006/07 (CONAB, 2007).

Estimativas apontam que o Brasil será o maior produtor e exportador mundial de soja em menos de dez anos. E o principal destino da soja brasileira será a China, que se consolida como maior importador mundial (USDA, 2007b). O Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) estima também, para a safra 2015/16, uma produção mundial de soja ao redor de 277 milhões de toneladas. Confirmada esta previsão, a safra brasileira de soja deverá somar cerca de 94 milhões de toneladas, cerca de 36 milhões de toneladas acima do produzido na safra 2006/07 (CONAB, 2007). Além disso, o USDA prevê que já na safra 2007/08 as exportações brasileiras de soja serão maiores que as norte-americanas, transformando o país no líder mundial do segmento. Segundo essa estimativa, a participação brasileira no mercado mundial passará de 41% do total exportado de soja para 54,5% em 2015/16, enquanto que os Estados Unidos cairão dos atuais 42,2% para 28,8% (USDA, 2007b).

Esses ótimos resultados do agronegócio de soja brasileiro podem ser atribuídos ao sofisticado pacote tecnológico desenvolvido para o cultivo da soja no país, que é resultante dos esforços realizados por várias instituições de pesquisa. Nesse sentido, um destaque especial deve ser dado ao sucesso notório dos programas de

melhoramento genético de soja do Brasil, que pode ser verificado por meio de centenas de cultivares já disponibilizadas aos agricultores (CALVO e KIIHL, 2006)

Do grão é possível extrair um óleo comestível de boa qualidade e o farelo com elevado teor protéico, além de outros subprodutos que são utilizados pela indústria de alimentos e indústria química. Segundo Vello e Silva (2006), o elevado valor sócio-econômico da soja é atribuído, principalmente, à combinação muito favorável de altos teores de proteína (cerca de 40%) e de óleo (cerca de 20%), juntamente com níveis adequados de produtividade de grãos (em média 3000 kg.ha⁻¹). Os teores de proteína e de óleo são importantes porque determinam o rendimento industrial, ou seja, o quanto pode ser produzido de óleo comestível e de farelo por tonelada de grãos processada e, também, o valor comercial dos produtos derivados.

A pesquisa genética brasileira tem exercido esforço considerável para melhorar diversos aspectos agrônômicos da soja. Foram estudadas características da planta que possibilitam a adaptação ampla a ambientes muito diversos, tais como: período juvenil longo, hábitos de crescimento e ciclos de maturação adequados, resistência a doenças e insetos pragas, tolerância ao complexo de acidez do solo e fixação simbiótica de nitrogênio nas raízes (TOLEDO et al., 1994; SPEHAR, 1995).

Nos últimos anos, com a valorização do preço internacional da soja, está havendo o interesse de aumentar os teores de proteína e/ou de óleo das cultivares. Entretanto, isto esbarra na alta correlação genética negativa existente entre os dois caracteres (WILCOX e SHIBLES, 2001; MAREGA FILHO et al., 2001). Nos Estados Unidos, por exemplo, algumas indústrias compradoras de soja já estão oferecendo prêmios aos agricultores que produzem grãos com maiores teores de proteína ou de óleo (BRUMM e HURBURGH Jr., 2006). No Brasil, o interesse crescente pelo uso do óleo de soja na produção de biodiesel, inclusive, incentivado por políticas públicas governamentais (NASS et al., 2007), pode incentivar o planejamento de programas de melhoramento de soja direcionados para o desenvolvimento de cultivares especializadas. Parte deles com o objetivo de desenvolver genótipos produtivos e com teores de óleo altos (acima de 23%), e a outra parte destinada ao desenvolvimento de genótipos produtivos e com teores de proteína altos (cerca de 45%); neste último caso,

também objetivando o desenvolvimento de cultivares com características de soja tipo alimento (WACHSNER, 2004).

2.1.2 Características da soja tipo alimento

Embora o Brasil seja um dos maiores produtores mundiais de soja, o consumo de alimentos à base de soja pela população ainda tem sido muito restrito, em razão das crenças sobre sua má digestibilidade e pelo sabor inadequado dos grãos ao paladar do brasileiro (VELLO e SILVA, 2006). Porém, atualmente, existe uma tendência crescente de mercado nos países ocidentais, incluindo-se o Brasil, de produção e de utilização da soja tipo alimento (CARRÃO-PANIZZI, 2006), como já é comum nos países asiáticos, principalmente China, Japão, Coreia e Taiwan.

A soja tipo alimento, além do seu melhor sabor, se distingue da soja tipo grão em relação ao tamanho da semente e outros caracteres muito peculiares, que podem ser agrupadas em duas categorias: 1) sementes pequenas - com peso de cem sementes menor que 10g, destinadas ao consumo na forma de broto e de *natto*; 2) sementes grandes - com peso de cem sementes igual ou maior que 20g. Esta soja de sementes grandes pode ser destinada para os seguintes usos: a) soja hortaliça (*vegetable soybean* ou *edamame*) - utilizada para consumo humano direto na forma de vagens imaturas, estágio fenológico R₆ (FEHR e CAVINESS, 1977); b) doce de soja (*Kuromame*) - feito com sementes de tegumento e hilo pretos; c) salada de soja - feita com sementes de tegumento e hilo claros; d) *tofu*, *misso* e extrato solúvel (leite de soja) - feitos com sementes de tegumento e hilo claros, e de preferência, com teor de proteína alto (ALT et al., 2002; VELLO e SILVA, 2006; SÁ et al., 2006).

O consumo de alimentos à base de soja cresceu muito nos últimos anos entre os brasileiros. E as perspectivas para a expansão do setor são ótimas. No Brasil, parte da produção de soja tipo alimento é destinada à exportação. Do que fica no mercado interno, boa parte é transformada em extrato solúvel, um dos principais ingredientes dos sucos à base de soja e polpa de frutas. Apenas uma pequena parte é usada para o consumo direto dos grãos. Para estes usos, é preferível que as cultivares tenham sementes grandes (peso de cem sementes maior que 20g), com aspecto visual atraente

(formato uniforme e tendendo a esférico, tegumento e hilo claros) e teor de proteína alto. O teor de proteína alto é o principal responsável pelo rendimento na obtenção do extrato solúvel (WACHSNER, 2004).

Devido à demanda crescente pela soja tipo alimento, nos últimos anos, as pesquisas com este tipo de soja têm avançado muito no Brasil. Por exemplo, Já existem estudos com a aplicação de marcadores moleculares microssatélites na caracterização de cultivares de soja tipo alimento (GARCIA et al., 2007). Além de atender este segmento do mercado mundial de soja, o melhoramento genético também tem inovado, direcionando seus esforços no desenvolvimento de cultivares com características especiais (CHIARI et al., 2004; MELLO FILHO et al., 2004; CARRÃO-PANIZZI, 2006); como, por exemplo, altos teores de proteína, aminoácidos essenciais, hormônios fitoestrógenos - isoflavonóides e ácidos graxos poliinsaturados - ômega 3 e 6. Segundo alguns estudos estas substâncias são benéficas à saúde humana (HOLT, 1998). É importante ressaltar, também, que em muitas das pesquisas voltadas para melhorar o teor e/ou a qualidade dos constituintes do grão é utilizado germoplasma de soja tipo alimento.

A adoção de cultivares com características nutricionais diferenciadas resultará na agregação de maior valor aos grãos e aos produtos deles derivados. Este fato já tem motivado o estabelecimento de novas linhas de pesquisa nos programas de melhoramento em instituições públicas e privadas, e também estimulado a diversificação e o crescimento das indústrias de sementes e de processamento de produtos à base de soja no Brasil.

2.1.3 A soja como fonte de proteínas

Os programas de melhoramento genético de soja do Brasil sempre deram mais ênfase ao desenvolvimento de cultivares com elevada produtividade de grãos em detrimento dos teores de proteína e/ou de óleo. Isto também foi verificado em outros países, como por exemplo, nos Estados Unidos (MAHMOUD et al., 2006) e no Canadá (MORRISON et al., 2000). Este fato ocorre, principalmente, devido à falta de incentivo econômico por parte das indústrias compradoras de soja, uma vez que os agricultores

são remunerados apenas em função da quantidade de grãos fornecida, e não pelo seu teor de proteína e/ou de óleo. Em anos mais recentes, alguns relatos têm mostrado que esta realidade pode mudar (WACHSNER, 2004; BRUMM e HURBURGH Jr., 2006).

Ao longo de décadas, os programas de melhoramento genético de soja do Brasil, Estados Unidos e Canadá obtiveram acréscimo significativo da produtividade de grãos, quase sempre, acompanhada de um ligeiro incremento do teor de óleo. Mas, por outro lado, ocorreu uma queda acentuada do teor de proteína (BONATO et al., 2000; MORRISON et al., 2000; PÍPOLO, 2002; MAHMOUD et al., 2006). Sendo que algumas cultivares apresentam teores de proteína tão baixos que não conseguem atingir os limites necessários para a obtenção do farelo rico em proteína; muito valorizado para a fabricação de rações destinadas à nutrição animal e também para a exportação (MELLO FILHO et al., 2004).

Embora os produtos à base de soja apresentem boa qualidade nutricional, a proteína da soja é deficiente em aminoácidos sulfurados (metionina e cisteína). Esta limitação é difícil de ser superada, pois alguns estudos mostraram que o aumento do teor de proteína não faz com que a qualidade da proteína seja melhorada (BURTON et al., 1982; SERRETTI et al., 1994). Assim, como o farelo de soja é ingrediente básico na formulação de rações para a nutrição de animais, nos modernos sistemas de produção é necessária a suplementação de alguns aminoácidos essenciais sintéticos.

Brumm e Hurburgh Jr. (2006) alertam para o fato de que os melhoristas de soja precisam estar atentos para manter e, se possível, até incrementar os teores de proteína nas novas cultivares que serão liberadas. Para isto, existe a necessidade de se conhecer, tanto do ponto de vista genético como bioquímico, as proteínas de reserva da semente de soja e, a partir desses conhecimentos, criar estratégias para melhorar tanto a quantidade como a qualidade da proteína (WANG et al., 2003).

Baseado na função biológica, as proteínas das sementes podem ser classificadas em dois tipos: metabólicas e de reserva. Nas proteínas metabólicas são incluídas as enzimas e as proteínas estruturais, que estão normalmente envolvidas nas atividades celulares, como por exemplo, a síntese de proteínas de reserva que junto com as reservas de óleo, são produzidas durante o desenvolvimento da semente. Quando ocorre a germinação da semente, estes constituintes são a principal fonte de

nitrogênio e esqueletos de carbono para o desenvolvimento inicial da plântula. A maioria das proteínas presente na semente de soja é proteína de reserva (CLARKE e WISEMAN, 2000; MORAES et al., 2006).

As principais proteínas existentes nas sementes das leguminosas são classificadas em dois tipos: albuminas e globulinas. Esta distinção é baseada em padrões de solubilidade. As albuminas são solúveis em água, enquanto as globulinas são solúveis em solução salina. De acordo com esta classificação a maioria das proteínas de reserva da semente de soja são as globulinas, sendo que foram encontrados dois tipos de globulinas na soja, nomeadas de glicinina e conglicinina (CLARKE e WISEMAN, 2000).

A invenção da ultracentrífuga e estudos subseqüentes realizados por Danielsson (1949), levaram à descoberta de que a glicinina e a conglicinina têm coeficientes de sedimentação próximos de 11S e 7S, respectivamente. Resultados de trabalhos realizados no Japão e nos Estados Unidos mostraram que a glicinina e a conglicinina são proteínas de múltiplas subunidades e respondem por aproximadamente 70% do total de proteína presente na semente de soja (HILL e BREIDENBACH, 1974; MEINKE et al., 1981; CLARKE e WISEMAN, 2000).

2.1.3.1 Glicinina (11S)

A glicinina é a forma purificada das globulinas que apresenta coeficiente de sedimentação igual a 11S. Representa sozinha a maior fração das proteínas de reserva da semente (250 a 350 g.kg⁻¹ de proteína) e é responsável por mais de 40% do total de globulinas da semente (MURPHY e RESURRECCION, 1984).

O modelo bioquímico atualmente aceito para a glicinina é de um hexâmero com massa molecular ao redor de 360kDa. Suas subunidades monoméricas têm uma estrutura geral na forma de A-S e S-B, em que A representa um polipeptídeo ácido de 34 a 44kDa; B representa um polipeptídeo básico com cerca de 20kDa; e S-S representa uma única ponte dissulfeto que liga os dois polipeptídeos. Estudos bioquímicos detalhados (HAYASHI et al., 1998; YAKLICH, 2001; MARUYAMA et al.,

2003) sobre as subunidades de glicinina foram possíveis por meio da técnica SDS-PAGE (Sodium Dodecyl Sulfate - PolyAcrylamide Gel Electrophoresis).

Foram caracterizadas cinco subunidades principais de glicinina, que são: $A_{1a}B_2$, $A_{1b}B_{1b}$, A_2B_{1a} , A_3B_4 e $A_5A_4B_3$ (STASWICK et al., 1981). Baseado em propriedades físicas, estas subunidades podem ser separadas em dois grupos distintos. O grupo I inclui as três primeiras subunidades, enquanto o grupo II inclui as outras duas subunidades restantes. Um aspecto importante é que as subunidades do grupo I apresentam uniformidade quanto à massa molecular e maior concentração de metionina que as subunidades do grupo II. Esta última característica está despertando o interesse dos melhoristas, pois se vislumbra nela uma alternativa para manipular a concentração de metionina da proteína da soja (UTUMI et al., 1998; MORAES et al., 2006).

Existe um polimorfismo genético considerável na globulina 11S da soja. Sendo que a mais freqüentemente encontrada pode ser classificada em dois tipos: A_5 e A_4 (KITAMURA et al., 1980). Esta classificação se baseia na presença ou ausência do polipeptídeo ácido A_5A_4 e o pareamento com o polipeptídeo básico B_3 . Já se sabe que esta ausência de subunidade é controlada por um único gene com alelo recessivo (HARADA et al., 1983).

Estudos feitos com vários acessos do banco de germoplasma de soja norte-americano e japonês resultou na identificação de mutantes que apresentam ausência de subunidades das globulinas 11S e/ou 7S. Sendo que quase todos os acessos norte-americanos estudados apresentavam as cinco subunidades da globulina 11S, enquanto cerca de 20% dos acessos japoneses apresentavam ausência da subunidade $A_5A_4B_3$ (KITAMURA, 1995).

2.1.3.2 Beta-conglicinina (7S)

Na literatura é feito referência aos tipos alfa, beta e tau-conglicinina. Estes termos foram originalmente utilizados por Catsimpoolas e Ekenstam (1969) para nomear as três frações distintas imunologicamente, separadas de uma amostra de conglicinina. Porém, em estudos subseqüentes, descobriu-se que a fração alfa-

conglícinina apresenta características de atividade enzimática semelhantes à fração 2S. Por outro lado, as frações beta e tau-conglícinina não apresentam nenhuma atividade enzimática e são diferenciadas uma da outra com base na sua capacidade de sofrer polimerização reversível a pH neutro. Ambas possuem um coeficiente de sedimentação de aproximadamente 7S, mas apenas a beta-conglícinina sofre polimerização reversível a pH neutro (YAKLICH, 2001). Além disso, por causa de sua maior proporção na fração 7S, a beta-conglícinina vem sendo estudada com maior intensidade.

A beta-conglícinina é formada por três subunidades, e o trímero possui massa molecular de 180kDa. Seus três tipos de subunidades foram designados como alfa, alfa' e beta. Estudos detalhados sobre estas subunidades são feitos por meio de cromatografia de troca iônica ou eletroforese baseada na técnica SDS-PAGE. Com base em estudos que utilizaram a técnica SDS-PAGE, as massas moleculares das subunidades alfa, alfa' e beta foram estimadas em 57, 57 e 42kDa, respectivamente (THANH e SHIBASAKI, 1976).

Todas as três subunidades têm concentrações altas dos aminoácidos aspartato, glutamato, leucina e arginina. As subunidades alfa e alfa' são bem parecidas quanto à composição de aminoácidos; ambas são destituídas de cisteína e têm baixas concentrações de metionina; e contrastam com a subunidade beta, que não contém nenhum resíduo de metionina. Todas as três subunidades de 7S são glicoproteínas e contêm de 40 a 50g de carboidratos por quilograma de globulina 7S. Além disso, a beta-conglícinina é heterogênea com respeito à composição das subunidades, podendo existir, teoricamente, até 10 múltiplas isoformas (KITAMURA, 1995).

Por fim, existem também algumas diferenças típicas entre as globulinas glicinina e beta-conglícinina. Devido suas composições e estruturas, a glicinina e a beta-conglícinina apresentam também diferenças quanto à qualidade nutricional e as propriedades funcionais. Em geral, a glicinina contém de três a quatro vezes mais resíduos de metionina por unidade de proteína do que a beta-conglícinina (KITAMURA, 1995). Assim, como a proteína da soja é deficiente em aminoácidos sulfurados, do ponto de vista nutricional, aumentar o teor de glicinina é muito interessante, conforme já foi verificado por Moraes et al. (2006).

2.1.4 O teor e a qualidade da proteína de soja

A composição química da semente de soja apresenta aproximadamente 15% de carboidratos solúveis, 15% de carboidratos insolúveis, 18% de óleo (sendo 5% de lecitina), 38% de proteína e 14% de umidade, minerais e outras substâncias em menor proporção (KIM et al., 2006). A fração protéica é nitidamente a mais importante. Porém, sabe-se que fatores genéticos e ambientais podem influenciar a composição química da semente. Dentre os fatores ambientais, por exemplo, a temperatura, a disponibilidade hídrica e o suprimento de nitrogênio, principalmente no período de enchimento dos grãos, podem provocar alterações nos teores de óleo e de proteína (PÍPOLO, 2002).

A maioria das cultivares de soja desenvolvidas nos dois principais países produtores (Estados Unidos e Brasil) têm de 38 a 40% de proteína (BONATO et al., 2000; PÍPOLO, 2002; MAHMOUD et al., 2006). Mas, segundo Wilson (2004), no banco de germoplasma de soja norte-americano existem acessos com teor de proteína de 34 a 57%. Geralmente, acessos com teores de proteína altos têm teores de óleo baixos. Sendo extremamente raro encontrar acessos que têm os teores de proteína e de óleo em níveis relativamente altos. A maioria do germoplasma com teor de proteína alto apresenta baixa produtividade de grãos, além de outros caracteres agronômicos ainda pouco melhorados (SIMPSON e WILCOX, 1983).

Como o aumento do teor de proteína pode despertar o interesse comercial das indústrias compradoras de soja, desde os anos 60 foram feitas algumas tentativas de desenvolver cultivares de soja ricas em proteína. Nos Estados Unidos, as cultivares 'Provar' (PROBST et al., 1971) e 'Protana' (WEBER e FEHR, 1970) foram selecionadas especificamente para teor de proteína alto. Mas, elas não foram aceitas prontamente pelos agricultores norte-americanos por causa de sua menor produtividade de grãos quando comparadas com as outras cultivares disponíveis no mercado. Apenas a cultivar 'Prolina', liberada já no final da década de 90, é que conseguiu conciliar teor de proteína alto com elevada produtividade de grãos (BURTON et al., 1999).

Vários estudos já mostraram que o teor de proteína é negativamente correlacionado com a produtividade de grãos (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998;

COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006). Também são observadas freqüentemente correlações negativas entre os teores de óleo, de carboidrato e de proteína (SERRETTI et al., 1994; HARTWIG et al., 1997). Porém, o avanço das pesquisas sugere que a freqüente correlação negativa entre a produtividade de grãos e o teor de proteína pode ser superada. O desenvolvimento da cultivar 'Prolina', no final da década de 90 nos Estados Unidos, é exemplo disso, pois além de associar elevada produtividade de grãos e teor de proteína alto, apresenta também melhorias na qualidade da proteína, que foi atribuído ao aumento da relação entre as globulinas 11S e 7S (KWANYUEN et al., 1997). Kitamura (1995) em *Glycine max* e Kwanyuen et al. (1997) em *Glycine soja*, também identificaram genótipos que apresentam variação genética significativa para os teores das globulinas 11S e 7S.

Como mostrado anteriormente, nas proteínas de reserva da semente de soja predomina duas globulinas: glicinina (11S) e beta-conglicinina (7S). Entretanto, Kitamura (1993) identificou alguns genótipos de soja que apresentavam baixos teores de beta-conglicinina, sendo que a relação 11S/7S chegou a valores tão altos quanto 6,03. Devido à correlação negativa existente entre os teores de 11S e de 7S, Ogawa et al. (1989) sugeriu que a globulina 11S poderia ser superproduzida para compensar a redução na produção da globulina 7S, com possível reflexo na qualidade da proteína.

Alguns estudos já foram realizados com o objetivo de determinar os efeitos da seleção para aumento do teor de proteína na composição de aminoácidos da proteína de soja. Serretti et al. (1994) encontraram variações significativas na concentração de aminoácidos entre quatro genótipos de soja que apresentam teor de proteína alto (PI 555.396, PI 555.397, PI 555.398 e PI 555.399) quando comparados com as cultivares 'Essex' e 'Manokin'. Entretanto, não foi possível detectar nenhum padrão significativo de aumento ou diminuição na concentração dos aminoácidos acompanhando a variação do teor de proteína nos quatro genótipos estudados. Mais recentemente, Takahashi et al. (2003) desenvolveram, por meio de retrocruzamentos, genótipos de soja com ausência de todas as subunidades das globulinas 11S e 7S. Neste estudo verificaram que o teor de nitrogênio da semente não foi significativamente alterado, mas a fração de nitrogênio advinda dos aminoácidos livres aumentou de 0,3 a 0,8% nas

cultivares 'Fukuyutaka' e 'Tachiyutaka' para 4,5 a 8,2% nos genótipos desenvolvidos com ausência das globulinas 11S e 7S.

Em uma linha de pesquisa parecida, Utumi et al. (1998) estudaram o efeito da eliminação genética das enzimas lipoxigenases, da subunidade alfa' de 7S e da subunidade A₅A₄B₃ de 11S na qualidade da proteína de soja. Foram realizados cruzamentos entre os genótipos 'UFV 91.751' (que não apresenta as enzimas lipoxigenases 2 e 3), 'Keburi' (que não apresenta a subunidade alfa' de 7S) e 'PBTN' (que não apresenta as três enzimas lipoxigenases e a subunidade A₅A₄B₃ de 11S). Na geração F₂ foram selecionadas sementes sem as três enzimas lipoxigenases e com presença ou ausência das subunidades alfa' e A₅A₄B₃. Este estudo mostrou que a eliminação das enzimas lipoxigenases e das subunidades alfa' e A₅A₄B₃ não promoveu redução do teor de proteína e nem das globulinas 11S e 7S. Entretanto, observou-se que houve diminuição da concentração do aminoácido metionina com a eliminação da subunidade alfa'. Isto foi atribuído ao aumento verificado na síntese das outras duas subunidades de 7S (alfa e beta) com menores concentrações de metionina. Por outro lado, foi observado aumento da concentração de metionina com a eliminação da subunidade A₅A₄B₃. Isto foi justificado pela observação de uma maior síntese das subunidades de 11S (A_{1a}B₂, A_{1b}B_{1b} e A₂B_{1a}) com maiores concentrações de metionina.

Diante dos resultados obtidos nesses estudos, verifica-se que existem muitas possibilidades de melhorar tanto o teor como a qualidade da proteína de soja. Porém, no Brasil, ainda são poucas as cultivares disponíveis aos agricultores que apresentam algumas dessas características especiais.

2.1.5 Melhoramento genético do teor de proteína

Aumentar o teor de proteína da soja sempre foi um dos desafios dos programas de melhoramento genético. Principalmente, quando também se deseja obter elevada produtividade de grãos. Reunir em um mesmo genótipo teor de proteína alto e elevada produtividade de grãos é tarefa difícil, considerando que os dois caracteres são negativamente correlacionados. A associação desses dois caracteres em um mesmo programa de melhoramento ainda representa um desafio altamente estimulante para os

melhoristas de soja. Ao longo dos anos, várias tentativas já foram feitas visando superar esse desafio.

O retrocruzamento foi uma das primeiras estratégias adotadas para aumentar o teor de proteína em soja. Caracteriza-se por ser um método de melhoramento genético simples, comumente utilizado para introduzir caracteres controlados por poucos genes, de um parental doador para um parental recorrente. Este método pode promover a quebra de ligações genéticas, como aquelas relacionadas à correlação negativa entre o teor de proteína e de óleo e, também, entre o teor de proteína e a produtividade de grãos (WILCOX e CAVINS, 1995).

Um dos melhores exemplos de sucesso com esta abordagem foi apresentado por Wehrmann et al. (1987). Neste estudo foram realizados dois retrocruzamentos com o objetivo de transferir os alelos para teor de proteína alto do parental doador (cultivar 'Pando'), com 48% de proteína e baixa produtividade de grãos, para três parentais recorrentes (linhagens) com teor de proteína baixo (em média 40%) e elevada produtividade de grãos. Nas três populações estudadas, após os dois retrocruzamentos, não foram identificadas progênies F_2 com teor de proteína igual ao da cultivar 'Pando'. Mas, cerca de 72% das progênies tiveram teor de proteína superior ao dos parentais recorrentes, e cerca de 19% destas progênies apresentaram produtividade de grãos semelhante à dos parentais recorrentes.

Todavia, existem estudos em que esse método de melhoramento foi utilizado com sucesso limitado para aumentar, simultaneamente, o teor de proteína e a produtividade de grãos da soja. Por exemplo, no trabalho de Wilcox e Cavins (1995) o fenótipo teor de proteína alto também foi originado da cultivar 'Pando' (parental doador), com 49,8% de proteína e baixa produtividade de grãos. A cultivar 'Cutler 71' foi o parental recorrente, com teor de proteína baixo (40,8%) e elevada produtividade de grãos. Depois de três retrocruzamentos foi identificada uma única progênie F_4 com teor de proteína alto (47,2%) e produtividade de grãos superior a da cultivar 'Cutler 71'. Embora a frequência de genótipos promissores tenha sido baixa, os resultados deste estudo indicam que é possível obter genótipos que apresentam, simultaneamente, teor de proteína alto e elevada produtividade de grãos.

Por outro lado, Helms e Orf (1998) estudaram a resposta direta à seleção para aumentar o teor de proteína e a sua resposta correlacionada na produtividade de grãos e no teor de óleo. Foi aplicada uma intensidade de seleção de 50% em 30 progênies $F_{4:3}$ ou $F_{5:4}$ de dez populações diferentes. As progênies foram selecionadas considerando sete ambientes distintos, sendo três ambientes com uma única repetição, três ambientes com duas repetições e o último ambiente foi considerado a média das populações nos seis ambientes anteriores. Depois de selecionadas, todas as progênies foram avaliadas novamente em outros quatro ambientes.

Com este estudo, Helms e Orf (1998) concluíram que a seleção para aumentar o teor de proteína causa decréscimo na produtividade de grãos. Uma vez que o principal ganho genético obtido foi a redução de 70 kg ha^{-1} na produtividade de grãos e o aumento de 0,7% no teor de proteína, quando as progênies foram selecionadas com base na média de duas repetições e em três ambientes. E a redução de 110 kg ha^{-1} na produtividade de grãos e o aumento de 0,5% no teor de proteína, quando a seleção foi feita com base na média das populações nos seis ambientes. Os teores de óleo não sofreram alterações significativas com a seleção.

Outro método de melhoramento já utilizado para aumentar o teor de proteína em soja é a seleção recorrente, o qual reúne procedimentos cíclicos. O princípio deste método leva à ampliação gradual da variabilidade genética. Assim, a seleção para um dado caráter pode promover ganhos genéticos sem exaurir a variabilidade genética do germoplasma. A seguir, são apresentados os procedimentos básicos que caracterizam a seleção recorrente em cada ciclo: a) escolha dos parentais; b) recombinação entre os parentais, geralmente envolvendo cruzamentos biparentais; c) avanço das gerações de endogamia; d) avaliação do desempenho agrônomo das progênies e seleção; e) as melhores progênies selecionadas são os parentais do ciclo seguinte. Quando o melhorista identifica uma progênie com desempenho agrônomo promissor, esta é encaminhada aos testes de competição de cultivares para verificar a possibilidade de ser liberada como uma nova cultivar.

A seleção recorrente para aumentar o teor de proteína em soja tem sido feita utilizando diferentes critérios de seleção e diversas fontes de germoplasma para obter a população segregante (HOLBROOK et al., 1989; XU e WILCOX, 1992; WILCOX, 1998).

Holbrook et al. 1989 construíram um índice de seleção restrito para aumentar a produtividade de grãos e manter constante o teor de proteína. A eficiência do índice foi testada em relação à seleção direta para aumentar a produtividade de grãos, o teor de proteína e a produtividade de proteína. Dois ciclos de seleção recorrente foram suficientes para aumentar a produtividade de grãos e de proteína, sem causar mudanças significativas no teor de proteína. A produtividade de grãos e de proteína das progênes selecionadas no ciclo dois foi de 171 kg.ha⁻¹ e de 93 kg.ha⁻¹, respectivamente, acima da média do ciclo zero. A seleção direta foi mais eficiente em aumentar a produtividade de grãos e de proteína do que o índice proposto, entretanto, em ciclos mais avançados de seleção direta é esperado que ocorra redução do teor de proteína.

Como a soja é uma espécie autógama, existe uma certa dificuldade em realizar hibridações durante os ciclos de seleção recorrente. Para contornar esta dificuldade, Xu e Wilcox (1992) utilizaram duas populações segregantes F₂ com a presença do gene de machoesterilidade *ms₂*. Estas duas populações foram cruzadas com uma linhagem que tem 48,4% de proteína. Foram realizados quatro ciclos de seleção recorrente utilizando a intensidade de seleção de 20% em cada ciclo. Em média, a seleção recorrente aumentou o teor de proteína em 0,8% por ciclo e reduziu o teor de óleo em 0,5% por ciclo. A correlação fenotípica estimada entre o teor de proteína e a produtividade de grãos variou de 0,18 a -0,21, indicando que seria possível identificar progênes F₂ com combinações favoráveis de produtividade de grãos e teor de proteína.

Com o auxílio de ferramentas da genética molecular é possível mapear QTL (*quantitative trait loci*) raros que são responsáveis por uma pequena independência entre os teores de proteína e de óleo, e entre o teor de proteína e a produtividade de grãos. Entretanto, estudos mostram que os QTL para estes caracteres são muito ligados (CHUNG et al., 2003). Panthee et al. (2005) também identificaram alguns QTL para o teor de proteína, teor de óleo e tamanho da semente.

Certamente, um melhor entendimento dos componentes responsáveis pela relação entre o teor de proteína e a produtividade de grãos poderá incrementar a habilidade dos melhoristas de soja em desenvolver cultivares produtivas e com teores de proteína mais altos, uma vez que os casos de sucesso ainda são poucos.

2.1.6 Densidade da semente e sua relação com os teores de proteína e de óleo

O desenvolvimento de cultivares altamente produtivas e com incremento significativo no teor de proteína e/ou de óleo, estão sempre entre os principais objetivos a serem alcançados pelos programas de melhoramento genético de soja ao redor do mundo (LI e BURTON, 2002; MAHMOUD et al., 2006). Nos programas de melhoramento que pretendem desenvolver genótipos priorizando estes três caracteres, torna-se necessário a realização de um grande número de determinações laboratoriais.

O método químico mais utilizado para a determinação do teor de proteína é o de Kjeldahl, que usa quantidades substanciais de ácido sulfúrico e hidróxido de sódio para extrair o nitrogênio presente na amostra. Alternativamente, o método de Dumas é capaz de quantificar, por meio de célula de condutividade térmica, o nitrogênio liberado após a combustão da amostra. Nestes dois métodos, a determinação do teor de proteína é feita indiretamente multiplicando-se a quantidade de nitrogênio presente na amostra moída pelo fator universal de conversão de 6,25 (AOCS, 1997).

A determinação do teor de óleo é feita geralmente por método químico utilizando-se o extrator de Soxhlet, sendo o óleo extraído da amostra moída pela lavagem (percolação) constante da mesma com solventes apolares (hexano, éter de petróleo ou éter etílico) por um período de 6 a 8 horas (AOCS, 1997).

Estes três métodos citados anteriormente possibilitam determinações bastante precisas. Entretanto, eles podem apresentar algumas das seguintes limitações: o tempo gasto por amostra analisada, o custo para realizar as análises, a geração de resíduos tóxicos e a necessidade de destruir a amostra analisada (FEHR et al., 1968; WEIR et al., 2005). Estas limitações podem dificultar a aplicação desses três métodos quando um grande número de amostras precisa ser analisado; fato comum nos programas de melhoramento genético. Neste caso, é muito importante a utilização de métodos rápidos, de baixo custo, que não gerem resíduos tóxicos e, de preferência, que não destruam a amostra analisada.

Alguns métodos indiretos para a determinação dos teores de proteína e de óleo têm sido utilizados em muitas pesquisas onde a quantidade de amostras a ser analisada é grande. Um deles é o método de infravermelho próximo (NIR) que tem sido

amplamente utilizado para a determinação simultânea dos teores de proteína, de óleo e de umidade em grãos intactos de soja (TAJUDDIN et al., 2002). Para a determinação do teor de óleo, também em grãos intactos de soja, outro método que tem sido muito utilizado é o de ressonância magnética nuclear (NMR) (WEIR et al., 2005). Entretanto, estes métodos exigem investimentos altos na aquisição de equipamentos sofisticados.

Por isso, existe a necessidade de pesquisar procedimentos alternativos. Por exemplo, já foi provado que a partir da densidade da semente é possível fazer a predição dos teores de proteína e de óleo em soja (FEHR et al., 1968). A densidade da semente que é um dos componentes da produtividade de grãos. Ou seja, a produtividade de grãos (peso por unidade de área) é o produto do número de sementes (quantidade de sementes por unidade de área) pela densidade da semente (razão entre peso e volume) e o volume da semente (LI e BURTON, 2002).

Sabe-se que a densidade da semente, embora sendo um dos componentes da produtividade de grãos, é positivamente correlacionada com o teor de proteína e negativamente correlacionada com o teor de óleo. Porém, apresenta baixa associação com a produtividade de grãos (LI e BURTON, 2002). Ao passo que o teor de proteína, geralmente, apresenta correlação negativa com a produtividade de grãos (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998; COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006). Assim, a seleção para aumentar a densidade da semente pode ser útil para melhorar indiretamente o teor de proteína, sem afetar de forma significativa a produtividade de grãos.

A seleção indireta sobre componentes da produtividade de grãos, visando desenvolver genótipos altamente produtivos, já foi realizada com sucesso em soja. Tinius et al. (1991), por exemplo, estudaram três populações com a presença do gene de machoesterilidade *ms₁*. Em duas das populações conseguiram melhorar indiretamente a produtividade de grãos praticando quatro ciclos de seleção recorrente para aumentar o tamanho da semente.

Em trabalho paralelo, Tinius et al. (1993) estudaram, nas mesmas populações com a presença do gene de machoesterilidade *ms₁*, o efeito de quatro ciclos de seleção recorrente para aumentar o tamanho da semente sobre os teores de proteína e de óleo.

Verificaram que o aumento do tamanho da semente levou ao acréscimo dos teores de proteína e de óleo nas três populações. Mas, em apenas uma das populações a produtividade de grãos aumentou sem decréscimo dos teores de proteína e de óleo. Também nesta população, a razão entre o teor de proteína e o teor de óleo foi de 2,11; e tanto a produtividade de proteína como a produtividade de óleo foram maiores em relação às outras duas populações. Este estudo sugere que a seleção recorrente para aumentar o tamanho da semente pode ser útil para melhorar indiretamente a produtividade de grãos, sem afetar de forma significativa os teores de proteína e de óleo em soja.

A densidade do óleo de soja é de aproximadamente $0,93 \text{ t.m}^{-3}$. O restante dos constituintes da semente tem uma densidade que varia de 1,3 a $1,4 \text{ t.m}^{-3}$. Sabe-se, também, que a soma dos teores de proteína e de óleo, com base na matéria seca da semente, fica entre 60 e 65%. Como observado, existe uma considerável diferença entre a densidade do óleo e do restante dos constituintes da semente de soja. Com base nisto, Hartwig e Collins (1962) propuseram que a seleção para densidade da semente pode promover acréscimo indireto dos teores de proteína ou de óleo.

Assim, o trabalho pioneiro sobre o estudo da densidade da semente em soja, associando-a aos teores de proteína e de óleo, foi publicado por Hartwig e Collins (1962). Neste estudo foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica entre a seleção para densidade da semente nas plantas F_3 e os teores de proteína e óleo determinados nas suas progênes F_4 , sendo, respectivamente, estimados em 0,46 e -0,67. Com as progênes desse mesmo cruzamento, foram estimados também os coeficientes de correlação fenotípica entre a seleção para densidade da semente nas plantas F_4 e os teores de proteína e óleo determinados nas progênes F_5 , sendo, respectivamente, estimados em 0,51 e -0,78. Em outro cruzamento, foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica entre a seleção para densidade da semente nas plantas F_3 e os teores de proteína e óleo determinados nas progênes F_5 , sendo, respectivamente, estimados em 0,43 e -0,35.

Hartwig e Collins (1962) também verificaram que a seleção de plantas com densidade da semente alta aumentava a frequência de progênes com teor de proteína alto. Por outro lado, a seleção de plantas com densidade da semente baixa aumentava

a frequência de progênies com teor de óleo alto. Desde então, alguns outros estudos têm procurado elucidar o potencial da seleção para densidade da semente no melhoramento indireto dos teores de proteína ou de óleo em soja.

Fehr e Weber (1968) realizaram três ciclos de seleção massal para tamanho e densidade da semente, avaliando progênies F_6 , F_7 e F_8 de duas populações. Foi estudado o efeito destes critérios de seleção nos teores de proteína e de óleo, com base na média das progênies. O ganho genético máximo para teor de proteína alto e teor de óleo baixo foi obtido com a seleção no sentido de aumentar o tamanho e a densidade da semente. Por outro lado, o ganho genético máximo para teor de proteína baixo e teor de óleo alto foi obtido com a seleção no sentido de diminuir o tamanho e a densidade da semente. Também foram obtidas as estimativas dos coeficientes de correlação genética entre a densidade da semente e o teor de proteína de 0,06 e 0,29, entre a densidade da semente e o teor de óleo de -0,15 e -0,60, e entre a densidade da semente e a produtividade de grãos de 0,00 e -0,05, respectivamente, para cada uma das duas populações.

Na mesma época, Smith e Weber (1968) realizaram dois ciclos de seleção massal apenas para alta e baixa densidade da semente entre progênies $F_{7:4}$ e $F_{8:6}$ de duas populações. Em geral, as progênies selecionadas para alta densidade da semente apresentaram médias mais altas do teor de proteína e mais baixas do teor de óleo, quando comparadas com as médias das populações originais. Por outro lado, as progênies selecionadas para baixa densidade da semente apresentaram médias mais baixas do teor de proteína e mais altas do teor de óleo, também quando comparadas com as médias das populações originais. Também foram obtidas as estimativas dos coeficientes de correlação genética entre a densidade da semente e o teor de proteína de 0,71 e 0,69, entre a densidade da semente e o teor de óleo de -0,95 e -1,06, e entre a densidade da semente e a produtividade de grãos de -0,20 e 0,41, respectivamente, para cada uma das duas populações.

O trabalho mais recente encontrado sobre o estudo da densidade da semente em soja, associando-a aos teores de proteína e de óleo, foi publicado por Li e Burton (2002). Neste estudo foi avaliada a eficiência da seleção direta e da resposta correlacionada à seleção para densidade da semente nos teores de proteína e de óleo.

Foram selecionadas plantas machoestéreis com alta e baixa densidade da semente em três populações diferentes. Os autores concluíram que a seleção para alta e baixa densidade da semente, no caso da seleção praticada entre plantas machoestéreis, não foi eficiente em promover alterações na média das populações melhoradas quanto à densidade da semente e aos teores de proteína e de óleo. Porém, foi verificado que a seleção é eficiente se realizada entre progênies F_2 e, assim, os autores sugerem que a seleção recorrente para densidade da semente, em populações com a presença do gene de machoesterilidade ms_1 , pode ser uma boa alternativa para aumentar o teor de proteína sem redução da produtividade de grãos.

Neste mesmo trabalho, também foram obtidas as estimativas dos coeficientes de correlação genética entre a densidade da semente e o teor de proteína de 0,90, 0,33 e 0,24, entre a densidade da semente e o teor de óleo de -0,39, -0,27 e -0,49, e entre a densidade da semente e a produtividade de grãos de 0,21, -0,25 e 0,30, respectivamente, para cada uma das três populações (LI e BURTON, 2002).

O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente é geralmente mais alto do que para a produtividade de grãos, mas é inferior ao dos teores de proteína e de óleo. Smith e Weber (1968), por exemplo, obtiveram estimativas de coeficientes de herdabilidade no sentido amplo de moderadas a altas (76 e 52%) para a densidade da semente, moderadas (57 e 52%) para a produtividade de grãos, altas (90 e 86%) para o teor de proteína e, também, altas (89 e 88%) para o teor de óleo, respectivamente, para cada uma das duas populações estudadas. Em trabalho mais recente, Li e Burton (2002) obtiveram estimativas de coeficientes de herdabilidade no sentido amplo de moderadas a altas (55, 67 e 47%) para a densidade da semente, de baixas a moderadas (32, 44 e 50%) para a produtividade de grãos, altas (65, 78 e 82%) para o teor de proteína e, também, altas (66, 82 e 81%) para o teor de óleo, respectivamente, para cada uma das três populações estudadas.

Entretanto, no estudo realizado por Fehr e Weber (1968) foram obtidas estimativas mais altas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente (83 e 88%) em relação ao da produtividade de grãos (39 e 28%) e aos dos teores de proteína (76 e 77%) e de óleo (74 e 72%), respectivamente, para cada uma das duas populações estudadas. Em um estudo realizado recentemente por

Silva (2004) foram encontradas diferenças significativas para a densidade da semente entre dez cultivares brasileiras de soja. Neste estudo o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente também foi alto (94%).

2.1.7 Correlação entre caracteres e resposta correlacionada à seleção

O conhecimento da associação entre os caracteres é de grande importância nos programas de melhoramento genético. Uma vez que permite ao melhorista prever mudanças no desempenho de um determinado caráter quando a seleção é praticada em outro caráter, sendo denominada de resposta correlacionada à seleção. Para sua aplicação é necessário distinguir as causas da associação entre os caracteres (correlação fenotípica), que podem ser de natureza genética ou ambiental.

A principal causa da correlação genética é a pleiotropia, que ocorre quando os genes controlam mais de um caráter simultaneamente. Segundo Falconer (1981), a correlação genética advinda do efeito pleiotrópico dos genes é permanente. Além disso, a correlação genética resultante do efeito pleiotrópico expressa o efeito conjunto de todos os genes que estão segregando e que afetam ambos os caracteres. Alguns genes podem aumentar a média de dois caracteres simultaneamente, enquanto outros podem aumentar a média de um caráter e reduzir a média do outro. Na primeira situação os dois caracteres têm uma correlação genética positiva, enquanto que na segunda situação ocorre uma correlação genética negativa (RAMALHO et al., 1993).

Existe também o efeito das ligações gênicas, que são consideradas causas transitórias da correlação genética, especialmente em populações derivadas do cruzamento entre genótipos muito divergentes (CRUZ e REGAZZI, 2001). Neste caso, a correlação genética vai sendo dissipada à medida que ocorre a permuta entre os genes que estão ligados. Assim, a correlação genética é tanto maior quanto mais próximos estiverem os genes no cromossomo. Isto ocorre porque, quanto mais próximos eles estiverem, maior a probabilidade deles permanecerem juntos, e com isso, será maior a associação entre os caracteres controlados por estes genes (RAMALHO et al., 1993).

Também é comum que as condições ambientais atuem simultaneamente em dois caracteres. Neste caso, a correlação fenotípica é influenciada também por causas

ambientais que podem aumentar ou diminuir a média dos caracteres. Enquanto algumas condições ambientais fazem com que a média de dois caracteres aumente simultaneamente, outras podem aumentar a média de um caráter e reduzir a média do outro. Na primeira situação os dois caracteres têm uma correlação ambiental positiva, já na segunda situação ocorre uma correlação ambiental negativa (RAMALHO et al., 1993; CRUZ e REGAZZI, 2001).

Quando se pratica seleção num determinado caráter, a resposta na progênie para esse caráter é chamada resposta direta, ao passo que a resposta obtida em outros caracteres é o que se chama resposta correlacionada ou indireta. Assim, segundo Falconer e Mackay (1996), a resposta correlacionada à seleção é definida como o aumento médio no mérito genético de um caráter y de interesse, quando a seleção é praticada no caráter x .

Enquanto a resposta direta depende apenas da herdabilidade do caráter e da variação genética disponível à seleção, a resposta correlacionada depende também da correlação genética existente entre os dois caracteres. Então, a resposta correlacionada pode ser obtida pelo produto da resposta direta pela regressão do mérito genético de um caráter y de interesse em função do mérito genético do caráter x selecionado.

Se a razão entre a resposta correlacionada e a resposta direta for maior que 1, a resposta correlacionada em y , obtida pela seleção em x , será maior que o ganho genético obtido selecionando-se diretamente em y (FALCONER e MACKAY, 1996).

A seguir, são apresentadas algumas situações em que a resposta correlacionada pode ser mais vantajosa do que a seleção direta no próprio caráter: a) quando o caráter y de interesse apresenta baixa herdabilidade em razão de erros de medição ou variação ambiental; b) quando pode ser exercida maior intensidade de seleção em outro caráter em comparação com o caráter y de interesse; c) quando os dois caracteres têm alta correlação genética e a herdabilidade do caráter x é maior em comparação com a do caráter y de interesse; d) o caráter x pode ser medido mais precocemente do que o caráter y de interesse; e) é mais fácil e mais econômico mensurar o caráter x do que o caráter y de interesse (FALCONER e MACKAY, 1996; CRUZ e REGAZZI, 2001).

2.1.8 A análise gráfica *biplot* aplicada ao melhoramento genético

A análise gráfica *biplot* foi proposta inicialmente por Gabriel (1971), para estudar as relações existentes entre observações (linhas) e variáveis (colunas) em tabelas completas de dupla entrada. Nesse sentido, a sua aplicação no melhoramento genético pode constituir-se numa ferramenta estatística poderosa quando se deseja explorar em uma mesma análise, não somente as relações existentes entre genótipos (dissimilaridade ou similaridade), mas também as correlações entre os caracteres avaliados nestes genótipos (YAN e RAJCAN, 2002; GOWER, 2004). Essas associações, freqüentemente, são peculiares a determinados conjuntos de genótipos que passaram por processos evolutivos ou de melhoramento genético semelhantes, conforme evidenciado no estudo realizado por Rubio et al. (2004), em que se verificou a existência de associação entre determinados genótipos de tremço branco e o seu respectivo local de origem.

As propriedades da análise gráfica *biplot*, típicas de uma estatística multivariada, também podem auxiliar na escolha dos genótipos mais promissores quanto a um conjunto de caracteres de interesse para o melhoramento genético, conforme verificado por Silva e Vello (2006) em soja, por Galiana-Balaguer et al. (2006) em tomate, e por Asoro et al. (2007) em milho. Com este tipo de análise são disponibilizadas informações que permitem identificar genótipos que apresentam caracteres muito ou pouco correlacionados entre si. Desta forma, o melhorista pode escolher aqueles genótipos que mais atendem aos objetivos do seu programa de melhoramento.

A análise multivariada, baseada na representação gráfica *biplot*, apresenta ainda outra propriedade bastante interessante que é conferida pela decomposição por valores singulares da matriz de dados. Que é a capacidade de separar um padrão de variação dos dados de seu ruído associado (JOHNSON e WICHERN, 2002; YAN e KANG, 2002; GABRIEL, 2002).

Segundo Le Roux e Gardner (2005), a análise gráfica *biplot* não é apenas a descrição visual detalhada de um fenômeno caracterizado de forma multidimensional, embora isto seja muito útil; mais que isso, ela proporciona a pesquisadores de

diferentes áreas uma plataforma onde são transformadas idéias teóricas em aplicações visuais criativas.

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Herança genética da densidade da semente

Esta etapa do trabalho teve o propósito de elucidar as bases genéticas da densidade da semente em soja. Foram avaliadas plantas F_2 e seus respectivos parentais, em quatro cruzamentos biparentais diferentes.

2.2.1.1 Germoplasma utilizado

O germoplasma utilizado na realização deste estudo faz parte do programa de ampliação da base genética e melhoramento de soja em andamento no Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

Para estimar os parâmetros genéticos relacionados com a densidade da semente foram utilizadas plantas F_2 . Estas plantas foram obtidas a partir de cruzamentos entre parentais com teores de proteína altos (em média 43%) e parentais com teores de proteína baixos (em média 39%). Este critério foi adotado para permitir que as populações segregantes apresentassem variação genética para teor de proteína e, possivelmente, para densidade da semente, já que estudos anteriores mostraram que estes dois caracteres são positivamente correlacionados (HARTWIG e COLLINS, 1962; LI e BURTON, 2002).

Portanto, foram escolhidos três parentais com teor de proteína alto: Abura, Biloxi e PI 239.235. Os outros parentais escolhidos, que apresentam teor de proteína baixo (possivelmente associado com baixa densidade da semente), foram três linhagens USP (USP98-06.011.10 = Araçatuba x Doko, USP98-06.027.03 = IAC PL-1 x

FT-2 e USP98-06.009.01 = TMV x Doko) e a cultivar (M-SOY 8001 = Empaer 10 x Coker 6738).

Antes de iniciar os cruzamentos foi feita a escolha dos parentais envolvidos em cada cruzamento biparental. Esta escolha foi feita observando o propósito de maximizar a obtenção de plantas F_2 segregantes para teor de proteína e densidade da semente. Assim, foram realizados os seguintes cruzamentos: USP98-06.011.10 x Abura, M-SOY 8001 x Abura, USP98-06.027.03 x Biloxi e USP98-06.009.01 x PI 239.235. Nos quatro cruzamentos foi utilizado como parental masculino aquele que apresentava teor de proteína alto. Isto foi feito para garantir que, caso exista efeito materno controlando o caráter teor de proteína, as plantas F_2 seriam afetadas da mesma maneira nos quatro cruzamentos.

2.2.1.2 Procedimentos experimentais

As hibridações artificiais para a obtenção dos cruzamentos biparentais foram realizadas dentro de telado durante a safra 2004/05. Os blocos de cruzamentos foram formados a partir de sementeiras em vasos de cerâmica em oito épocas, com intervalos de uma semana. Isto foi feito para obter maior coincidência do florescimento entre os parentais e, também, aumentar o período com flores disponíveis para serem cruzadas.

As vagens oriundas dos cruzamentos, na medida em que amadureciam, foram colhidas individualmente, identificadas e armazenadas em câmara fria e seca. Todas as sementes resultantes das hibridações foram multiplicadas em canteiro durante a safra 2005/06. Cada provável semente F_1 foi semeada, individualmente, em cova. Durante o desenvolvimento das plantas procurou-se identificar as provenientes de autofecundação, quando possível, pela observação de características morfológicas (marcadores fenotípicos), tais como: cor de hipocótilo, cor de flor, cor de pubescência e cor de vagem. Foram descartadas todas as plantas em que o fenótipo marcador do cruzamento não se expressou.

As plantas F_1 foram colhidas individualmente e as sementes F_2 dos quatro cruzamentos, mais seus respectivos parentais, foram utilizadas para a realização de experimentos no sistema de covas desbastadas (covas contendo uma única planta

após o desbaste), durante a safra 2006/07, na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Esta área experimental é localizada no município de Piracicaba - SP, dentro do campus sede da ESALQ/USP, com 22°42' de latitude Sul e 47°39' de longitude Oeste, e cerca de 540m de altitude em relação ao nível do mar.

Cada cruzamento foi avaliado em um experimento independente, possuindo três tratamentos (os dois parentais e as plantas F_2), sob o delineamento de blocos ao acaso com oito repetições. A parcela experimental foi constituída por uma fileira de quatro plantas, no caso dos dois parentais, e cinco fileiras de quatro plantas, no caso das plantas F_2 ; cada repetição compreendeu um total de 28 covas de plantas individuais espaçadas 0,80m x 0,80m entre e dentro de fileiras. Assim, cada experimento foi delineado para avaliar 32 plantas de cada parental e 160 plantas F_2 .

O preparo do solo foi feito de forma convencional, ou seja, com arações e gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada. A adubação mineral utilizada foi de 400 kg.ha⁻¹ do formulado comercial 4-20-20 (N, P₂O₅ e K₂O). A semeadura foi feita manualmente nos sulcos. Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré e pós-emergência, complementados com capinas manuais, quando necessário. Logo após a semeadura e durante o desenvolvimento das plantas foi feita irrigação suplementar, utilizando um sistema de irrigação por aspersão convencional. O controle de doenças e insetos pragas, quando necessário, foi realizado utilizando os mesmos produtos químicos recomendados e os mesmos procedimentos de aplicação adotados para a soja cultivada em áreas comerciais.

2.2.1.3 Caracteres avaliados

Cada planta foi avaliada individualmente para os seguintes caracteres:

Número de dias para a maturidade (NDM): avaliado no estágio fenológico R₈ (FEHR e CAVINESS, 1977), e correspondente ao número de dias entre a data de semeadura e a data na qual a planta apresentava 95% ou mais das vagens maduras.

Altura da planta na maturidade (APM): avaliada também quando a planta estava no estágio fenológico R₈. É o comprimento da haste principal, em centímetros, desde o colo da planta até a inserção da vagem mais distal.

Produtividade de grãos (PG): avaliada após a secagem dos grãos em ambiente com circulação forçada de ar no laboratório. É o peso dos grãos colhidos, em gramas por planta (g.planta⁻¹).

Peso de cem sementes (PCS): avaliado em amostra com cem sementes sem danos e desenvolvimento normal, em gramas.

Densidade da semente (DS): determinada com base no Princípio de Arquimedes, estabelecido por volta do ano 250 a.C. Segundo este princípio, a força de empuxo num objeto submerso é igual ao peso do líquido deslocado pelo objeto. Se o líquido considerado for a água, que apresenta a densidade de um grama por centímetro cúbico, torna-se possível determinar o volume do objeto. Com este volume e o peso do objeto é possível estimar sua densidade ou gravidade específica ou peso específico. Este princípio já foi utilizado na determinação indireta da densidade em tubérculos de batata (SCHIPPERS, 1976), sementes de milho (WESSEL-BEAVER et al., 1984), ovos (HEMPE et al., 1988; FREITAS et al., 2004) e, também, sementes de soja (LI e BURTON, 2002).

O principal aparato de pesagem consistiu em uma balança hidrostática com precisão de 0,01 grama. Esta balança foi colocada sobre uma estrutura metálica posicionada em cima de um recipiente com água à temperatura ambiente. Nesse tipo de balança existe um mecanismo de pesagem também na parte inferior, no qual foi acoplado um fio de náilon onde fica preso o recipiente destinado à pesagem da amostra dentro da água, conforme mostrado na figura 1 da seção anexos.

Para estimar a densidade foram utilizadas amostras com cem sementes sem danos e desenvolvimento normal. O primeiro passo foi medir o peso da amostra no ar (PCS_{ar}), simplesmente colocando a amostra sobre a plataforma de pesagem da balança. O segundo passo foi medir o peso da mesma amostra dentro da água

($PCS_{\text{água}}$), utilizando o aparato montado na parte inferior da balança. Com base nessas duas medidas é estimada a densidade da semente, que neste trabalho será apresentada em toneladas por metro cúbico ($t.m^{-3}$), pela seguinte expressão:

$$DS = \frac{PCS_{ar}}{PCS_{ar} - PCS_{\text{água}}}$$

Número de sementes por planta (NSP): estimado por meio da produtividade de grãos, multiplicada por cem e dividida pelo peso de cem sementes.

Teor de óleo (TO): com os valores expressos em porcentagem relativa à matéria seca das sementes, foi determinado indiretamente por meio da técnica de Ressonância Magnética Nuclear (NMR), em equipamento da marca Oxford, modelo 4000 NMR Magnet Analyzer. Para as análises foram necessários 25 gramas de sementes intactas por amostra. As análises utilizando a técnica de NMR foram realizadas no Laboratório de Análises Físico-químicas pertencente à Área de Genética e Melhoramento da Embrapa Soja. Em algumas amostras, tomadas ao acaso, foi feita também a determinação pelo método químico padrão utilizando-se o extrator de Soxhlet, sendo o óleo extraído da amostra moída pelo solvente éter etílico. Este método químico foi utilizado com o propósito de aferir a precisão dos teores de óleo obtidos pela técnica de NMR.

Antes de iniciar as análises, as amostras foram acondicionadas em câmara climatizada à 7°C de temperatura e 40% de umidade relativa durante 22 dias consecutivos. Com isso, o teor de umidade das amostras tende a se uniformizar, melhorando a qualidade das análises realizadas pela técnica de NMR.

Teor de proteína (TP): com os valores expressos em porcentagem relativa à matéria seca das sementes, foi determinado indiretamente por meio da técnica de Infravermelho Próximo (NIR), em equipamento da marca Foss Tecator, modelo Infratec 1241 Grain Analyzer. Para as análises foram necessários 50 gramas de sementes intactas por amostra. As análises utilizando a técnica de NIR foram realizadas no

Laboratório de Análises Físico-químicas pertencente à Área de Genética e Melhoramento da Embrapa Soja. Em algumas amostras, tomadas ao acaso, foi feita também a determinação pelo método químico padrão (Kjeldahl) para aferir a precisão dos teores de proteína obtidos pela técnica de NIR. Alternativamente, o método de Dumas, realizado em equipamento da marca Leco, modelo FP-528, também foi utilizado para aferir a precisão dos teores de proteína obtidos pela técnica de NIR. As análises que utilizaram o método de Dumas foram realizadas no Laboratório de Bromatologia pertencente ao Departamento de Zootecnia da ESALQ/USP. Nesses dois métodos químicos a determinação do teor de proteína é feita indiretamente, multiplicando-se a quantidade de nitrogênio presente na amostra moída pelo fator universal de conversão de 6,25.

Razão entre o teor de proteína e óleo (TP/TO): determinada por meio da divisão do teor de proteína pelo teor de óleo, assim, é possível verificar a proporção entre estes dois constituintes na semente.

Produtividade de óleo (PO): determinada por meio do teor de óleo, dividido por cem e multiplicado pela produtividade de grãos, em g.planta⁻¹.

Produtividade de proteína (PP): determinada por meio do teor de proteína, dividido por cem e multiplicado pela produtividade de grãos, em g.planta⁻¹.

Soma da produtividade de óleo e proteína (PO+PP): determinada por meio da soma direta da produtividade de óleo e da produtividade de proteína, em g.planta⁻¹. Isto foi feito com o propósito de avaliar o desempenho simultâneo em relação aos três caracteres originais (TO, TP e PG).

2.2.1.4 Análises estatístico-genéticas

Para atingir os objetivos desta parte do trabalho, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS[®] (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE

INC., 1996) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 1997), conforme descrito a seguir.

2.2.1.4.1 Análises de variância

As análises de variância de todos os caracteres avaliados foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com mais de uma planta avaliada por parcela, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + e_{(ij)} + d_{(ij)k}$$

Em que:

Y_{ijk} : é o valor observado referente à planta k do genótipo i e na repetição j;

μ : é o efeito fixo da média geral do experimento;

g_i : é o efeito aleatório do genótipo i, sendo (i = 1, 2 e 3);

r_j : é o efeito aleatório da repetição j, sendo (j = 1, 2, ..., 8);

$e_{(ij)}$: é o efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu o genótipo i na repetição j, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 ;

$d_{(ij)k}$: é o efeito aleatório da planta k dentro da parcela ij, sendo para cada um dos parentais (k = 1, 2, 3 e 4) e para as plantas F_2 (k = 1, 2, ..., 20).

Os procedimentos estatísticos envolveram a realização de contrastes que permitiram verificar a existência de divergência genética entre os parentais e inferir se a herança genética dos caracteres é do tipo aditiva ou dominante. A herança genética do tipo dominante engloba a dominância parcial, dominância completa e sobredominância.

2.2.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose

Para estimar os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram obtidas as variâncias fenotípicas, ambientais e genéticas para cada caráter avaliado. Estas variâncias foram obtidas de acordo com Ramalho et al. (1993), assim:

σ_F^2 : é a variância fenotípica obtida diretamente a partir da variância dentro de F_2 . Como as plantas F_2 têm alta frequência de genótipos heterozigóticos, esta variância tem um componente genético e outro ambiental;

σ_E^2 : é a variância ambiental estimada a partir da média das variâncias dentro de cada parental (P_1 e P_2). Como os parentais têm genótipos homozigóticos (linhagens), esta variância é toda de natureza ambiental;

σ_G^2 : é a variância genética estimada a partir da diferença entre a variância dentro de F_2 e a média das variâncias dentro de cada parental. Dessa forma, pressupõe-se que o efeito ambiental atue da mesma maneira nos parentais e nas plantas F_2 .

Portanto, os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), em porcentagem, foram estimados de acordo com a seguinte expressão:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_F^2 - \sigma_E^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \cdot 100$$

A partir da variância genética e a média de cada caráter foram estimados os coeficientes de variação genética (CV_G), em porcentagem, de acordo com a seguinte expressão:

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

A porcentagem de heterose (h) para os caracteres avaliados foi estimada de acordo com Vencovsky e Barriga (1992), com a adaptação necessária para dados de plantas F_2 , sendo utilizada a seguinte expressão:

$$h = \frac{2 \cdot (\bar{F}_2 - \overline{MP})}{\overline{MP}} \cdot 100$$

Em que:

$\bar{F}_2$: é a média das plantas F_2 ;

$\overline{MP}$: é a média entre os dois parentais que deram origem às plantas F_2 .

2.2.1.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados foi utilizada a expressão apresentada por Cruz e Regazzi (2001). Inicialmente, apenas para os dados das plantas F_2 , foram obtidas as variâncias fenotípicas para cada caráter e as covariâncias fenotípicas entre os possíveis pares de caracteres. A obtenção das estimativas de covariância fenotípica foi por meio dos produtos médios, assim:

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

Em que:

$r_{F(x, y)}$: é o coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres x e y;

$COV_{F(x, y)}$: é a covariância fenotípica entre os caracteres x e y;

$\sigma^2_{F(x)}$ e $\sigma^2_{F(y)}$: são as variâncias fenotípicas dos caracteres x e y.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade (BEIGUELMAN, 2006), por meio da seguinte expressão:

$$t = r \cdot \sqrt{\frac{n-2}{1-r^2}}$$

Em que:

r : é o coeficiente de correlação fenotípica;

n : é o número de pares de dados utilizados na estimativa de r .

A significância é testada com base numa hipótese de nulidade ($H_0 : \rho = 0$) contra uma hipótese alternativa ($H_a : \rho \neq 0$).

2.2.1.5 Análise gráfica *biplot*

Essa análise foi feita com as médias dos caracteres PG, DS, TO e TP obtidos dos parentais e das plantas F_2 . Assim, para cada um dos quatro cruzamentos estudados, foram analisadas matrizes de dados $Y_{n \times p}$, em que n é igual ao número de caracteres avaliados e p é relativo às médias entre os dois parentais, de cada um dos parentais e das plantas F_2 (MP, P_1 , P_2 e F_2).

Este tipo de análise gráfica foi proposta inicialmente por Gabriel (1971), e se baseia na decomposição por valores singulares (DVS) de uma matriz por outra de posto inferior. Por meio desta técnica são fornecidas as melhores estimativas dos autovalores e autovetores característicos da matriz de dados $Y_{n \times p}$.

Dependendo da magnitude dos dois primeiros autovalores considerados na análise é possível identificar um padrão de variação principal nos dados e excluir, conseqüentemente, uma variação residual que não é devido diretamente ao fenômeno estudado. Então, uma parte da variação encontrada nos dados é atribuída a efeitos não explicáveis. Dessa maneira, a aproximação pela DVS da matriz de caracteres pelas médias do MP, P_1 , P_2 e F_2 , considerando apenas os dois primeiros autovalores e seus respectivos autovetores, além da variação residual, pode ser escrita da seguinte forma:

$$y_{ij}' = \sum_{k=1}^2 \lambda_k \alpha_{ik} \gamma_{jk}' + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

y_{ij}' : é a média estandardizada do caráter i no genótipo j;

λ_k : é o autovalor k;

α_{ik} : é o autovetor do caráter i referente ao autovalor k;

γ_{jk}' : é o autovetor do genótipo j referente ao autovalor k;

ε_{ij} : é o resíduo associado ao caráter i no genótipo j.

Utilizando notação matricial e o modelo simétrico (ROOIJ e HEISER, 2005), a aproximação pela DVS da matriz de médias estandardizadas ($Y_{n \times p}$), com base no desvio padrão de cada caráter, pode ser simplesmente apresentada da seguinte forma:

$$Y_{n \times p} = [y_{ij}'] = U S V' = (U S^{1/2}) (S^{1/2} V') = (G) (H')$$

Em que:

U : tem em suas colunas os n autovetores α ;

V' : tem em suas linhas os n autovetores γ' ;

S : tem na sua diagonal os n autovalores λ .

A matriz G terá, então, I autovetores denominados marcadores de caracteres, cada um com I linhas, que correspondem às coordenadas dos caracteres para cada autovalor obtido pela DVS. Da mesma forma, a matriz H' terá J autovetores denominados marcadores de médias do MP, P_1 , P_2 e F_2 , cada um com J linhas, que correspondem às coordenadas das médias do MP, P_1 , P_2 e F_2 para os respectivos autovalores obtidos pela DVS. Dada a ortogonalidade dos componentes da DVS, pode-se posicionar os I caracteres e as J médias do MP, P_1 , P_2 e F_2 num sistema cartesiano com n eixos (dimensões) perpendiculares. Nesse trabalho foi adotado n igual a 2, ou seja, a representação gráfica foi feita apenas em duas dimensões.

A álgebra matricial necessária para a obtenção da DVS e a representação gráfica foram feitas utilizando procedimentos apropriados do SAS®/IML e SAS®/GPLOT (SAS INSTITUTE INC., 1996), respectivamente. De forma aproximada, as inferências sobre correlação foram baseadas no cosseno do ângulo entre dois vetores. Assim, de acordo com Gower (2004) tem-se $r = \cos 180^\circ = -1$ (correlação inversa), $r = \cos 0^\circ = 1$ (correlação direta) e $r = \cos 90^\circ = 0$ (ausência de correlação).

2.2.2 Respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente

Esta etapa do trabalho teve o propósito de avaliar a eficiência da seleção para densidade da semente, principalmente, na alteração do teor de proteína da semente, além de outros caracteres de importância agrônômica para a soja.

Para atingir este objetivo, foram delineados três experimentos distintos. O primeiro foi denominado Experimento Inicial, no qual foram avaliadas 520 progênies $F_{7:6}$, durante a safra 2005/06. As progênies utilizadas nos dois experimentos seguintes, realizados durante a safra 2006/07, foram selecionadas dentre as 520 progênies $F_{7:6}$ avaliadas no Experimento Inicial (tabela 10). Em um deles, denominado Experimento Densidade, foram avaliadas 100 progênies $F_{8:6}$ selecionadas apenas para densidade da semente. E no outro, denominado Experimento Alimentos, foram avaliadas 100 progênies $F_{8:6}$ selecionadas para soja tipo alimento. A seguir, são apresentados detalhes da realização e da análise dos dados de cada um dos três experimentos.

2.2.2.1 Experimento Inicial

O objetivo principal deste experimento foi avaliar a existência de variação genética para densidade da semente num grande número de progênies em geração avançada de endogamia.

2.2.2.1.1 Germoplasma utilizado

Para a realização do experimento foram utilizadas 520 progênies $F_{7:6}$, em geração avançada de endogamia, provenientes de plantas competitivas amostradas aleatoriamente de 35 *bulks* $F_{6:2}$ oriundos do cruzamento entre vários parentais de soja tipo alimento e tipo grão. Estes *bulks* foram previamente escolhidos por apresentarem bom desempenho em relação a vários caracteres e uma ampla base genética, além de incluir parentais com teor de proteína alto. Com isso, possivelmente, estaria garantida a variação genética suficiente para executar o processo de seleção proposto neste trabalho.

Essas progênies foram desenvolvidas pelo programa de ampliação da base genética e melhoramento de soja do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da ESALQ/USP. A denominação de cada progênie foi feita com uma seqüência de quatro conjuntos de algarismos. Assim tem-se, por exemplo, a progênie 19-001-01-01, em que o primeiro conjunto de algarismos refere-se ao subprograma soja tipo alimento, o segundo refere-se ao número do cruzamento (tabela 10), o terceiro refere-se ao número da planta F_2 e o quarto refere-se ao número da progênie F_6 .

2.2.2.1.2 Procedimentos experimentais

Os 35 *bulks* $F_{6:2}$ foram multiplicados a campo na Estação Experimental Anhembi durante a safra 2004/05. Destes *bulks* foram amostradas aleatoriamente 520 progênies $F_{7:6}$ para avaliação durante a safra 2005/06 na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP. Para esse experimento foi utilizado o

delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, cada uma estratificada em 20 conjuntos experimentais. Cada conjunto experimental foi composto por 26 progênies e quatro testemunhas (IAC PL-1, IAC 100, Embrapa 48 e Nimame). A parcela experimental foi uma fileira de 2m x 1m. Para a realização desse experimento, o preparo do solo, a adubação mineral, a semeadura, a irrigação e o controle de plantas daninhas, doenças e insetos pragas, foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.2.

2.2.2.1.3 Caracteres avaliados

Nesse experimento foram avaliados os seguintes caracteres:

Número de dias para a maturidade (NDM): avaliado no estágio fenológico R_8 (FEHR e CAVINESS, 1977), e correspondente ao número de dias entre a data de semeadura e a data na qual pelo menos 50% das plantas da parcela possuíam 95% ou mais das vagens maduras.

Altura da planta na maturidade (APM): avaliada quando a planta estava no estágio fenológico R_8 , e correspondente ao comprimento da haste principal, em centímetros, desde o colo da planta até a inserção da vagem mais distal. Foi considerado o valor médio das medidas de duas plantas representativas da parcela.

Acamamento (Ac): avaliado no estágio fenológico R_8 das plantas, com uma escala de notas visuais para a parcela, variando de nota 1 (todas as plantas eretas) até 5 (todas as plantas prostradas).

Valor agrônomo no florescimento (VAF): avaliado durante o estágio fenológico R_2 , no pleno florescimento das plantas, com uma escala de notas visuais para a parcela, variando de nota 1 (todas as plantas com pouco vigor e aspecto agrônomo ruim) até 5 (todas as plantas com muito vigor e aspecto agrônomo ótimo). Para reduzir a subjetividade da escala de notas o avaliador comparou o desempenho das progênies com o das cultivares utilizadas como testemunhas. Nesse caráter são consideradas

várias características, tais como: quantidade de ramificações, quantidade de flores, quantidade de folhas, arquitetura, altura e estado sanitário das plantas.

Valor agrônomo na maturidade (VAM): avaliado durante o estágio fenológico R₈ das plantas, com uma escala de notas visuais para a parcela, variando de nota 1 (todas as plantas com baixo potencial produtivo e aspecto agrônomo ruim) até 5 (todas as plantas com alto potencial produtivo e aspecto agrônomo ótimo). Para reduzir a subjetividade da escala de notas o avaliador comparou o desempenho das progênies com o das cultivares utilizadas como testemunhas. Nesse caráter são consideradas diversas variáveis, tais como: quantidade de ramificações, quantidade e granação das vagens, altura de inserção da primeira vagem, presença de racemo terminal com vagens bem formadas, arquitetura, altura e estado sanitário das plantas.

Aspecto da semente (AS): avaliado com uma escala de notas visuais para uma amostra de cem sementes, variando de nota 1 (sementes ruins) até 5 (sementes ótimas). Para reduzir a subjetividade da escala de notas o avaliador comparou o aspecto da semente das progênies com o das cultivares utilizadas como testemunhas. Nesse caráter são consideradas diversas variáveis, tais como: forma da semente, cor do tegumento e do hilo, presença de manchas, rachaduras e demais imperfeições no tegumento. Sementes esféricas, com tegumento amarelo e hilo claro são as preferidas; quando associadas com ausência de imperfeições no tegumento, receberam nota 5.

Produtividade de grãos (PG): avaliada após a secagem dos grãos em ambiente com circulação forçada de ar no laboratório. É o peso dos grãos colhidos em gramas por parcela, que foi convertido para quilogramas por hectare (kg.ha⁻¹).

Para os demais caracteres avaliados: peso de cem sementes (PCS); densidade da semente (DS); teor de óleo (TO); teor de proteína (TP); razão entre o teor de proteína e óleo (TP/TO); produtividade de óleo (PO); produtividade de proteína (PP); soma da produtividade de óleo e proteína (PO+PP), os procedimentos de determinação

adotados foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.3. Apenas a apresentação dos dados da PO, PP e PO+PP é que passaram a ser em kg.ha⁻¹.

2.2.2.1.4 Análises estatístico-genéticas

Para atingir os objetivos do Experimento Inicial, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS[®] (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE INC., 1996) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 1997), conforme descrito a seguir.

2.2.2.1.4.1 Análises de variância

As análises de variância dos caracteres foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com repetições estratificadas em conjuntos experimentais. Inicialmente, foram realizadas as análises de variância somente com os tratamentos comuns (testemunhas) aos conjuntos. Esta análise é importante para verificar se existe diferença ambiental entre os conjuntos e, também, se existe interação entre testemunhas e conjuntos. Dessa maneira, foi verificada a necessidade ou não de ajuste dos dados dos tratamentos regulares (progênies). Essa abordagem se assemelha ao delineamento de blocos aumentados de Federer (1956). Nesta análise foi adotado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + c_k + (tc)_{ik} + r_j + e_{(ijk)}$$

Em que:

Y_{ijk} : é o valor observado referente à testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j;

μ : é o efeito fixo da média geral do experimento;

t_i : é o efeito fixo da testemunha i, sendo (i = 1, 2, 3 e 4);

c_k : é o efeito aleatório do conjunto k, sendo (k = 1, 2, ..., 20);

$(tc)_{ik}$: é o efeito da interação da testemunha i com o conjunto k;

r_j : é o efeito aleatório da repetição j, sendo (j = 1 e 2);

$e_{(ijk)}$: é o efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu a testemunha i dentro do conjunto k e na repetição j, admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

Quando para um dado caráter foi constatado que as fontes de variação conjuntos e/ou a interação testemunhas x conjuntos foram significativas, houve a necessidade de estimar uma correção ambiental com base no desempenho das testemunhas. Esta correção ambiental foi obtida por meio da diferença entre a média das testemunhas de determinado conjunto e a média geral das testemunhas do experimento. Assim, para os dados das progênies de cada conjunto foi subtraída a correção ambiental inerente àquele conjunto (PIMENTEL-GOMES, 2000).

Com base nos resultados das análises de variância apenas com as testemunhas, foram feitos os ajustes necessários nos dados das progênies. Em seguida, foram realizadas as análises de variância englobando todos os dados do Experimento Inicial, sendo adotado o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + c_{k(j)} + e_{(ijk)}$$

Em que:

Y_{ijk} : é o valor observado referente ao genótipo i dentro do conjunto k e na repetição j;

μ : é o efeito fixo da média geral do experimento;

g_i : é o efeito aleatório do genótipo i, sendo (i = 1, 2, ..., 524);

r_j : é o efeito aleatório da repetição j, sendo (j = 1 e 2);

$c_{k(j)}$: é o efeito aleatório do conjunto k, sendo (k = 1, 2, ..., 20), dentro da repetição j;

$e_{(ijk)}$: é o efeito aleatório do resíduo experimental da parcela que recebeu o genótipo i dentro do conjunto k e na repetição j , admitindo-se que os resíduos são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância σ^2 .

No modelo estatístico considerou-se o efeito do genótipo aleatório em razão do experimento envolver um grupo grande de progênies e o fato destas progênies serem representativas do germoplasma de soja tipo alimento. Os procedimentos estatísticos adotados para as análises de variância também envolveram o desdobramento da fonte de variação genótipos, em progênies, testemunhas e no contraste progênies vs. testemunhas.

2.2.2.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade

Nesse experimento, como foram avaliadas progênies em geração avançada de endogamia e oriundas de vários cruzamentos, o parâmetro mais apropriado para estimar a participação do componente genético no desempenho das progênies é o coeficiente de determinação genotípico (FALCONER e MACKAY, 1996). Entretanto, em razão do grande número de progênies, do fato destas progênies serem representativas do germoplasma de soja tipo alimento e considerando que o coeficiente de determinação genotípico é obtido de maneira semelhante ao coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, neste trabalho, optou-se por utilizar a denominação mais usual.

Assim, para estimar os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram obtidas as variâncias fenotípicas, ambientais e genéticas para cada caráter avaliado. Estas variâncias foram obtidas a partir do quadrado médio de progênies e do quadrado médio residual das análises de variância.

Portanto, os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), em porcentagem, foram estimados de acordo com a seguinte expressão:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_F^2 - \sigma_E^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \cdot 100$$

σ_F^2 : é a variância fenotípica obtida diretamente do quadrado médio de progênies. Esta variância tem um componente genético e outro ambiental;

σ_E^2 : é a variância ambiental obtida diretamente do quadrado médio residual;

σ_G^2 : é a variância genética estimada a partir da diferença entre a σ_F^2 e σ_E^2 .

2.2.2.1.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica e genética entre os caracteres avaliados foram utilizadas as expressões apresentadas por Cruz e Regazzi (2001). Inicialmente, utilizando apenas os dados das progênies, foram obtidas as variâncias fenotípicas e genéticas para cada caráter e as covariâncias fenotípicas e genéticas entre os possíveis pares de caracteres. A obtenção das estimativas de covariância fenotípica e genética foi por meio dos produtos médios, assim:

a) Correlação fenotípica:

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

Em que:

$r_{F(x, y)}$: é o coeficiente de correlação fenotípica entre os caracteres x e y;

$COV_{F(x, y)}$: é a covariância fenotípica entre os caracteres x e y;

$\sigma_{F(x)}^2$ e $\sigma_{F(y)}^2$: são as variâncias fenotípicas dos caracteres x e y.

b) Correlação genética:

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

Em que:

$r_{G(x, y)}$: é o coeficiente de correlação genética entre os caracteres x e y;

$COV_{G(x, y)}$: é a covariância genética entre os caracteres x e y, obtida a partir da diferença entre a covariância de progênies e a covariância residual dividido pelo número de repetições;

$\sigma_{G(x)}^2$ e $\sigma_{G(y)}^2$: são as variâncias genéticas dos caracteres x e y, obtidas a partir da diferença entre o quadrado médio de progênies e o quadrado médio residual dividido pelo número de repetições.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade (BEIGUELMAN, 2006). A significância é testada com base numa hipótese de nulidade ($H_0 : \rho = 0$) contra uma hipótese alternativa ($H_a : \rho \neq 0$). Os procedimentos utilizados foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.4.4.

2.2.2.1.4.4 Predição das médias dos teores de óleo e de proteína

Como já descrito anteriormente, a análise simultânea dos dados de dois caracteres x e y em n observações (progênies) permite verificar a existência de alguma correlação entre eles. Além disso, também é possível fazer previsões a respeito dos dados de um dos caracteres correlacionados, com base no conhecimento dos dados do outro caráter. Isto é possível por meio da análise de regressão linear. De acordo com Pimentel-Gomes e Garcia, 2002, quando um caráter y depende de outro x, considerado independente, pode-se fazer a regressão de y sobre x, desde que o caráter x (independente) tenha média fixa para cada observação e/ou apresente desvio padrão muito pequeno.

Com base nessa teoria, buscou-se conhecer a relação funcional (interdependência), chamada equação de regressão linear, entre os acréscimos em unidade para os dados de densidade da semente (caráter independente) e os acréscimos em unidade para os dados do teor de óleo (caráter dependente) e, também, para os dados do teor de proteína (caráter dependente).

A regressão linear pode ser representada pela seguinte equação:

$$y = a + bx$$

Em que:

y : é o dado predito do caráter dependente;

a : é uma constante (intercepto);

b : é uma constante (coeficiente de regressão);

x : é o dado observado do caráter independente.

A partir das médias para as 520 progênies $F_{7:6}$ em relação aos três caracteres (densidade da semente, teor de óleo e teor de proteína), foram obtidas duas equações de regressão linear. Uma para explicar a dependência do teor de óleo em relação à densidade da semente. E outra para explicar a dependência do teor de proteína em relação à densidade da semente.

2.2.2.1.4.5 Respostas correlacionadas

Com base nas médias das 520 progênies $F_{7:6}$ foi aplicado um processo de seleção divergente, selecionando-se as 50 progênies com mais alta densidade da semente e as 50 progênies com mais baixa densidade da semente, ou seja, uma intensidade de seleção de aproximadamente 10%. Com as médias dessas progênies e os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, foi possível estimar as respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente nos outros caracteres avaliados, de acordo com a expressão apresentada por Cruz e Regazzi (2001):

$$RC_{y(x)} = (Ms_y - Mo_y) \cdot h_y^2 = \Delta S_{y(x)} \cdot h_y^2$$

Em que:

$RC_{y(x)}$: é a resposta correlacionada no caráter y quando a seleção é realizada no caráter x;

Ms_y : é a média do caráter y nas progênes selecionadas para alta ou baixa densidade da semente;

Mo_y : é a média de todas as progênes para o caráter y;

h_y^2 : é o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para o caráter y;

$\Delta S_{y(x)}$: é o diferencial de seleção indireto.

Foram também obtidas as estimativas de resposta correlacionada à seleção em porcentagem, por meio da seguinte expressão:

$$RC_{y(x)} (\%) = \left(\frac{RC_{y(x)}}{Mo_y} \right) \cdot 100$$

Com as estimativas de resposta correlacionada à seleção, foi possível obter as médias melhoradas dos caracteres para os dois conjuntos de progênes que foram gerados com a seleção divergente para densidade da semente.

2.2.2.2 Experimento Densidade

O objetivo principal deste experimento foi avaliar o contraste entre os dois grupos de progênes selecionadas para alta e baixa densidade da semente.

2.2.2.2.1 Germoplasma utilizado

Para a realização do experimento foram utilizadas 100 progênies $F_{8:6}$ escolhidas com base num processo de seleção divergente para densidade da semente, dentre as progênies avaliadas no Experimento Inicial. Dessa forma, foram formados dois grupos, o primeiro com 50 progênies de alta densidade da semente (ADS) e, o segundo grupo, com 50 progênies de baixa densidade da semente (BDS).

2.2.2.2.2 Procedimentos experimentais

As 100 progênies $F_{8:6}$ foram avaliadas durante a safra 2006/07 na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP. O experimento foi instalado sob o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, cada uma estratificada em quatro conjuntos experimentais. Cada conjunto experimental foi composto por 25 progênies e quatro testemunhas (IAC PL-1, IAC 100, BRS 216 e BRS 267). A parcela experimental foi uma fileira de 5m x 1m. Para a realização desse experimento, o preparo do solo, a adubação mineral, a semeadura, a irrigação, bem como o controle de plantas daninhas, doenças e insetos pragas, foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.2.

2.2.2.2.3 Caracteres avaliados

Nesse experimento foram avaliados os mesmos caracteres estudados no Experimento Inicial (item 2.2.2.1.3), com exceção do caráter valor agrônômico no florescimento (VAF) que não foi avaliado.

2.2.2.2.4 Análises estatístico-genéticas

Para atingir os objetivos do Experimento Densidade, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS[®] (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE

INC., 1996) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 1997), conforme descrito a seguir.

2.2.2.2.4.1 Análises de variância

As análises de variância dos caracteres foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com repetições estratificadas em conjuntos experimentais. Inicialmente, foram realizadas as análises de variância somente com os tratamentos comuns (testemunhas) aos conjuntos, para verificar a necessidade de se ajustar os dados para eventuais efeitos ambientais dentro das repetições. Os modelos estatísticos para a realização das análises foram semelhantes aos descritos no item 2.2.2.1.4.1. Apenas houve alteração na fonte de variação conjuntos, que teve o número reduzido para quatro.

Com base nos resultados das análises de variância apenas com as testemunhas, foram feitos os ajustes necessários nos dados das progênies. Em seguida, foram realizadas as análises de variância englobando todos os dados do Experimento Densidade. Os procedimentos estatísticos adotados para estas análises de variância também envolveram o desdobramento da fonte de variação genótipos, em progênies, testemunhas e no contraste progênies vs. testemunhas. Também foi feito o desdobramento da fonte de variação progênies, em progênies com alta densidade da semente (ADS), progênies com baixa densidade da semente (BDS) e contraste progênies ADS vs. progênies BDS.

2.2.2.2.4.2 Coeficientes de herdabilidade

Para estimar os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, em porcentagem, foram realizados os mesmos procedimentos descritos no item 2.2.2.1.4.2. As variâncias fenotípica, ambiental e genética foram obtidas a partir do quadrado médio de progênies e do quadrado médio residual da análise de variância para cada caráter.

2.2.2.2.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica e genética entre os caracteres avaliados foram utilizadas as expressões apresentadas por Cruz e Regazzi (2001), seguindo os mesmos procedimentos descritos no item 2.2.2.1.4.3. Inicialmente, foram obtidas as variâncias fenotípicas e genéticas para cada caráter e as covariâncias fenotípicas e genéticas entre os possíveis pares de caracteres. A obtenção das estimativas de covariância fenotípica e genética foi por meio dos produtos médios. É importante destacar que, além de considerar apenas os dados das progênes, as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foram obtidas levando-se em consideração o desdobramento em progênes com alta densidade da semente e progênes com baixa densidade da semente.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade (BEIGUELMAN, 2006). A significância é testada com base numa hipótese de nulidade ($H_0 : \rho = 0$) contra uma hipótese alternativa ($H_a : \rho \neq 0$). Os procedimentos utilizados foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.4.4.

2.2.2.2.4.4 Estatística descritiva

Os parâmetros de estatística descritiva foram utilizados para comparar a variação dentro do conjunto de progênes selecionadas para alta densidade da semente com a variação dentro do conjunto de progênes selecionadas para baixa densidade da semente. Os parâmetros estimados fornecem informações que ajudam no estudo dos efeitos da seleção divergente para densidade da semente.

Para estudar a amplitude de variação dos caracteres nos dois conjuntos distintos de progênes, foram obtidos os limites superior e inferior que incluem 95% das progênes avaliadas. Para isto, foi aplicado o teste t, sendo t igual a 1,96, no nível de 95% de probabilidade e com infinitos graus de liberdade (PIMENTEL-GOMES e GARCIA, 2002), utilizando as seguintes expressões:

$$LS_x = M_x + t\sigma_x \quad e \quad LI_x = M_x - t\sigma_x$$

Em que:

LS_x e LI_x : são os limites superior e inferior do caráter x, respectivamente;

M_x : é a média do caráter x;

σ_x : é o desvio padrão do caráter x.

2.2.2.2.4.5 Comparações entre médias

As médias das progênies e testemunhas, para cada caráter avaliado, foram comparadas entre si pelo teste de comparações múltiplas de Scott e Knott (1974). O procedimento também considerou o desdobramento dos dois grupos de progênies, em progênies com alta e baixa densidade da semente. Este teste classificou as médias dentro de cada um dos dois grupos de progênies, respeitando as diferenças significativas existentes no nível de 5% de probabilidade.

Segundo Ferreira et al. (1999), esse teste tem a vantagem de não apresentar ambigüidade e, por isso, deve ser aplicado quando existe um grande número de tratamentos a serem comparados. Seu critério de classificação é baseado num processo hierárquico, no qual as médias dos tratamentos são divididas em dois grandes grupos e, assim, sucessivamente em novos subgrupos. Cada subgrupo deve apresentar padrões de similaridade entre as suas médias de tratamentos. O processo de agrupamento é encerrado quando se tenta dividir um subgrupo em dois novos subgrupos e estes não apresentam diferenças significativas entre si (TSUTSUMI, 2000). Em suma, o teste utiliza a razão de verossimilhança para verificar a significância de que as médias dos tratamentos podem ser divididas em dois novos grupos que maximizem a soma de quadrados entre grupos (RAMALHO et al., 2000).

2.2.2.3 Experimento Alimentos

O objetivo principal deste experimento foi avaliar o desempenho agronômico das progênes selecionadas para tipo alimento, no intuito de identificar genótipos com bom potencial produtivo e teor de proteína alto.

2.2.2.3.1 Germoplasma utilizado

Como as progênes avaliadas no Experimento Inicial são oriundas do cruzamento entre vários parentais de soja tipo alimento e tipo grão, optou-se em conduzir este experimento com as 100 melhores progênes $F_{8:6}$ selecionadas para alguns caracteres importantes da soja tipo alimento.

Para isto, foi aplicado um processo de seleção seqüencial a partir das médias das progênes avaliadas no Experimento Inicial, obedecendo aos seguintes critérios: 1) Aspecto da semente (AS) - foram selecionadas aquelas progênes com nota igual ou maior a 4; 2) Peso de cem sementes (PCS) - foram selecionadas dentre as progênes com maiores notas para AS apenas aquelas com PCS igual ou maior a 20 gramas; 3) Produtividade de grãos (PG) - foram selecionadas dentre as progênes com maiores PCS apenas aquelas com PG igual ou maior a 1500 kg.ha⁻¹. 4) Valor agronômico na maturidade (VAM) - foram selecionadas dentre as progênes com maiores PG apenas aquelas com nota igual ou maior a 3; 5) Acamamento (Ac) - foram selecionadas dentre as progênes com maiores notas para VAM apenas aquelas com nota igual ou menor a 2,5.

Eventualmente, foram também incluídas nesse experimento algumas progênes com desempenho excepcional para apenas alguns desses caracteres, mas que seriam descartadas se fossem seguidos, rigorosamente, os critérios estabelecidos para o processo de seleção seqüencial. Os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) e densidade da semente (DS) não foram considerados e, na época em que a seleção foi feita, os teores de óleo e proteína ainda não tinham sido determinados.

2.2.2.3.2 Procedimentos experimentais

As 100 progênies $F_{8:6}$ foram avaliadas durante a safra 2006/07 na área experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP. O experimento foi instalado sob o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, cada uma estratificada em quatro conjuntos experimentais. Cada conjunto experimental foi composto por 25 progênies e cinco testemunhas (IAC PL-1, IAC 100, BRS 216, BRS 257 e BRS 267). A parcela experimental foi duas fileiras de 5m x 1m. Para a realização desse experimento, o preparo do solo, a adubação mineral, a semeadura, a irrigação, bem como o controle de plantas daninhas, doenças e insetos pragas, foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.2.

2.2.2.3.3 Caracteres avaliados

Nesse experimento foram avaliados os mesmos caracteres estudados no Experimento Inicial (item 2.2.2.1.3), com exceção do caráter valor agrônomo no florescimento (VAF) que não foi avaliado.

2.2.2.3.4 Análises estatístico-genéticas

Para atingir os objetivos do Experimento Alimentos, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS[®] (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE INC., 1996) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 1997), conforme descrito a seguir.

2.2.2.3.4.1 Análises de variância

As análises de variância dos caracteres foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com repetições estratificadas em conjuntos experimentais. Inicialmente, foram realizadas as análises de variância somente com os tratamentos comuns (testemunhas) aos conjuntos, para correção do efeito ambiental.

Os modelos estatísticos adotados para as análises foram semelhantes aos descritos no item 2.2.2.1.4.1. Apenas houve duas alterações, uma na fonte de variação conjuntos, que teve o número reduzido para quatro, e outra na fonte de variação testemunhas, em que o número de testemunhas aumentou para cinco.

Com base nos resultados das análises de variância apenas com as testemunhas, foram feitos os ajustes necessários nos dados das progênies. Em seguida, foram realizadas as análises de variância englobando todos os dados do Experimento Alimentos. Os procedimentos estatísticos adotados para estas análises de variância também envolveram o desdobramento da fonte de variação genótipos, em progênies, testemunhas e no contraste progênies vs. testemunhas.

2.2.2.3.4.2 Coeficientes de herdabilidade

Neste caso, para estimar os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, em porcentagem, também foram realizados os mesmos procedimentos já descritos no item 2.2.2.1.4.2. As variâncias fenotípica, ambiental e genética foram obtidas a partir do quadrado médio de progênies e do quadrado médio residual da análise de variância para cada caráter.

2.2.2.3.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Para estimar os coeficientes de correlação fenotípica e genética entre os caracteres avaliados foram utilizadas as expressões apresentadas por Cruz e Regazzi (2001), seguindo os mesmos procedimentos descritos no item 2.2.2.1.4.3. Inicialmente, foram obtidas as variâncias fenotípicas e genéticas para cada caráter e as covariâncias fenotípicas e genéticas entre os possíveis pares de caracteres. A obtenção das estimativas de covariância fenotípica e genética foi por meio dos produtos médios. É importante destacar que as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foram obtidas levando-se em consideração apenas os dados das progênies.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade

(BEIGUELMAN, 2006). A significância é testada com base numa hipótese de nulidade ($H_0 : \rho = 0$) contra uma hipótese alternativa ($H_a : \rho \neq 0$). Os procedimentos utilizados foram os mesmos já descritos no item 2.2.1.4.4.

2.2.2.3.4.4 Estatística descritiva

Os parâmetros de estatística descritiva foram utilizados para estudar a variação remanescente entre as progêneses selecionadas para soja tipo alimento. Os parâmetros estimados fornecem informações que ajudam a entender os efeitos do processo de seleção seqüencial aplicado.

Para estudar a amplitude de variação dos caracteres entre as progêneses, foram obtidos os limites da amplitude de variação que incluem 95% das progêneses avaliadas. Para isto, foi aplicado o teste t, sendo t igual a 1,96, no nível de 95% de probabilidade e com infinitos graus de liberdade (PIMENTEL-GOMES e GARCIA, 2002), seguindo os mesmos procedimentos já descritos no item 2.2.2.2.4.4.

2.2.2.3.4.5 Comparações entre médias

As médias das progêneses e testemunhas, para cada caráter avaliado, foram comparadas entre si pelo teste de comparações múltiplas de Scott e Knott (1974). Este teste classificou as médias em grupos distintos, respeitando as diferenças significativas existentes no nível de 5% de probabilidade, conforme detalhado no item 2.2.2.2.4.5.

2.2.2.3.4.6 Teores de óleo e de proteína: observados vs. preditos

Quando dois caracteres são correlacionados, é possível fazer previsões a respeito dos dados de um deles, com base apenas no conhecimento dos dados do outro caráter. Isto pode ser feito por meio de uma equação de regressão linear.

Como foi descrito no item 2.2.2.1.4.4., a partir dos dados médios das progêneses avaliadas no Experimento Inicial em relação a três caracteres (densidade da semente, teor de óleo e teor de proteína), foi possível obter duas equações de regressão linear.

Uma para explicar a dependência do teor de óleo em relação à densidade da semente. E outra para explicar a dependência do teor de proteína também em relação à densidade da semente. Estas duas equações foram utilizadas para prever os teores de óleo e de proteína das 100 progênies $F_{8:6}$ avaliadas no Experimento Alimentos.

Posteriormente, com o objetivo de testar a eficiência do modelo de regressão linear obtido com os dados do Experimento Inicial, foi feita a comparação dos teores observados com os teores preditos. Para isto, foi aplicado o teste t com o intuito de testar a hipótese nula, de que a média dos teores observados e preditos são iguais ($H_0 : M_o - M_p = 0$), contra a hipótese alternativa ($H_a : M_o - M_p \neq 0$). A suposição básica para esse teste é que os dados dos caracteres são normalmente e independentemente distribuídos dentro de cada grupo de dados comparados. Normalmente é aplicado o teste t com $(n_o - 1) + (n_p - 1) = n_o + n_p - 2$ graus de liberdade (BEIGUELMAN, 2006). Entretanto, se os dois grupos de dados (teores observados e preditos) tiverem variâncias diferentes e o mesmo número de observações (100 progênies $F_{8:6}$), se opta por considerar $(n - 1)$ graus de liberdade, utilizando a seguinte expressão:

$$t = \frac{M_o - M_p}{\sqrt{\frac{\sigma_o^2 + \sigma_p^2}{n}}}$$

Em que:

M_o e M_p : são as médias dos teores observados e preditos, respectivamente;

σ_o^2 e σ_p^2 : são as variâncias dos teores observados e preditos, respectivamente;

n : é o número de observações (100 progênies $F_{8:6}$).

Diferentemente do teste t anterior, em que é feita a comparação da média dos teores observados e preditos, o teste t pareado ou relacionado verifica se a média dos desvios entre os teores observados e preditos é igual a zero (PIMENTEL-GOMES e GARCIA, 2002). Este teste t é útil quando os dois conjuntos de dados têm variâncias diferentes. Assim, é testada a hipótese nula, de que a média dos desvios entre os

teores observados e preditos é igual a zero ($H_0 : MD_{o-p} = 0$), contra a hipótese alternativa ($H_a : MD_{o-p} \neq 0$). Com $n-1$ graus de liberdade, o teste foi aplicado utilizando as seguintes expressões:

$$t = \frac{MD_{o-p}}{\sigma_{dif}}$$

Sendo o numerador:

MD_{o-p} : é a média dos desvios entre os teores observados e preditos, dada por:

$$MD_{o-p} = \frac{\sum_{o-p=1}^n D_{o-p}}{n}$$

Em que:

D_{o-p} : é o desvio entre o teor observado e o predito em uma dada progênie;

n : é o número de observações (100 progênies $F_{8:6}$).

Sendo o denominador:

σ_{dif} : é o erro padrão da diferença, dado por:

$$\sigma_{dif} = \frac{\sigma_d}{\sqrt{n}}$$

Em que:

σ_d : é o desvio padrão da diferença, dado por:

$$\sigma_d = \sqrt{\frac{\sum_{o-p=1}^n (D_{o-p} - MD_{o-p})^2}{n-1}}$$

n : é o número de observações (100 progênies $F_{8:6}$).

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Herança genética da densidade da semente

2.3.1.1 Aspectos gerais

As análises realizadas nesta etapa do trabalho contribuíram para elucidar as bases genéticas da densidade da semente e, também, para se entender a associação deste caráter com outros caracteres de importância agrônômica para a soja.

Nos quatro experimentos realizados na safra 2006/07, cada um formado por um cruzamento diferente (plantas F_2 e seus dois parentais), foi possível obter dados com boa precisão experimental para proceder as análises propostas. Nessa safra, as condições edafoclimáticas foram favoráveis ao bom desenvolvimento das plantas de soja, fato que pode ser verificado por meio das médias gerais e dos coeficientes de variação experimental dos caracteres avaliados nos experimentos (tabelas 1, 3, 5 e 7).

As análises de variância dos caracteres avaliados nos quatro experimentos foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com mais de uma planta avaliada por parcela. Assim, foi possível estimar a variância entre as plantas dentro de cada um dos três tipos de genótipos avaliados (P_1 , P_2 e F_2). Posteriormente, estas variâncias foram utilizadas na estimação de parâmetros genéticos.

Com base na significância da fonte de variação dada pelo contraste P_1 vs. P_2 foi possível verificar a existência de divergência genética entre os parentais. E com base na significância do contraste MP vs. F_2 foi possível inferir sobre o tipo de herança genética dos caracteres; para esta fonte de variação, o efeito significativo indicaria

herança genética do tipo dominante, enquanto que o efeito não significativo indicaria aditividade.

Nos quatro experimentos (tabelas 1, 3, 5 e 7), as médias gerais dos caracteres avaliados foram, respectivamente:

NDM = 147, 149, 139 e 149 dias; APM = 76, 73, 70 e 70cm;

PG = 85,0, 66,4, 82,0 e 93,2 g.planta⁻¹; DS = 1,182, 1,194, 1,195 e 1,202 t.m⁻³;

PCS = 20,2, 16,8, 16,0 e 14,5g; NSP = 426, 401, 506 e 687;

TO = 19,0, 18,3, 18,2 e 17,0%; TP = 40,4, 40,7, 41,0 e 42,1%;

TP/TO = 2,17, 2,23, 2,28 e 2,57; PO = 16,5, 12,2, 15,0 e 16,2 g.planta⁻¹;

PP = 33,9, 27,0, 33,7 e 38,9 g.planta⁻¹; PO+PP = 50,4, 39,2, 48,6 e 55,2 g.planta⁻¹.

Estas médias estão de acordo com as normalmente encontradas na literatura para experimentos no sistema de covas desbastadas realizados com a cultura da soja (TSUTSUMI, 2000; LOPES et al., 2002).

Os coeficientes de variação experimental variaram de 0,5 a 22,2%, indicando boa precisão experimental nos quatro experimentos (tabelas 1, 3, 5 e 7). Em especial, no experimento que avaliou o cruzamento USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235, os caracteres relacionados com a produtividade tiveram excelente precisão experimental, sendo que os seus coeficientes de variação experimental variaram de 14,2 a 15,5% (tabela 7). De maneira geral, nos quatro experimentos, para os caracteres NDM, APM, DS, PCS, TO, TP e TP/TO, os coeficientes de variação experimental foram menores ou iguais a 10%; e para os caracteres PG, NSP, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação experimental foram maiores que 10%. Estes valores estão de acordo com os normalmente encontrados na literatura para experimentos no sistema de covas desbastadas realizados com a cultura da soja (TSUTSUMI, 2000; LOPES et al., 2002).

Em particular, o caráter densidade da semente apresentou variabilidade genética significativa entre os quatro cruzamentos estudados. Ressalta-se que a média geral para este caráter, em cada um dos quatro experimentos foi de 1,182, 1,194, 1,195 e 1,202 t.m⁻³. E o seu coeficiente de variação experimental, considerado muito baixo nos quatro experimentos foi de 0,5, 0,5, 0,6 e 0,5% (tabelas 1, 3, 5 e 7). Isto demonstra que a determinação indireta da densidade da semente de soja, por meio do Princípio de

Arquimedes, tem excelente precisão experimental. Resultados semelhantes também foram obtidos por Li e Burton (2002).

Os parâmetros genéticos, juntamente com a média e a amplitude (valor mínimo e máximo) para os caracteres avaliados nas plantas F_2 de cada cruzamento, são apresentados nas tabelas 2, 4, 6 e 8.

O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo é um parâmetro genético que foi utilizado para estimar a participação do componente genético no desempenho das plantas F_2 . Para esta discussão, as estimativas de herdabilidade foram agrupadas em três categorias diferentes, de acordo com a sua magnitude: baixas ($h^2_a < 40\%$), moderadas ($40\% < h^2_a < 60\%$) e altas ($h^2_a > 60\%$).

Também foram obtidas as estimativas dos coeficientes de variação genética, que são úteis para comparar a magnitude da variação genética existente entre os caracteres. E com isso, foi possível verificar qual dos caracteres avaliados tem maior potencial de resposta à seleção.

As estimativas de heterose permitem inferir sobre a magnitude da divergência genética existente entre os parentais envolvidos em cada cruzamento. Ela pode assumir sinal positivo ou negativo. Quando a média das plantas F_2 do cruzamento é superior à média dos parentais o sinal é positivo, caso contrário, o sinal é negativo. Com este parâmetro podem ser feitas inferências a respeito da complementariedade genética entre os parentais, ou seja, a capacidade específica de combinação do cruzamento. Assim, foi possível verificar em quais dos caracteres avaliados os parentais foram mais divergentes.

A seguir, são apresentados e discutidos os resultados mais relevantes obtidos com a análise dos dados de cada um dos quatro cruzamentos estudados.

2.3.1.2 Cruzamento USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura

2.3.1.2.1 Análises de variância

Neste cruzamento, os resultados das análises de variância mostram que a fonte de variação referente ao efeito entre P_1 , P_2 e F_2 foi significativo ($P < 0,01$) para a maioria

dos caracteres avaliados (tabela 1). Apenas para o caráter NSP foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). Estes resultados indicam que os genótipos avaliados (P_1 , P_2 e F_2) têm médias diferentes para todos os caracteres avaliados.

Para a fonte de variação referente ao contraste P_1 vs. P_2 o efeito foi significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados (tabela 1). Exceções ocorreram para o caráter NSP que não apresentou efeito significativo e para o caráter PP que apresentou efeito significativo ($P < 0,05$). Isto indica que somente para o caráter NSP os parentais utilizados nesse cruzamento não foram divergentes. Portanto, para a maioria dos caracteres foi garantida a variabilidade genética necessária para o estudo de herança proposto no trabalho.

No caso da fonte de variação referente ao contraste MP vs. F_2 o efeito foi significativo ($P < 0,01$) para os caracteres PCS, NSP, TP e TP/TO (tabela 1). Para os caracteres APM, PG, PO, PP e PO+PP foram observados efeitos significativos ($P < 0,05$). Esses resultados indicam que estes caracteres têm herança genética do tipo dominante. Apenas para os caracteres NDM, DS e TO não foi verificado efeito significativo, indicando que estes caracteres têm herança do tipo aditiva.

2.3.1.2.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose

Os parâmetros de estatística descritiva (média e amplitude) para os caracteres avaliados nas plantas F_2 indicaram a existência de ampla variabilidade genética. O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo variou de 20,2 a 74,2% (tabela 2).

Para a maior parte dos caracteres, as estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas, sendo de 49,3% (APM), 59,9% (PG), 44,3% (DS), 58,9% (NSP), 58,7% (TP/TO), 65,2% (PO), 56,3% (PP) e 59,5% (PO+PP) (tabela 2). Apenas para dois caracteres as estimativas de herdabilidade foram consideradas baixas, sendo de 31,9% (NDM) e 20,2% (PCS). Já para outros dois caracteres as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 72,6% (TO) e 74,2% (TP); portanto, os caracteres teor de óleo e teor de proteína foram os únicos que apresentaram estimativas de herdabilidade altas, indicando que embora a herança destes caracteres seja quantitativa, ela tem uma base genética relativamente simples, provavelmente

envolvendo um número de genes não muito elevado. Entretanto, a estimativa de herdabilidade para a densidade da semente ($h^2_a = 44,3\%$) foi considerada moderada; diferindo das estimativas obtidas por Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968), Li e Burton (2002) e Silva (2004).

As estimativas dos coeficientes de variação genética variaram de 0,9 a 39,1% (tabela 2). De maneira geral, para os caracteres NDM, DS, PCS, TO, TP e TP/TO, os coeficientes de variação genética foram menores ou iguais a 10%; já para os caracteres APM, PG, NSP, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação genética foram maiores que 10%.

Nesse cruzamento, as estimativas de heterose positivas foram de 1,4% (NDM), 36,1% (APM), 27,6% (PG), 0,8% (DS), 57,7% (NSP), 7,4% (TO), 31,6% (PO), 24,9% (PP) e 26,7% (PO+PP) (tabela 2). Apenas para três caracteres foram encontradas estimativas negativas de heterose, que foram de -25,6% (PCS), -9,3% (TP) e -14,4% (TP/TO). Os caracteres APM, PG, PCS, NSP, PO, PP e PO+PP foram os que apresentaram as maiores estimativas de heterose. Isto indica que os parentais USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) e Abura são mais divergentes para estes caracteres.

2.3.1.3 Cruzamento USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) x Biloxi

2.3.1.3.1 Análises de variância

Como no caso anterior, também neste cruzamento os resultados das análises de variância mostram que a fonte de variação referente ao efeito entre P_1 , P_2 e F_2 foi significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados (tabela 3). Apenas para os caracteres TO e TP/TO foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). Estes resultados indicam que os genótipos avaliados (P_1 , P_2 e F_2) têm médias diferentes para a maioria dos caracteres avaliados, uma vez que somente nos caracteres NDM e TP é que não foi observado efeito significativo.

Para a fonte de variação referente ao contraste P_1 vs. P_2 o efeito foi significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados (tabela 3); exceto, para os caracteres NDM, PCS, TO, TP que não apresentaram efeito significativo e para o caráter TP/TO

que apresentou efeito significativo ($P < 0,05$). Estes resultados indicam que para os caracteres NDM, PCS, TO, TP os parentais utilizados nesse cruzamento não foram divergentes. Ressalta-se que, embora não sendo divergentes quanto aos teores de óleo e de proteína, foi encontrada divergência genética para a densidade da semente.

No caso da fonte de variação referente ao contraste MP vs. F_2 , o efeito foi significativo ($P < 0,01$) para os caracteres APM, PG e PCS (tabela 3). Para os caracteres NSP, PO, PP e PO+PP foram observados efeitos significativos ($P < 0,05$). Esses resultados indicam que estes caracteres têm herança genética do tipo dominante. Para os caracteres NDM, DS, TO, TP e TP/TO não foi verificado efeito significativo, indicando que estes caracteres têm herança do tipo aditiva. Estes resultados confirmam parte do que foi encontrado para o cruzamento discutido anteriormente.

2.3.1.3.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose

Os parâmetros de estatística descritiva (média e amplitude) para os caracteres avaliados nas plantas F_2 também indicaram a existência de ampla variabilidade genética neste cruzamento. O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo variou de 10,1 a 84,0% (tabela 4).

Para cinco dos 12 caracteres avaliados as estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas, sendo: 42,0% (DS), 47,3% (PCS), 56,9% (NSP), 46,1% (TO) e 48,1% (PO) (tabela 4). Para outros cinco caracteres, as estimativas de herdabilidade foram consideradas baixas, ou seja: 26,6% (NDM), 38,7% (PG), 10,1% (TP/TO), 33,2% (PP) e 38,1% (PO+PP). Apenas para dois caracteres as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, a saber: 84,0% (APM) e 75,6% (TP). Comparando as estimativas de herdabilidade para os teores de óleo e de proteína verifica-se que para o teor de óleo a estimativa foi moderada, enquanto que para o teor de proteína a estimativa foi alta. Isto indica que embora a herança do teor de proteína seja quantitativa (PULCINELLI, 1992), ela tem uma base genética relativamente simples.

As estimativas dos coeficientes de variação genética variaram de 0,8 a 36,2% (tabela 4). Para os caracteres NDM, DS, PCS, TO, TP e TP/TO, os coeficientes de variação genética foram menores ou iguais a 10%; já para os caracteres APM, PG,

NSP, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação genética foram maiores que 10%. Estes resultados foram semelhantes ao do primeiro cruzamento estudado.

Nesse cruzamento, as estimativas de heterose positivas foram de 37,7% (APM), 34,1% (PG), 0,3% (DS), 57,9% (NSP), 1,1% (TO), 2,0% (TP), 1,8% (TP/TO), 36,5% (PO), 35,3% (PP) e 35,0% (PO+PP) (tabela 4). Apenas para o caráter PCS a estimativa de heterose foi negativa (-18,5%). Já o caráter NDM não apresentou heterose. Os caracteres APM, PG, PCS, NSP, PO, PP e PO+PP foram os que apresentaram as maiores estimativas de heterose; isto é um indicativo de que os parentais são mais divergentes para estes caracteres. Resultado semelhante também foi encontrado no primeiro cruzamento estudado.

2.3.1.4 Cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura

2.3.1.4.1 Análises de variância

Neste cruzamento, os resultados das análises de variância mostram que a fonte de variação referente ao efeito entre P_1 , P_2 e F_2 foi significativo ($P < 0,01$) para metade dos caracteres avaliados (tabela 5). Para os caracteres PG, NSP, PO, PP e PO+PP foram observados efeitos significativos ($P < 0,05$). Estes resultados indicam que os genótipos avaliados (P_1 , P_2 e F_2) têm médias diferentes para a maioria dos caracteres avaliados, pois apenas para o PCS não foi observado efeito significativo.

Para a fonte de variação referente ao contraste P_1 vs. P_2 o efeito foi significativo ($P < 0,01$) também para metade dos caracteres avaliados (tabela 5). Para os caracteres PG, PCS, NSP, PO, PP e PO+PP não foram observados efeitos significativos. Esses resultados indicam que para estes últimos caracteres os parentais utilizados nesse cruzamento não foram divergentes. É interessante destacar que nesse cruzamento os parentais foram divergentes quanto aos teores de óleo e de proteína e, também, em relação à densidade da semente.

No caso da fonte de variação referente ao contraste MP vs. F_2 o efeito foi significativo ($P < 0,05$) para a maioria dos caracteres (tabela 5). Este resultado indica que esses caracteres têm herança genética do tipo dominante. E apenas para os caracteres

NDM, APM, DS e PCS não foram observados efeitos significativos. Isto indica que estes caracteres têm herança do tipo aditiva. Ressalta-se que nos três cruzamentos já discutidos até aqui os caracteres NDM e DS sempre tiveram herança do tipo aditiva.

2.3.1.4.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose

Os parâmetros de estatística descritiva (média e amplitude) para os caracteres avaliados nas plantas F_2 indicaram a existência de ampla variabilidade genética, que foi comparável àquela encontrada nos dois cruzamentos discutidos anteriormente. O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo variou de 30,2 a 79,0% (tabela 6).

Para metade dos caracteres avaliados, as estimativas de herdabilidade foram consideradas baixas, sendo de 30,4% (PG), 38,3% (DS), 39,2% (PCS), 32,2% (PO), 30,2% (PP) e 30,3% (PO+PP) (tabela 6). Para quatro caracteres, as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 79,0% (NDM), 65,2% (APM), 60,6% (TP) e 64,9% (TP/TO). E para apenas dois caracteres as estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas, sendo de 45,5% (NSP) e 59,2% (TO). É importante destacar que nesse cruzamento as estimativas de herdabilidade foram sempre baixas para os caracteres relacionados com a produtividade. Isto pode ser um reflexo da maior influência ambiental sobre estes caracteres, além da herança ser quantitativa e complexa, provavelmente envolvendo um número de genes muito elevado.

As estimativas dos coeficientes de variação genética variaram de 0,7 a 29,4% (tabela 6). Sendo que, de maneira geral, para os caracteres NDM, DS, PCS, TO, TP e TP/TO, os coeficientes de variação genética foram menores ou iguais a 10%; e para os caracteres APM, PG, NSP, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação genética foram maiores que 10%. Estes resultados foram semelhantes aos dos dois cruzamentos discutidos anteriormente.

Neste cruzamento, as estimativas positivas de heterose foram de 1,4% (NDM), 5,7% (APM), 48,3% (PG), 0,5% (DS), 59,8% (NSP), 8,3% (TP), 11,7% (TP/TO), 39,2% (PO), 52,2% (PP) e 48,7% (PO+PP) (tabela 6). Apenas para dois caracteres foram encontradas estimativas negativas de heterose, ou seja: -4,9% (PCS) e -7,6% (TO). Os caracteres PG, NSP, PO, PP e PO+PP foram os que apresentaram as maiores

estimativas de heterose. Entretanto, no contraste P_1 vs. P_2 não foram observados efeitos significativos para estes caracteres, o que demonstra a ausência de divergência genética entre os parentais. Talvez a discordância entre esses resultados possa ser atribuída à maior influência ambiental sobre estes caracteres no experimento.

2.3.1.5 Cruzamento USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235

2.3.1.5.1 Análises de variância

Neste último cruzamento estudado, os resultados das análises de variância mostram que a fonte de variação referente ao efeito entre P_1 , P_2 e F_2 foi significativo ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados (tabela 7), indicando a existência de pelo menos um contraste significativo entre médias para todos os caracteres.

Para a fonte de variação referente ao contraste P_1 vs. P_2 , o efeito foi significativo ($P < 0,01$) também para todos os caracteres avaliados (tabela 7). Isto indica que os parentais utilizados nesse cruzamento são divergentes em relação a todos os caracteres. Por este motivo, dentre os quatro cruzamentos estudados, este foi o que apresentou maior potencial para o estudo de herança genética proposto nesse trabalho.

Assim, para a fonte de variação referente ao contraste MP vs. F_2 , o efeito foi significativo ($P < 0,01$) para os caracteres PG, PO, PP e PO+PP (tabela 7). Para os caracteres APM e NSP foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). Esses resultados indicam que estes caracteres têm herança genética do tipo dominante. Para os caracteres NDM, DS, PCS, TO, TP e TP/TO não foi verificado efeito significativo, indicando que estes caracteres têm herança do tipo aditiva.

Em suma, com base nas inferências feitas sobre o tipo de herança genética dos caracteres nos quatro cruzamentos estudados, pode-se verificar que alguns caracteres foram consistentes em relação ao seu tipo de herança. Sendo que os caracteres PG, NSP, PO, PP e PO+PP apresentaram sempre herança do tipo dominante e apenas dois caracteres NDM e DS apresentaram sempre herança do tipo aditiva. Os demais caracteres avaliados apresentaram herança do tipo dominante ou aditiva, dependendo do cruzamento considerado.

Em especial, o teor de óleo apresentou herança do tipo dominante apenas para o cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura. Já o teor de proteína apresentou herança do tipo dominante nos cruzamentos USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura e M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura, e herança do tipo aditiva nos cruzamentos USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) x Biloxi e USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235. Estes resultados discordam, em parte, dos obtidos por Pulcinelli (1992).

2.3.1.5.2 Coeficientes de herdabilidade, de variação genética e heterose

Nesse último cruzamento, os parâmetros de estatística descritiva (média e amplitude) para os caracteres avaliados nas plantas F_2 indicaram a existência de maior variabilidade genética (tabela 8), em comparação com os outros três cruzamentos estudados, certamente em consequência da maior divergência genética entre os parentais deste cruzamento.

Os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo foram, em média, maiores em comparação com os dos outros três cruzamentos estudados, variando de 42,7 a 82,2% (tabela 8). Portanto, as estimativas de herdabilidade foram agrupadas em duas categorias (moderadas e altas), de acordo com a magnitude dos coeficientes. As estimativas mais altas podem ser atribuídas a maior precisão experimental conseguida neste experimento.

Para a maior parte dos caracteres avaliados, as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 77,9% (NDM), 82,2% (APM), 65,6% (PG), 74,3% (DS), 62,3% (TO), 62,4% (PO), 65,8% (PP) e 65,0% (PO+PP). Para quatro caracteres avaliados as estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas, sendo de 59,9% (PCS), 58,4% (NSP), 51,8% (TP) e 42,7% (TP/TO) (tabela 8). É importante destacar que nesse cruzamento os caracteres relacionados com a produtividade tiveram estimativas de herdabilidade relativamente mais altas em comparação com as dos outros três cruzamentos estudados. Isto pode ser um reflexo da maior precisão experimental conseguida neste experimento, aliada a maior divergência genética entre os parentais envolvidos no cruzamento.

Os coeficientes de variação genética variaram de 2,1 a 36,1% (tabela 8). Sendo que, de maneira geral, para os caracteres NDM, DS, PCS, TO e TP, os coeficientes de variação genética foram menores ou iguais a 10%; e para os caracteres APM, PG, NSP, TP/TO, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação genética foram maiores que 10%. O caráter TP/TO chama a atenção, pois apenas nesse cruzamento ele apresentou coeficiente de variação genética acima de 10%. Este fato confirma a divergência genética existente entre os parentais com relação aos teores de óleo e de proteína.

As estimativas positivas de heterose foram de 11,6% (APM), 63,5% (PG), 51,2% (NSP), 2,4% (TO), 55,4% (PO), 67,2% (PP) e 63,7% (PO+PP). Para quatro caracteres foram encontradas estimativas negativas de heterose, a saber: -1,3% (NDM), -0,7% (DS), -5,5% (PCS) e -7,7% (TP/TO) (tabela 8). O caráter TP não apresentou heterose. E os caracteres PG, NSP, PO, PP e PO+PP foram os que apresentaram as maiores estimativas de heterose, consequência da maior divergência genética entre os parentais.

Particularmente, a estimativa de herdabilidade para a densidade da semente foi considerada baixa nos três primeiros cruzamentos estudados, sendo de 44,3%, 42,0% e 38,3%. Apenas nesse último cruzamento estudado, a estimativa de herdabilidade foi mais alta (74,3%) (tabelas 2, 4, 6 e 8), estimativa esta semelhante em magnitude às obtidas por Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002), mas ainda inferior às aquelas encontradas por Fehr e Weber (1968) e Silva (2004).

De acordo com as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para os quatro cruzamentos estudados (tabelas 2, 4, 6 e 8), verifica-se que para a densidade da semente a estimativa é mais alta do que para a produtividade de grãos, mas é inferior às obtidas para os teores de proteína e de óleo. Este comportamento foi observado em três dos quatro cruzamentos estudados. Essa mesma relação entre as estimativas de herdabilidade para estes três caracteres foi encontrada por Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002). Estes resultados sugerem que a seleção para a densidade da semente pode ser mais efetiva do que para a produtividade de grãos. Aliado a isto, soma-se o fato da densidade da semente ser um dos componentes da produtividade de grãos.

No caso do último cruzamento estudado, as estimativas de herdabilidade para a densidade da semente foram maiores em relação às estimativas obtidas para a produtividade de grãos e, também, para os teores de proteína e de óleo (tabela 8). Este resultado sugere que, dependendo do germoplasma utilizado, a seleção para densidade da semente pode ser mais eficiente do que para esses outros três caracteres.

2.3.1.6 Coeficientes de correlação fenotípica

O coeficiente de correlação fenotípica é um parâmetro que possibilita verificar a magnitude e o tipo de associação (direta ou inversa) existente entre pares de caracteres. Quando a correlação é positiva, os caracteres apresentam associação direta, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica no aumento da média também do outro caráter. Quando a correlação é negativa, os caracteres apresentam associação inversa, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica na redução da média do outro caráter. Estas informações são muito úteis aos programas de melhoramento genético, pois permitem avaliar estratégias alternativas baseadas na seleção simultânea de caracteres e, também, mensurar as possíveis respostas correlacionadas à seleção para um determinado caráter.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica foi verificada pela aplicação do teste t , com $n-2$ graus de liberdade, sendo n igual ao número de plantas F_2 de cada cruzamento. A significância foi testada nos níveis de 1 e 5% de probabilidade.

A seguir, são apresentadas e discutidas as estimativas de correlação fenotípica para cada um dos quatro cruzamentos estudados (tabela 9). Na discussão dos resultados foi dada ênfase somente às estimativas significativas. Para esta discussão, as estimativas de correlação foram agrupadas em três categorias diferentes, de acordo com a magnitude dos coeficientes: baixas ($r < 0,40$), moderadas ($0,40 < r < 0,60$) e altas ($r > 0,60$).

As estimativas significativas ($P < 0,01$ e $P < 0,05$) de correlação fenotípica para a densidade da semente com os demais caracteres apresentaram grande variação entre

os quatro cruzamentos estudados. No cruzamento USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura, as correlações foram de -0,22 (DS e TO), 0,34 (DS e TP) e 0,27 (DS e TP/TO); no cruzamento USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) x Biloxi, as correlações foram de -0,26 (DS e APM), -0,16 (DS e NSP), 0,26 (DS e TP) e 0,16 (DS e TP/TO); no cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura, as correlações foram de -0,20 (DS e APM), -0,24 (DS e TO), 0,30 (DS e TP) e 0,27 (DS e TP/TO); por fim, no cruzamento USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235, as correlações foram de 0,20 (DS e NDM), 0,17 (DS e PCS), -0,24 (DS e TO), 0,25 (DS e TP) e 0,23 (DS e TP/TO) (tabela 9). A magnitude dessas correlações fenotípicas foi considerada baixa. De maneira geral, a densidade da semente foi positivamente correlacionada com o teor de proteína e negativamente correlacionada com o teor de óleo. Estimativas semelhantes foram encontradas por Fehr e Weber (1968), mas apresentaram magnitudes inferiores em comparação com as obtidas por Smith e Weber (1968).

Nos quatro cruzamentos não foram observadas correlações significativas entre a densidade da semente e a produtividade de grãos. Este resultado está de acordo com o que foi verificado por Li e Burton (2002). Diversos estudos já mostraram que a correlação entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta (WILCOX e SHIBLES, 2001; MAREGA FILHO et al., 2001). Nos quatro cruzamentos estudados também foi verificado que a correlação fenotípica entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta ($P < 0,01$), sendo de -0,67, -0,75, -0,87 e -0,88, respectivamente (tabela 9).

Um fato interessante é que a correlação fenotípica entre a produtividade de grãos e o teor de proteína só foi negativa ($P < 0,05$) em dois dos quatro cruzamentos estudados. No cruzamento USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura, esta correlação foi -0,20, semelhante ao cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura ($r = -0,19$) (tabela 9). Correlação fenotípica semelhante foi obtida por Pulcinelli (1992).

Em dois cruzamentos a produtividade de grãos não foi correlacionada com o teor de proteína (tabela 9). Este resultado discorda do que foi encontrado em vários trabalhos (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998; COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006), pois neles a correlação

encontrada entre a produtividade de grãos e o teor de proteína é predominantemente negativa.

Os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres relacionados com a produtividade de grãos (NSP, PO, PP e PO+PP) foram os mais altos obtidos nesse estudo; estes caracteres foram positivamente correlacionados e a magnitude esteve sempre acima de 0,90 ($P < 0,01$). Entretanto, isto já era esperado uma vez que se utilizou a produtividade de grãos na estimação destes caracteres. O mesmo fato aconteceu com os coeficientes de correlação fenotípica entre o caráter TP/TO e os caracteres TO e TP; neste caso, eles variaram de -0,95 a -0,98 (TO e TP/TO) e de 0,84 a 0,94 (TP e TP/TO) (tabela 9).

2.3.1.7 Análise gráfica *biplot*

Essa análise foi feita com as médias dos caracteres PG, DS, TO e TP obtidos dos parentais e das plantas F_2 para cada um dos quatro cruzamentos estudados.

Nesse tipo de análise, a magnitude dos dois primeiros autovalores descreve o padrão de variação principal dos dados e exclui, conseqüentemente, uma variação residual que é atribuída a efeitos não explicáveis. Entretanto, a análise gráfica *biplot* aplicada aos dados dos quatro cruzamentos estudados neste trabalho descreveu toda a variação existente entre os caracteres e genótipos com apenas os dois primeiros autovalores (figuras 2, 3, 4 e 5). Dessa forma, a representação gráfica dos autovetores referentes aos caracteres e genótipos mostra toda a variação contida nos dados.

A saturação do modelo apenas com as duas primeiras dimensões geralmente é conseguida quando são analisados grupos de dados pequenos ou quando as relações existentes entre os vetores linhas e colunas da matriz de dados não são complexas, situações estas que devem ter acontecido com os dados analisados neste trabalho.

A análise gráfica *biplot* possibilitou fazer inferências sobre a correlação, baseadas no cosseno do ângulo entre dois vetores. Assim, de acordo com Gower (2004) tem-se $r = \cos 180^\circ = -1$ (correlação inversa), $r = \cos 0^\circ = 1$ (correlação direta) e $r = \cos 90^\circ = 0$ (ausência de correlação).

A análise gráfica *biplot* com as médias de cada um dos quatro cruzamentos estudados possibilitou não apenas estudar em detalhes as relações existentes entre os caracteres, mas também, a confirmação da divergência genética entre os parentais de cada cruzamento e possíveis inferências sobre o tipo de efeito genético multivariado resultante (figuras 2, 3, 4 e 5). Sabe-se que parentais mais prepotentes têm maior capacidade de transmitir suas características genotípicas para a descendência. E o efeito genético multivariado permite verificar a magnitude da prepotência genética entre os parentais de cada cruzamento.

A análise gráfica *biplot* para os dados do cruzamento USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) x Abura mostra que os caracteres (DS e TP) foram os mais positivamente correlacionados. Enquanto que entre os caracteres (PG e DS), (PG e TP) e (TP e TO) as correlações foram negativas. A correlação entre os caracteres (PG e TO) foi pequena, comparável com a obtida para os caracteres (DS e TO). A representação gráfica também mostrou que os fenótipos dos parentais envolvidos nesse cruzamento não são correlacionados, ou seja, os parentais são divergentes. Além disso, foi possível verificar que o fenótipo médio das plantas F_2 se aproxima mais do parental USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko), o que indica uma situação de prepotência moderada desse parental sobre Abura. De maneira geral, se observa que o parental USP98-06.011.10 (Araçatuba x Doko) foi mais relacionado com o caráter PG, enquanto o parental Abura foi mais relacionado com o caráter TP (figura 2).

Certamente, a maior prepotência de um parental em relação ao outro está associada com a maior quantidade de alelos favoráveis que ele possui; de certa forma, a prepotência do parental reflete a sua capacidade de combinação. Na análise *biplot*, a prepotência é com base no grupo de caracteres que foram analisados; assim, as considerações devem ser feitas de forma multivariada.

Associações semelhantes também foram observadas no cruzamento USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) x Biloxi. Assim, os caracteres (DS e TP) foram os mais positivamente correlacionados, enquanto que entre os caracteres (PG e DS), (PG e TP) e (TP e TO) as correlações foram negativas. A correlação entre os caracteres (PG e TO) foi pequena, comparável com a obtida para os caracteres (DS e TO). A representação gráfica mostrou que os fenótipos dos parentais envolvidos nesse

cruzamento também não são correlacionados, ou seja, os parentais são divergentes. Além disso, foi possível verificar que o fenótipo médio das plantas F_2 se aproxima mais do parental USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2), o que indica uma situação de prepotência moderada desse parental sobre Biloxi. De maneira geral, se observa que o parental USP98-06.027.03 (IAC PL-1 x FT-2) foi mais relacionado com o caráter PG, enquanto o parental Biloxi foi mais relacionado com o caráter TP (figura 3). As correlações entre estes parentais e os caracteres PG e TP foram mais fortes do que as observadas no cruzamento estudado anteriormente.

De acordo com a figura 4, a análise gráfica *biplot* para os dados do cruzamento M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) x Abura mostrou uma situação de alta prepotência do parental M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) sobre Abura. Isto é verificado pela sobreposição entre o vetor das plantas F_2 e o vetor do parental M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738). A magnitude e o tipo de correlação verificada entre os caracteres (DS e TP), (PG e DS), (PG e TP) e (TP e TO) foram semelhantes às obtidas para os dois cruzamentos já estudados. Entretanto, a correlação entre os caracteres (PG e TO) tendeu a ser mais negativa, ao passo que os caracteres (DS e TO) continuaram sendo pouco correlacionados. A representação gráfica também mostrou que os fenótipos dos parentais envolvidos nesse cruzamento não são correlacionados, o que indica divergência entre eles. De maneira geral, se observa que o parental M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) foi mais relacionado com o caráter PG, enquanto o parental Abura foi mais relacionado com o caráter TP. Situação semelhante foi observada no primeiro cruzamento estudado.

No último cruzamento estudado USP98-06.009.01 (TMV x Doko) x PI 239.235, a análise gráfica *biplot* mostrou que a magnitude e o tipo de correlação verificada entre os caracteres (DS e TP), (PG e DS), (PG e TP) e (TP e TO) foram semelhantes às obtidas para os outros três cruzamentos estudados anteriormente. Apenas as correlações entre os caracteres (PG e TO) e (DS e TO) foram pequenas. Situação semelhante foi encontrada também nos dois primeiros cruzamentos estudados. A representação gráfica também mostrou que os fenótipos dos parentais envolvidos nesse cruzamento não são correlacionados, o que indica divergência entre eles. Além disso, foi possível verificar que o fenótipo médio das plantas F_2 se aproxima mais do

parental USP98-06.009.01 (TMV x Doko), o que indica uma situação de prepotência moderada desse parental sobre PI 239.235. De maneira geral, se observa que o parental USP98-06.009.01 (TMV x Doko) foi mais relacionado com o caráter PG, enquanto o parental PI 239.235 foi mais relacionado com o caráter TP (figura 5).

Nos quatro cruzamentos estudados, a correlação entre os caracteres (DS e TP) foi positiva e alta. Estes resultados sugerem que a seleção para aumentar a densidade da semente pode promover ganhos genéticos indiretos no teor de proteína. Devido à facilidade de se determinar a densidade da semente em comparação com o teor de proteína, a seleção indireta pode ser muito útil para os programas de melhoramento genético que visam aumentar o teor de proteína da soja. Outra informação importante é que a correlação entre os caracteres TP e TO foi negativa e alta nos quatro cruzamentos estudados.

Em nenhum dos quatro cruzamentos, o desempenho médio das plantas F_2 foi igual à média dos parentais (MP), de acordo com as distâncias existentes entre os seus respectivos vetores. Assim, nos quatro cruzamentos, ocorreu prepotência genética de um dos parentais sobre o outro, porém, com magnitudes diferentes, sendo que o parental M-SOY 8001 (Empaer 10 x Coker 6738) foi o que apresentou maior prepotência genética (figura 4).

A identificação de parentais com maior prepotência genética é interessante para os programas de melhoramento genético, pois ela pode auxiliar no planejamento dos cruzamentos e, com isso, facilitar a obtenção de populações segregantes com grande potencial para a seleção de genótipos superiores quanto a um conjunto de caracteres.

2.3.2 Respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente

2.3.2.1 Aspectos gerais

Esta etapa do trabalho teve o propósito de avaliar a eficiência da seleção para densidade da semente, principalmente, na alteração do teor de proteína, além de outros caracteres de importância agrônômica para a soja. Com isso, foram delineados três

experimentos distintos (Experimento Inicial, Experimento Densidade e Experimento Alimentos).

Tanto no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, como no Experimento Densidade e Experimento Alimentos, realizados na safra 2006/07, foi possível obter dados com boa precisão experimental para proceder as análises propostas nesta etapa do trabalho. Nas duas safras, as condições edafoclimáticas foram favoráveis ao bom desenvolvimento das plantas de soja. Isto pode ser verificado por meio das médias gerais e dos coeficientes de variação experimental dos caracteres avaliados em cada um dos três experimentos (tabelas 12, 19 e 29).

Dado o grande número de tratamentos e o delineamento experimental utilizado nos três experimentos, inicialmente foi testada a significância do efeito da estratificação das repetições, por meio da análise de variância preliminar dos dados das testemunhas.

Assim, na análise de variância preliminar dos dados das testemunhas do Experimento Inicial, nenhuma das duas fontes de variação teve efeito significativo (tabela 11). Isto demonstra que não existe variação ambiental significativa entre os conjuntos dentro das repetições; portanto, não houve a necessidade de ajustar os dados das progênies. Na análise de variância preliminar dos dados das testemunhas do Experimento Densidade, a fonte de variação conjuntos, apenas para os caracteres TO e TP/TO, teve efeito significativo (tabela 18). Já na análise de variância preliminar dos dados das testemunhas do Experimento Alimentos, a fonte de variação testemunhas x conjuntos teve efeito significativo para o caráter APM e, também, as fontes de variação conjuntos e testemunhas x conjuntos tiveram efeitos significativos para o caráter Ac (tabela 28). Os resultados dessas análises mostram que, para estes caracteres, existe variação ambiental significativa entre os conjuntos dentro das repetições. E o ajuste dos dados das progênies foi realizado de acordo com Pimentel-Gomes (2000).

Após os ajustes necessários nos dados das progênies, foram realizadas as análises de variância englobando todos os dados em cada um dos três experimentos. Assim, para os experimentos Inicial, Densidade e Alimentos, as médias gerais dos caracteres avaliados (tabelas 12, 19 e 29) foram, respectivamente:

NDM = 136, 141 e 140 dias; APM = 73, 77 e 81cm;

$Ac = 2,0, 2,0 \text{ e } 1,5$; $VAM = 3,5, 4,0 \text{ e } 3,5$;
 $AS = 3,0, 3,0 \text{ e } 3,5$; $PG = 1757, 1868 \text{ e } 1884 \text{ kg.ha}^{-1}$;
 $PCS = 20,2, 18,2 \text{ e } 18,9\text{g}$; $DS = 1,185, 1,197 \text{ e } 1,195 \text{ t.m}^{-3}$;
 $TO = 18,1, 17,7 \text{ e } 17,9\%$; $TP = 41,0, 41,5 \text{ e } 41,2\%$;
 $TP/TO = 2,28, 2,39 \text{ e } 2,36$; $PO = 318, 329 \text{ e } 336 \text{ kg.ha}^{-1}$;
 $PP = 721, 777 \text{ e } 780 \text{ kg.ha}^{-1}$; $PO+PP = 1039, 1106 \text{ e } 1116 \text{ kg.ha}^{-1}$.

Para o caráter VAF, avaliado apenas no Experimento Inicial, obteve-se a média geral de 4,0. Estas médias gerais estão de acordo com as normalmente encontradas na literatura para experimentos realizados com a cultura da soja (TINIUS et al., 1993; FARIAS NETO e VELLO, 2001; CARVALHO et al., 2003; GOMES et al., 2004).

Em geral, foi observada boa precisão experimental nos três experimentos, e os coeficientes de variação experimental variaram de 0,8 a 30,5% (tabelas 12, 19 e 29). De maneira geral, para os caracteres NDM, APM, VAF, VAM, AS, PCS, DS, TO, TP e TP/TO, os coeficientes de variação experimental foram menores ou iguais a 10%; já para os caracteres Ac, PG, PO, PP e PO+PP, os coeficientes de variação experimental foram maiores que 10%. Também se observou que no Experimento Inicial os coeficientes de variação experimental foram maiores em comparação com os observados nos experimentos Densidade e Alimentos. Esses valores estão de acordo com os normalmente encontrados na literatura para experimentos realizados com a cultura da soja (TINIUS et al., 1993; FARIAS NETO e VELLO, 2001; CARVALHO et al., 2003; GOMES et al., 2004).

Em especial o caráter densidade da semente, apresentou variabilidade genética significativa no germoplasma de soja tipo alimento estudado (progênies em geração avançada de endogamia). Ressalta-se que a média geral para este caráter, em cada um dos três experimentos foi de 1,185, 1,197 e 1,195 t.m^{-3} . Já o coeficiente de variação experimental, considerado muito baixo nos três experimentos, foi de 1,1, 0,8 e 0,9% (tabelas 12, 19 e 29). Isto demonstra que a determinação indireta da densidade da semente de soja, por meio do Princípio de Arquimedes, tem excelente precisão experimental. Resultados semelhantes a estes foram também obtidos por Li e Burton (2002).

A seguir, são apresentados e discutidos os resultados mais relevantes obtidos com a análise dos dados dos experimentos Inicial, Densidade e Alimentos.

2.3.2.2 Experimento Inicial

Os resultados deste experimento permitiram verificar a existência de variação genética para densidade da semente num grande número de progênies de soja tipo alimento em geração avançada de endogamia.

2.3.2.2.1 Análises de variância

Nos resultados das análises de variância verificou-se que a fonte de variação genótipos foi significativa ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados (tabela 12). Isto é um indicativo de que os genótipos estudados (520 progênies $F_{7:6}$) têm ampla variação genética. Para as fontes de variação progênies e testemunhas também foram verificados efeitos significativos ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados. Com estes resultados, está garantida a variação genética para executar o processo de seleção proposto no trabalho. A fonte de variação referente ao contraste progênies vs. testemunhas apenas não apresentou efeito significativo ($P < 0,01$) para os caracteres NDM e VAF; isto indica que somente para estes dois caracteres as progênies têm comportamento médio semelhante ao das testemunhas.

Para a fonte de variação conjuntos dentro de repetições foi observado efeito significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres (tabela 12). Exceto, para o caráter VAM que não apresentou efeito significativo e para o caráter VAF que apresentou efeito significativo ($P < 0,05$). Estes caracteres também são relacionados, e a ausência de significância para o caráter VAM é um indicativo de uniformidade do comportamento médio das progênies e testemunhas entre os conjuntos. Como foram avaliadas progênies diferentes em cada conjunto e na análise de variância preliminar somente com as testemunhas não foi constatado nenhum efeito significativo para as fontes de variação conjuntos e/ou para a interação testemunhas x conjuntos (tabela 11), este resultado sugere que a variação genética das progênies foi distribuída igualmente entre

os conjuntos. Tal resultado era esperado, uma vez que as progênies foram tomadas ao acaso para formar os conjuntos.

Para estudar as respostas correlacionadas à seleção para densidade da semente é necessário a utilização de germoplasma com ampla variação genética para vários caracteres. De acordo com os resultados apresentados, verifica-se que esse pré-requisito foi atendido plenamente, uma vez que as 520 progênies $F_{7:6}$ avaliadas neste experimento mostraram ter variação genética em todos os 15 caracteres estudados (tabela 12).

2.3.2.2.2 Coeficientes de herdabilidade

Nesse experimento, o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, parâmetro utilizado para estimar a participação do componente genético no desempenho das progênies, permaneceu entre 55,8 e 92,7% (tabela 12). Estas estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas a altas. Para a maior parte dos caracteres, as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 90,2% (NDM), 88,1% (APM), 71,3% (Ac), 67,2% (VAF), 75,8% (VAM), 83,4% (AS), 92,7% (PCS), 78,5% (TO), 69,3% (TP) e 84,6% (TP/TO). Porém, para a produtividade de grãos e todos os caracteres derivados desta, as estimativas de herdabilidade foram consideradas moderadas, sendo de 56,9% (PG), 55,8% (PO), 58,3% (PP), 56,9% (PO+PP).

Particularmente, a estimativa de herdabilidade para a densidade da semente (DS) foi considerada moderada, sendo de 60,3% (tabela 12). Estimativas de herdabilidade parecidas foram obtidas por Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002), mas foram inferiores àsquelas encontradas por Fehr e Weber (1968) e Silva (2004).

De acordo com as estimativas de herdabilidade obtidas nesse experimento, verifica-se que o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente é mais alto do que para a produtividade de grãos, mas é inferior ao dos teores de proteína e de óleo. Esta mesma relação entre as estimativas de herdabilidade para os três caracteres foi encontrada por Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002). Estes resultados sugerem que a seleção para densidade da semente

pode ser mais efetiva do que para a produtividade de grãos. Aliado a isto, soma-se o fato da densidade da semente ser um dos componentes da produtividade de grãos.

Uma estimativa de herdabilidade que chama a atenção pela sua magnitude é a do peso de cem sementes (92,7%), a mais alta obtida no experimento. Como o peso de cem sementes é um indicativo do seu tamanho, e este se relaciona com a produtividade de grãos, a seleção para o peso de cem sementes pode auxiliar os programas de melhoramento genético a desenvolverem genótipos mais produtivos. Alguns resultados promissores com este tipo de seleção foram encontrados na literatura. Tinius et al. (1991), por exemplo, estudaram três populações com a presença do gene de machoesterilidade *ms₁*. Em duas das populações conseguiram melhorar indiretamente a produtividade de grãos praticando quatro ciclos de seleção recorrente para aumentar o tamanho da semente. Tinius et al. (1993), estudando essas mesmas populações, verificaram que a seleção recorrente para aumentar o tamanho da semente além de melhorar indiretamente a produtividade de grãos, não afeta de forma significativa os teores de proteína e de óleo. Entretanto, deve-se fazer uma ressalva, pois estes resultados foram obtidos em populações de soja com presença de machoesterilidade.

2.3.2.2.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Os coeficientes de correlação fenotípica e genética são parâmetros que possibilitam verificar a magnitude e o tipo de associação (direta ou inversa) existente entre pares de caracteres. Quando a correlação é positiva, os caracteres apresentam associação direta, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica no aumento da média também do outro caráter. Quando a correlação é negativa, os caracteres apresentam associação inversa, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica na redução da média do outro caráter. Estas informações são muito úteis aos programas de melhoramento genético, pois permitem avaliar estratégias alternativas baseadas na seleção simultânea de caracteres e, também, mensurar as possíveis respostas correlacionadas à seleção para um determinado caráter.

O coeficiente de correlação genética fornece uma medida das associações genéticas existentes entre pares de caracteres, ou seja, indica se os caracteres em

questão são controlados pelos mesmos genes e/ou por genes que estão ligados. Em geral, é muito desejável para os programas de melhoramento que a estimativa de correlação genética seja superior à fenotípica. Desta forma, o fenótipo daria uma indicação segura do genótipo que está sendo selecionado, e isto pode resultar em ganhos genéticos indiretos maiores.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste *t*, com *n*-2 graus de liberdade, sendo *n* igual ao número de progênies avaliadas no experimento. A significância foi testada no nível de 1 e 5% de probabilidade.

De maneira geral, nesse experimento foram obtidas estimativas de correlação genética superiores às estimativas de correlação fenotípica (tabela 13). No entanto, ocorreram poucas trocas de sinal e a magnitude relativa entre os coeficientes de correlação fenotípica e genética se manteve dentro da mesma categoria (baixa, moderada ou alta) para o par de caracteres considerado. Com isto, optou-se por discutir os resultados relativos aos coeficientes de correlação fenotípica, entendendo que as considerações são pertinentes também aos coeficientes de correlação genética. Na discussão dos resultados foi dada ênfase somente para as estimativas significativas. E, também, as estimativas foram agrupadas nas categorias baixa, moderada e alta, de acordo com a magnitude dos coeficientes.

As estimativas significativas ($P < 0,01$ e $P < 0,05$) de correlação fenotípica para a densidade da semente com os demais caracteres avaliados apresentaram ampla variação quanto à magnitude e o tipo de sinal (+ ou -). Com isto, foram encontradas três correlações negativas, sendo de -0,29 (DS e Ac), -0,61 (DS e TO) e -0,11 (DS e PO). Ressalta-se a magnitude elevada da correlação entre os caracteres DS e TO. Este resultado indica que a seleção para aumentar a densidade da semente poderá levar à redução dos teores de óleo. A maioria dos caracteres foi correlacionada positivamente com a densidade da semente, sendo de 0,14 (DS e NDM), 0,20 (DS e VAF), 0,10 (DS e VAM), 0,19 (DS e PCS), 0,56 (DS e TP), 0,58 (DS e TP/TO) e 0,09 (DS e PP). Entretanto, a maior parte destas estimativas de correlação foi baixa, sendo que apenas para a correlação entre a densidade da semente e os caracteres TP e TP/TO as estimativas tiveram magnitude moderada (tabela 13). Portanto, a densidade da

semente foi positivamente correlacionada com o teor de proteína e negativamente correlacionada com o teor de óleo. Estimativas semelhantes foram encontradas por Fehr e Weber (1968), mas apresentaram magnitudes inferiores em comparação com as obtidas por Smith e Weber (1968).

Diversos estudos já mostraram que a correlação entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta (WILCOX e SHIBLES, 2001; MAREGA FILHO et al., 2001). Neste experimento também foi verificado que a correlação fenotípica entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta ($P < 0,01$), sendo de -0,82 (tabela 13). É interessante destacar que não foi observada correlação significativa entre a densidade da semente e a produtividade de grãos. Li e Burton (2002) também obtiveram este mesmo resultado.

Um fato interessante é que a correlação fenotípica entre a produtividade de grãos e o teor de proteína foi positiva e baixa ($P < 0,05$), sendo de 0,11. Por outro lado, a correlação fenotípica entre a produtividade de grãos e o teor de óleo foi negativa e baixa ($P < 0,01$), sendo de -0,12 (tabela 13). Estes resultados estão em discordância com o que foi encontrado em vários trabalhos (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998; COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006), pois neles a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de proteína é predominantemente negativa, e a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de óleo é positiva. Acredita-se que os resultados diferentes obtidos nesse estudo podem ter sido ocasionados pelo germoplasma de soja tipo alimento estudado.

Os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres relacionados com a produtividade de grãos (PO, PP e PO+PP) foram os mais altos obtidos nesse estudo. Estes caracteres foram positivamente correlacionados e de magnitude alta, acima de 0,94 ($P < 0,01$). Entretanto, isto já era esperado, uma vez que se utilizou a produtividade de grãos na estimação destes caracteres. O mesmo fato aconteceu com os coeficientes de correlação fenotípica entre o caráter TP/TO e os caracteres TO e TP; neste caso, eles foram de -0,97 (TO e TP/TO) e de 0,90 (TP e TP/TO) (tabela 13).

Um coeficiente de correlação significativo ($P < 0,01$) e de magnitude moderada (0,55) foi encontrado entre os caracteres VAF e VAM (tabela 13). Este resultado indica que o valor agrônomo no florescimento é associado com o valor agrônomo na

maturidade. Ou seja, o vigor da planta no florescimento é responsável por parte do potencial produtivo verificado na maturidade.

2.3.2.2.4 Predição das médias dos teores de óleo e de proteína

A análise simultânea da densidade da semente e do teor de óleo, e da densidade da semente e do teor de proteína, para os dados das progênies avaliadas no Experimento Inicial, permitiu identificar a existência de relação linear para cada um dos pares de caracteres. O coeficiente de correlação fenotípica (r) entre os caracteres DS e TO foi de -0,61 e entre os caracteres DS e TP foi de 0,56, e ambos foram significativos ($P < 0,01$) (tabela 14). Estes resultados demonstram que os caracteres DS e TO têm associação inversa, e os caracteres DS e TP têm associação direta. Os mesmos tipos de associação também foram encontrados por Hartwig e Collins (1962), Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002).

Como os caracteres densidade da semente, teor de óleo e teor de proteína são correlacionados, é possível fazer previsões dos teores de óleo e de proteína (caracteres dependentes) apenas com base no conhecimento dos dados de densidade da semente (caráter independente). Com isso, foi realizada a análise de regressão linear entre a densidade da semente e os teores de óleo e de proteína, para os dados das progênies avaliadas no Experimento Inicial.

Tanto entre os caracteres DS e TO como entre os caracteres DS e TP o modelo linear foi significativo ($P < 0,01$). Isto indica que o modelo testado é capaz de explicar uma parte significativa da variação que é comum para o par de caracteres. O coeficiente de determinação (R^2), que mede a proporção da variação total que é explicada pelas variáveis do modelo, foi baixo para os dois caracteres. Foram obtidas as estimativas de 0,37 para o TO e de 0,31 para o TP (tabela 14).

Com base nos princípios da análise de regressão linear, buscou-se conhecer a relação funcional (interdependência) entre os acréscimos em unidade para a densidade da semente e os correspondentes acréscimos em unidade para o teor de óleo e, também, para o teor de proteína.

A equação que explica a dependência do teor de óleo em relação à densidade da semente é dada por:

$$TO = 77,872 - 50,403DS$$

E a equação que explica a dependência do teor de proteína em relação à densidade da semente é dada por:

$$TP = -19,896 + 51,377DS$$

O trabalho pioneiro sobre o estudo da densidade da semente em soja, associando-a aos teores de proteína e de óleo, foi publicado por Hartwig e Collins (1962). Quase na mesma época alguns outros trabalhos também tentaram entender a associação entre estes caracteres (FEHR e WEBER, 1968; SMITH e WEBER, 1968). Mais recentemente, Li e Burton (2002) e Silva (2004) também publicaram sobre o tema.

O único trabalho encontrado que procurou prever os teores de óleo e de proteína com base na densidade da semente foi realizado por Fehr et al. (1968). Entretanto, neste trabalho não se chegou a publicar equações que expliquem a interdependência entre esses caracteres.

Diante disso, as duas equações obtidas no presente trabalho foram utilizadas para prever os teores de óleo e de proteína com valores de densidade da semente variando de 1,105 a 1,250 t.m⁻³ (tabela 15). Acredita-se que a possibilidade de prever os teores de óleo e de proteína em função da densidade da semente poderá ajudar os programas de melhoramento genético que desejam melhorar estes caracteres em soja.

2.3.2.2.5 Respostas correlacionadas

Com base nas médias das 520 progênies F_{7:6} foi aplicado um processo de seleção divergente, selecionando-se as 50 progênies com mais alta densidade da semente e as 50 progênies com mais baixa densidade da semente, ou seja, uma intensidade de seleção de aproximadamente 10% apenas para o caráter densidade da

semente. Com as médias de todas as progênes (M_O), as médias apenas das progênes selecionadas (M_S) e os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), foi possível estimar as respostas correlacionadas à seleção (RC) para densidade da semente nos outros caracteres avaliados. Os ganhos de seleção indiretos também foram obtidos em porcentagem relativa às médias de todas as progênes avaliadas no Experimento Inicial.

Nas 50 progênes selecionadas para alta densidade da semente, o ganho de seleção direto em relação à própria densidade da semente foi de 1,1%. Os caracteres NDM, APM e AS não foram afetados pela seleção. Os demais caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos com magnitudes e sentidos diferentes. Três caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos negativos: Ac (-17,8%), TO (-7,3%) e PO (-0,3%). A maioria dos caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos positivos: VAF (8,4%), VAM (25,3%), PG (5,6%), PCS (4,0%), TP (2,9%), TP/TO (13,0%), PP (8,5%) e PO+PP (5,6%). Os ganhos de seleção indiretos para os caracteres Ac, VAM e TP/TO se destacaram por apresentarem valores elevados (tabela 16).

Em geral, a seleção para aumentar a densidade da semente melhorou a aptidão agrônômica das progênes. Entre as estimativas de respostas correlacionadas, especial destaque deve ser dado para o sucesso da seleção em aumentar simultaneamente a produtividade de grãos e o teor de proteína. A média da produtividade de grãos foi aumentada em 101 kg.ha⁻¹ e a média do teor de proteína foi aumentada em 1,2%. Simultaneamente também ocorreu a redução de 1,3% na média do teor de óleo. O mais surpreendente é que a média da PO+PP aumentou em 60 kg.ha⁻¹, entretanto, este incremento é atribuído essencialmente ao aumento da média da produtividade de proteína (tabela 16). Estes resultados discordam dos obtidos por Li e Burton (2002), pois obtiveram pouco sucesso com a seleção para aumentar a densidade da semente.

Nas 50 progênes selecionadas para baixa densidade da semente o ganho de seleção direto em relação à própria densidade da semente foi de -1,2%. Os caracteres Ac, VAF e AS não foram afetados pela seleção. Os demais caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos com magnitudes e sentidos diferentes. Três caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos negativos: PCS (-5,4%), TP (-1,9%) e TP/TO (-7,5%).

Todavia, a maioria dos caracteres tiveram ganhos de seleção indiretos positivos: NDM (0,7%), APM (2,4%), VAM (12,6%), PG (2,1%), TO (4,7%), PO (5,8%), PP (0,5%) e PO+PP (2,1%). Apenas o caráter valor agronômico na maturidade teve um ganho de seleção indireto mais elevado (tabela 17). Entretanto, seu valor foi metade do ganho de seleção indireto obtido quando se praticou seleção para aumentar a densidade da semente.

De maneira geral, a seleção para reduzir a densidade da semente piorou a aptidão agronômica das progênies. Entre as estimativas de respostas correlacionadas, destaque deve ser dado para o sucesso limitado da seleção em aumentar simultaneamente a produtividade de grãos e o teor de óleo. A média da produtividade de grãos foi aumentada em apenas 38 kg.ha⁻¹ e a média do teor de óleo foi aumentada em 0,9%. Simultaneamente, ocorreu uma ligeira redução da média do teor de proteína (-0,8%). A média da produtividade de óleo e de proteína aumentou em apenas 22 kg.ha⁻¹, quase três vezes menor em comparação com a média obtida quando se praticou seleção para aumentar a densidade da semente (tabela 17). Estes resultados concordam com os obtidos por Li e Burton (2002), que também tiveram pouco sucesso com a seleção para reduzir a densidade da semente.

O único caráter que não sofreu alteração com a seleção tanto para aumentar como para reduzir a densidade da semente foi o aspecto da semente (tabelas 16 e 17). Este resultado é muito promissor para os programas de melhoramento genético que desenvolvem cultivares de soja tipo alimento, uma vez que a seleção para aumentar a densidade da semente, com o objetivo de incrementar o teor e a produtividade de proteína, pode não afetar o bom aspecto da semente, particularmente tegumento e hilo de cor clara e sementes relativamente esféricas.

Por outro lado, os melhoristas têm que estar atentos ao fato de que a seleção para aumentar a densidade da semente pode promover aumento do tamanho da semente. E a seleção para reduzir a densidade da semente pode promover redução do tamanho da semente. Isto acontece porque o tamanho da semente é normalmente mensurado por meio do peso de cem sementes. Esta evidência mostra que devem ser adotadas outras estratégias para mensurar o tamanho da semente nos programas de

melhoramento genético que desenvolvem cultivares de soja tipo alimento. Como, por exemplo, atribuir notas para a largura visual das vagens (YOKOMIZO et al., 2000).

Baseado nos ganhos de seleção indiretos, verifica-se que a adoção desse processo de seleção pode ser útil aos programas de melhoramento genético de soja, principalmente em ciclos de seleção recorrente. Dessa forma, talvez se consiga minimizar os efeitos negativos da correlação negativa entre a produtividade de grãos e o teor de proteína. Assim, a seleção para densidade da semente pode se tornar uma alternativa interessante quando o objetivo é desenvolver genótipos de soja produtivos e com teores altos de proteína ou de óleo, separadamente. A obtenção de genótipos especializados (com altos teores de proteína ou de óleo) deve ser incentivada, pois as estimativas das respostas correlacionadas indicaram grandes dificuldades na seleção simultânea para aumentar os teores de proteína e de óleo.

2.3.2.3 Experimento Densidade

Os resultados deste experimento permitiram demonstrar a eficiência da seleção divergente para densidade da semente e o seu efeito sobre outros caracteres da soja. A avaliação de outros caracteres além da densidade da semente, também, permitiu estudar as alterações que ocorreram na magnitude e no tipo de associação entre eles, levando-se em consideração os dois grupos de 50 progênies $F_{8:6}$ selecionadas dentre as progênies que foram avaliadas no Experimento Inicial.

2.3.2.3.1 Análises de variância

Nas análises de variância verificou-se que a fonte de variação genótipos foi significativa ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados (tabela 19). Para a fonte de variação progênies também foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados. Isto é um indicativo de que as progênies estudadas, mesmo após terem passado por uma intensidade de seleção de aproximadamente 20%, ainda têm variação genética passível de ser explorada em novos ciclos de seleção. Para a fonte de variação testemunhas foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos

caracteres avaliados. Apenas para o caráter PO é que esta fonte de variação não teve efeito significativo. A fonte de variação referente ao contraste progênes vs. testemunhas apresentou efeito significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados. E para os caracteres PG e TP/TO foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). Já para os caracteres APM, Ac e PO não foram observados efeitos significativos, indicando que somente para estes caracteres as progênes têm comportamento médio semelhante ao das testemunhas.

Na tabela 20, para a fonte de variação progênes com alta densidade da semente (ADS) foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados. Já para a fonte de variação progênes com baixa densidade da semente (BDS) foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) para a maioria dos caracteres avaliados. Apenas para os caracteres Ac e TP foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). De maneira geral, estes resultados indicam que tanto as progênes com ADS como as progênes com BDS ainda têm variação genética passível de ser explorada em novos ciclos de seleção.

A fonte de variação referente ao contraste progênes com ADS vs. progênes com BDS apresentou efeito significativo ($P < 0,01$) para os caracteres PCS, DS, TO, TP, TP/TO e PO (tabela 20). E para o caráter PP foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). Estes resultados são muito promissores por mostrarem que a seleção para densidade da semente pode ser utilizada nos programas de melhoramento genético para a obtenção de ganhos de seleção indiretos nestes caracteres. Para os caracteres NDM, APM, Ac, VAM, AS, PG e PO+PP não foram observados efeitos significativos. Assim, metade dos caracteres avaliados não teve as médias afetadas pela seleção divergente para densidade da semente. Isto indica que a seleção para densidade da semente pode ser feita de maneira independente da seleção para estes caracteres.

Para os caracteres PCS, DS, TO, TP, TP/TO, PO e PP, que foram afetados pela seleção divergente, as médias das progênes com ADS e com BDS foram, respectivamente: 19,2 e 17,9g (PCS), 1,207 e 1,184 t.m⁻³ (DS), 16,6 e 19,2% (TO), 42,6 e 40,0% (TP), 2,62 e 2,10 (TP/TO), 305 e 346 kg.ha⁻¹ (PO) e 796 e 720 kg.ha⁻¹ (PP) (tabela 20). Estes resultados discordam dos obtidos por Li e Burton (2002). Acredita-se

que o sucesso limitado conseguido por estes autores talvez esteja associado com a utilização de populações de soja com presença de machoesterilidade.

Para a fonte de variação conjuntos dentro de repetições foi observado efeito significativo apenas para dois caracteres, TO ($P < 0,01$) e TP/TO ($P < 0,05$) (tabela 19). A significância para estes caracteres é um indicativo de que o comportamento médio das progênies e testemunhas não é uniforme entre os conjuntos. Como foi realizado o ajuste dos dados das progênies na análise preliminar, uma possível causa para isto é que a variação genética das progênies pode não estar distribuída igualmente entre os conjuntos experimentais.

2.3.2.3.2 Coeficientes de herdabilidade

Nesse Experimento Densidade, o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, parâmetro utilizado para estimar a participação do componente genético no desempenho das progênies, permaneceu entre 65,0 e 98,4% (tabela 19). Todas as estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 94,6% (NDM), 83,4% (APM), 66,7% (Ac), 65,0% (VAM), 69,4% (AS), 76,4% (PG), 96,2% (PCS), 84,2% (DS), 98,4% (TO), 74,2% (TP), 96,3% (TP/TO), 77,1% (PO), 78,7% (PP), 76,7% (PO+PP).

Em especial, a estimativa de herdabilidade para a densidade da semente foi semelhante às obtidas por Fehr e Weber (1968) e Silva (2004), mas foi superior às aquelas encontradas por Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002). Também algumas estimativas de herdabilidade chamam a atenção pelas suas magnitudes, como por exemplo as obtidas para os caracteres NDM, PCS, TO e TP/TO, indicando que a seleção para estes caracteres é extremamente facilitada.

De acordo com as estimativas de herdabilidade obtidas nesse experimento, verifica-se que o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente é mais alto do que para a produtividade de grãos, mas é inferior ao do teor de óleo e superior ao do teor de proteína. Exceto, para o caso do teor de proteína, relação parecida entre as estimativas de herdabilidade foram encontradas também por Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002). Estes resultados também

corroboram com a indicação de que a seleção para densidade da semente pode ser mais efetiva do que para a produtividade de grãos.

2.3.2.3.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Os aspectos teóricos sobre a interpretação dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foram apresentados detalhadamente no item 2.3.2.2.3.

É importante destacar que, as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foram obtidas levando-se em consideração o desdobramento em progênies com alta densidade da semente (ADS) e progênies com baixa densidade da semente (BDS).

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade, sendo n igual ao número de progênies com ADS ou BDS avaliadas no experimento. A significância foi testada no nível de 1 e 5% de probabilidade.

De maneira geral, tanto nas progênies com ADS como nas com BDS foram obtidas estimativas de correlação genética superiores às estimativas de correlação fenotípica (tabelas 21 e 22). No entanto, ocorreram poucas trocas de sinal e a magnitude relativa entre os coeficientes de correlação fenotípica e genética se manteve dentro da mesma categoria (baixa, moderada ou alta) para o par de caracteres considerado. Com isto, optou-se por discutir os resultados relativos aos coeficientes de correlação fenotípica, entendendo que as considerações são pertinentes também aos coeficientes de correlação genética.

A seguir, são apresentadas e discutidas as estimativas de correlação fenotípica obtidas para os dois grupos de progênies (ADS e BDS) que foram avaliadas no Experimento Densidade (tabelas 21 e 22). Na discussão dos resultados foi dada ênfase somente para as estimativas significativas e, também, as estimativas foram agrupadas nas categorias baixa, moderada e alta, de acordo com a magnitude dos coeficientes.

As estimativas significativas ($P < 0,01$ e $P < 0,05$) de correlação fenotípica para a densidade da semente com os demais caracteres avaliados apresentaram ampla variação quanto à magnitude e o tipo de sinal (+ ou -). Assim, para o grupo de

progênes com ADS foram encontradas duas correlações negativas, sendo de -0,60 (DS e NDM) e -0,47 (DS e TO), consideradas de magnitude moderada. E para o grupo de progênes com BDS apenas a correlação entre DS e NDM foi negativa e de magnitude alta (-0,62) (tabelas 21 e 22). Estes resultados indicam que a seleção para aumentar a densidade da semente implica em redução do número de dias para a maturidade, o que é muito interessante, pois a precocidade é uma característica atualmente muito valorizada pelos programas de melhoramento genético de soja (CALVO e KIIHL, 2006).

A maioria dos caracteres foi correlacionada positivamente com a densidade da semente. Para o grupo de progênes com ADS, as estimativas obtidas foram de 0,37 (DS e AS), 0,54 (DS e PG), 0,46 (DS e TP), 0,47 (DS e TP/TO), 0,36 (DS e PO), 0,58 (DS e PP) e 0,54 (DS e PO+PP). Já para o grupo de progênes com BDS, as estimativas obtidas foram de 0,29 (DS e AS), 0,53 (DS e PG), 0,48 (DS e PO), 0,54 (DS e PP) e 0,53 (DS e PO+PP) (tabelas 21 e 22). Nos dois grupos de progênes ressaltam-se as estimativas de correlação entre a densidade da semente e os caracteres PG, PO, PP e PO+PP. Estas estimativas podem despertar o interesse dos programas de melhoramento genético que visam desenvolver genótipos de soja produtivos e com elevados teores de proteína ou de óleo. Também, para o grupo de progênes com BDS, não foram obtidas estimativas de correlação significativas entre a densidade da semente e os caracteres TO e TP. É interessante destacar que nos dois grupos de progênes foi observada correlação positiva entre a densidade da semente e a produtividade de grãos, discordando dos resultados obtidos por Li e Burton (2002).

Um fato chamou a atenção, a densidade da semente foi positivamente correlacionada com a produtividade de proteína e também com a produtividade de óleo, embora para este último caráter a estimativa tenha sido mais baixa. O mais interessante é que a densidade da semente apresentou correlação positiva com a PO+PP (tabelas 21 e 22). Estes resultados sugerem que a seleção para aumentar a densidade da semente pode promover acréscimos no caráter PO+PP.

Diversos estudos já mostraram que a correlação entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta (WILCOX e SHIBLES, 2001; MAREGA FILHO et al., 2001). Neste experimento também foi verificado que a correlação fenotípica entre o teor de

óleo e de proteína é negativa e alta ($P < 0,01$), mas a estimativa foi um pouco mais elevada para as progênies com ADS (-0,86) em comparação com a das progênies com BDS (-0,70) (tabelas 21 e 22).

Um fato a ser destacado é que a correlação fenotípica entre a produtividade de grãos e o teor de proteína foi positiva e significativa ($P < 0,05$), porém de magnitude baixa (0,29), apenas para as progênies com ADS (tabela 21). Este resultado discorda do que foi encontrado com mais frequência na literatura (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998; COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006), pois nestes trabalhos a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de proteína é predominantemente negativa e a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de óleo é positiva. Sugere-se que o resultado contrário obtido nesse estudo pode ter sido ocasionado pelas características peculiares do germoplasma de soja tipo alimento estudado.

Os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres relacionados com a produtividade de grãos (PO, PP e PO+PP) estão entre os mais altos obtidos nesse estudo. Estes caracteres foram positivamente correlacionados e de magnitude alta, sendo a menor estimativa de 0,86 ($P < 0,01$). Entretanto, isto já era esperado uma vez que se utilizou a produtividade de grãos na estimação destes caracteres. O mesmo fato também aconteceu com os coeficientes de correlação fenotípica entre o caráter TP/TO e os caracteres TO e TP. Neste caso, eles foram de -0,98 (TO e TP/TO) e de 0,93 (TP e TP/TO) para o grupo de progênies com ADS (tabela 21), e de -0,97 (TO e TP/TO) e de 0,85 (TP e TP/TO) para o grupo de progênies com BDS (tabela 22).

De maneira geral, quando são comparadas as estimativas de correlação fenotípica obtidas nos dois grupos de progênies, verifica-se que nas progênies com ADS as estimativas foram mais interessantes do ponto de vista do melhoramento genético. Neste caso, a seleção de genótipos promissores pode ser facilitada, na medida em que são previstos ganhos genéticos indiretos muito favoráveis quando a seleção é feita no sentido de se aumentar a densidade da semente.

2.3.2.3.4 Estatística descritiva

Os parâmetros de estatística descritiva foram utilizados para comparar os limites de variação dos caracteres avaliados no grupo de progênies selecionadas para alta densidade da semente (ADS) com o grupo de progênies selecionadas para baixa densidade da semente (BDS). Assim, para estudar a amplitude de variação dos caracteres nos dois grupos de progênies, foram obtidos os limites superior e inferior que incluem 95% das progênies avaliadas.

De acordo com os resultados apresentados na tabela 23 verifica-se que, de maneira geral, a amplitude de variação encontrada para os caracteres avaliados nas progênies com ADS foi maior do que para os caracteres avaliados nas progênies com BDS. Dessa forma, os resultados mostram que a seleção para reduzir a densidade da semente levou à diminuição da variabilidade genética da maioria dos caracteres avaliados, enquanto que a seleção para aumentar a densidade da semente promoveu a ampliação da variabilidade genética da maioria dos caracteres avaliados.

Os limites superiores para as progênies com ADS foram, na maioria das vezes, maiores do que para as progênies com BDS. Apenas para três caracteres (NDM, TO e PO) os limites superiores foram maiores para as progênies com BDS. Estes resultados sugerem que a seleção para reduzir a densidade da semente promoveu incremento na média do teor de óleo das progênies. Por outro lado, comparando os limites inferiores entre as progênies com ADS e as progênies com BDS, verifica-se que os limites inferiores foram menores nas progênies com ADS para os seguintes caracteres: APM, Ac, PG, TO, PO, PP e PO+PP. Já nas progênies com BDS os limites inferiores menores foram encontrados para os seguintes caracteres: NDM, PCS, DS, TP, TP/TO. Já para os caracteres VAM e AS, os limites superiores e inferiores foram os mesmos nos dois grupos de progênies (tabela 23).

Estes resultados demonstram que ainda é possível obter ganhos genéticos em todos os caracteres avaliados. Além disso, existe variabilidade genética para ser explorada em novos ciclos de seleção divergente para o caráter densidade da semente.

2.3.2.3.5 Comparações entre médias

As médias das progênies com alta densidade da semente (ADS) avaliadas nesse experimento, quanto à produtividade de grãos e, depois, quanto ao teor de proteína, foram ranqueadas para possibilitar a identificação das progênies com desempenho superior em relação a estes dois caracteres. Com base nesse procedimento foram identificadas cinco progênies que se destacaram: 19-006-04-04, 19-006-04-05, 19-006-04-09, 19-006-04-10 e 19-002-01-06. A média de produtividade de grãos destas progênies foi de 2802 kg.ha⁻¹ (tabela 24). Embora sendo considerada uma média não muito alta, essas progênies estão entre as mais produtivas de acordo com o teste de comparações múltiplas aplicado. Além disso, é bom lembrar que o germoplasma de soja tipo alimento, geralmente, apresenta menor produtividade de grãos em comparação com o germoplasma de soja tipo grão.

Essas cinco progênies com desempenho superior foram oriundas de apenas dois cruzamentos diferentes, sendo que quatro delas são do mesmo cruzamento 19-006 [(TN#4 x PI 230.970 F_{7:4}) x Doko] x Hakucho e, também, foram selecionadas dentro da mesma progênie F_{6:2}, por isto o desempenho delas é muito similar em relação a vários caracteres. A progênie restante foi do cruzamento [(TN#4 x PI 230.970 F_{7:4}) x Doko] x (Forrest x Primavera). Ressalta-se que estes dois cruzamentos ainda têm um parental [(TN#4 x PI 230.970 F_{7:4}) x Doko] comum nas suas genealogias (tabela 10).

A média do teor de proteína dessas progênies foi considerada alta (44,3%) (tabela 25). Entretanto, a progênie 19-002-01-06 apresentou teor de proteína relativamente menor (41,5%). Além disso, esta progênie apresentou apenas a quarta maior média de produtividade de grãos (2732 kg.ha⁻¹) (tabela 24).

Procedimento semelhante foi adotado para as médias das progênies com baixa densidade da semente (BDS) avaliadas nesse experimento, quanto à produtividade de grãos e, depois, quanto ao teor de proteína. O ranqueamento possibilitou a identificação das progênies com desempenho superior em relação a estes dois caracteres. Com base nesse procedimento foram identificadas cinco progênies que se destacaram: 19-007-01-03, 19-007-02-01, 19-007-04-02, 19-007-05-03 e 19-045-03-03. A média de produtividade de grãos destas progênies foi de 2569 kg.ha⁻¹ (tabela 26). Embora sendo

considerada uma média baixa, essas progênes estão entre as mais produtivas de acordo com o teste de comparações múltiplas aplicado. Neste caso, também é bom lembrar que o germoplasma de soja tipo alimento, geralmente, apresenta menor produtividade de grãos em comparação com o germoplasma de soja tipo grão.

Essas cinco progênes com desempenho superior foram oriundas de apenas dois cruzamentos diferentes, sendo que quatro delas são do mesmo cruzamento 19-007 [(TN#4 x PI 230.970 F_{7:4}) x Doko] x Ocepar-4, só que foram selecionadas dentro de progênes F_{6:2} diferentes, por isto o desempenho delas é um pouco diferente em relação a vários caracteres. A progênie restante foi do cruzamento (PI 165.672 x Doko) x Hakucho. Ressalta-se que estes dois cruzamentos têm apenas o parental Doko em comum nas suas genealogias (tabela 10).

A média do teor de proteína dessas progênes foi semelhante aos teores normalmente encontradas nas cultivares disponíveis no mercado (40,0%) (tabela 27). E nenhuma das cinco progênes apresentou teor de proteína muito diferente dessa média, sendo que ele variou de 37,6 a 41,7%.

Comparando as genealogias das cinco melhores progênes selecionadas dentre as de ADS com as genealogias das cinco melhores progênes selecionadas dentre as de BDS, verifica-se que o parental Hakucho pode ter contribuído para aumentar o teor de proteína sem reduzir a produtividade de grãos das progênes.

2.3.2.4 Experimento Alimentos

Os resultados deste experimento possibilitaram identificar progênes com bom potencial produtivo e teor de proteína alto, além de outros caracteres agronômicos desejáveis. Além disso, com base nas duas equações de regressão linear obtidas com os dados do Experimento Inicial (item 2.3.2.2.4), foi feita a predição dos teores de óleo e de proteína para as 100 progênes F_{8:6} avaliadas neste experimento. Posteriormente, foram comparados os teores observados e preditos para testar a adequação das equações propostas.

2.3.2.4.1 Análises de variância

Nas análises de variância verificou-se que a fonte de variação genótipos foi significativa ($P < 0,01$) para todos os caracteres avaliados (tabela 29).

Para a fonte de variação progênes também foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) em todos os caracteres avaliados (tabela 29). Isto é um indicativo de que as progênes estudadas, mesmo após terem passado por uma intensidade de seleção de aproximadamente 20%, ainda têm variação genética passível de ser explorada em novos ciclos de seleção. O comportamento distinto entre as progênes para todos os caracteres avaliados permite, também, praticar a seleção no sentido de identificar genótipos superiores quanto às características peculiares da soja tipo alimento.

Para a fonte de variação testemunhas também foi verificado efeito significativo ($P < 0,01$) em todos os caracteres avaliados (tabela 29). A fonte de variação referente ao contraste progênes vs. testemunhas apresentou efeito significativo ($P < 0,01$) para os caracteres NDM, APM, VAM, PCS e PP. Para os caracteres PG e PO+PP foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). E para a outra metade dos caracteres não foram observados efeitos significativos. Isto indica que somente para esses caracteres as progênes têm comportamento médio igual ao das testemunhas.

Por fim, para a fonte de variação conjuntos dentro de repetições foram observados efeitos significativos ($P < 0,01$) para os caracteres NDM, PG, TP, TP/TO, PO, PP e PO+PP (tabela 29). Para o caráter PCS foi observado efeito significativo ($P < 0,05$). A significância para estes caracteres é um indicativo de que o comportamento médio das progênes e testemunhas não é uniforme entre os conjuntos e, uma possível causa para isto é que a variação genética das progênes pode não estar distribuída igualmente entre os conjuntos experimentais. Para o restante dos caracteres não foram observados efeitos significativos, incluindo-se os caracteres APM e Ac, que tiveram os dados ajustados na análise preliminar com as testemunhas.

2.3.2.4.2 Coeficientes de herdabilidade

Nesse experimento, o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo, parâmetro utilizado para estimar a participação do componente genético no desempenho das progênies, permaneceu entre 70,1 e 97,7% (tabela 29). As estimativas de herdabilidade foram consideradas altas, sendo de 92,3% (NDM), 70,1% (APM), 76,7% (Ac), 71,9% (VAM), 73,6% (AS), 79,7% (PG), 91,9% (PCS), 73,5% (DS), 97,7% (TO), 81,4% (TP), 97,1% (TP/TO), 83,3% (PO), 78,9% (PP), 78,7% (PO+PP).

Em especial, a estimativa de herdabilidade para a densidade da semente foi semelhante às obtidas por Fehr e Weber (1968), mas foi superior àquelas encontradas por Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002). Também algumas estimativas de herdabilidade chamam a atenção pelas suas magnitudes. Como é o caso das obtidas para os caracteres: NDM, PCS, TO e TP/TO. Isto indica que a seleção para estes caracteres é relativamente mais fácil e promissora. Estes resultados confirmaram as estimativas de herdabilidade obtidas com os dados do Experimento Densidade.

De acordo com as estimativas de herdabilidade obtidas nesse experimento, verifica-se que o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente é mais baixo do que para a produtividade de grãos, mas é inferior ao dos teores de proteína e de óleo. Então, exceto, para o caso da produtividade de grãos, relação semelhante entre as estimativas de herdabilidade foram encontradas também por Fehr e Weber (1968), Smith e Weber (1968) e Li e Burton (2002).

2.3.2.4.3 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

Os aspectos teóricos sobre a interpretação dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foram apresentados detalhadamente no item 2.3.2.2.3.

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade, sendo n igual ao número de progênies avaliadas no experimento. A significância foi testada no nível de 1 e 5% de probabilidade.

De maneira geral, nesse experimento também foram obtidas estimativas de correlação genética superiores às estimativas de correlação fenotípica (tabela 30). Novamente, ocorreram poucas trocas de sinal e a magnitude relativa entre os coeficientes de correlação fenotípica e genética se manteve dentro da mesma categoria (baixa, moderada ou alta) para o par de caracteres considerado. Com isto, optou-se por discutir os resultados relativos aos coeficientes de correlação fenotípica, entendendo que as considerações são pertinentes também aos coeficientes de correlação genética.

A seguir, são apresentadas e discutidas as estimativas de correlação fenotípica obtidas para os dados do Experimento Alimentos (tabela 30). Na discussão dos resultados foi dada ênfase somente para as estimativas significativas. E, também, as estimativas foram agrupadas nas categorias baixa, moderada e alta, de acordo com a magnitude dos coeficientes.

As estimativas significativas ($P < 0,01$ e $P < 0,05$) de correlação fenotípica para a densidade da semente com os demais caracteres avaliados apresentaram ampla variação quanto à magnitude e o tipo de sinal (+ ou -). Com isto, foram encontradas duas correlações negativas, sendo de -0,25 (DS e NDM) e -0,54 (DS e TO). Ressalta-se a magnitude moderada da correlação entre os caracteres DS e TO. Este resultado indica que a seleção para aumentar a densidade da semente poderá levar à redução do teor de óleo. A maioria dos caracteres foi correlacionada positivamente com a densidade da semente, sendo de 0,21 (DS e APM), 0,42 (DS e VAM), 0,38 (DS e AS), 0,50 (DS e PG), 0,50 (DS e TP), 0,54 (DS e TP/TO), 0,21 (DS e PO), 0,59 (DS e PP) e 0,49 (DS e PO+PP). A maior parte destas estimativas de correlação foi considerada moderada, com destaque para a correlação entre DS e PP (tabela 30). É interessante destacar que foi observada correlação positiva entre a densidade da semente e a produtividade de grãos, discordando dos resultados obtidos por Li e Burton (2002).

Como verificado anteriormente no Experimento Densidade, nesse experimento a densidade da semente também foi positivamente correlacionada com a produtividade de proteína e com a produtividade de óleo. Embora para este último caráter a estimativa tenha sido de magnitude baixa. O mais interessante é que a densidade da semente apresentou correlação positiva com a PO+PP (tabela 30). Estes resultados

sugerem que a seleção para aumentar a densidade da semente pode promover acréscimos no caráter PO+PP.

Diversos estudos já mostraram que a correlação entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta (WILCOX e SHIBLES, 2001; MAREGA FILHO et al., 2001). Neste experimento também foi verificado que a correlação fenotípica entre o teor de óleo e de proteína é negativa e alta ($P < 0,01$), sendo de -0,91 (tabela 30).

Um fato a ser destacado é que as correlações fenotípicas entre a produtividade de grãos e os teores de óleo e de proteína foram não significativas (tabela 30). Este resultado discorda do que foi encontrado na literatura (SEBERN e LAMBERT, 1984; PULCINELLI, 1992; MARSCHALEK, 1995; WILCOX e GUODONG, 1997; HELMS e ORF, 1998; COBER e VOLDENG, 2000; MELLO FILHO et al., 2004; MAHMOUD et al., 2006), pois nestes trabalhos a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de proteína é predominantemente negativa, e a correlação entre a produtividade de grãos e o teor de óleo é positiva. Sugere-se que o resultado contrário obtido nesse estudo pode ter sido ocasionado pelo germoplasma de soja tipo alimento estudado.

Os coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres relacionados com a produtividade de grãos (PO, PP e PO+PP) estão entre os mais altos obtidos nesse estudo. Estes caracteres foram positivamente correlacionados e de magnitude alta, sendo a menor estimativa de 0,78 ($P < 0,01$). Entretanto, isto já era esperado uma vez que se utilizou a produtividade de grãos na estimação destes caracteres. O mesmo fato aconteceu com os coeficientes de correlação fenotípica entre o caráter TP/TO e os caracteres TO e TP. Neste caso, eles foram de -0,98 (TO e TP/TO) e de 0,95 (TP e TP/TO) (tabela 30).

Como as progênies estudadas neste experimento foram selecionadas para tipo alimento e, neste caso, o aspecto da semente é um caráter muito importante, torna-se necessário verificar os coeficientes de correlação fenotípica deste caráter em relação aos demais caracteres avaliados. De maneira geral, as estimativas foram consideradas baixas, sendo que apenas duas correlações foram negativas: -0,35 (AS e NDM) e -0,34 (AS e TO). As outras correlações foram também baixas, mas positivas, sendo de 0,24 (AS e APM), 0,33 (AS e PG), 0,38 (AS e DS), 0,29 (AS e TP), 0,34 (AS e TP/TO), 0,39 (AS e PP) e 0,33 (AS e PO+PP) (tabela 30).

Estes resultados indicaram que o aspecto da semente, em geral, é correlacionado positivamente com a maioria dos caracteres. Esse é um fato de interesse, para os programas de melhoramento genético que visam desenvolver cultivares de soja tipo alimento, pois pode facilitar a seleção, na medida em que são previstos ganhos genéticos indiretos muito favoráveis quando a seleção é feita para melhorar o aspecto da semente.

2.3.2.4.4 Estatística descritiva

Os parâmetros de estatística descritiva foram utilizados para estudar a variação remanescente entre as progênies selecionadas para soja tipo alimento. Os parâmetros estimados fornecem informações que ajudam a entender os efeitos do processo de seleção seqüencial nos limites de variação dos caracteres.

Assim, para estudar a amplitude de variação dos caracteres nas progênies, foram obtidos os limites superior e inferior que incluem 95% das progênies avaliadas no Experimento Alimentos.

De acordo com os resultados apresentados na tabela 31 verifica-se que, de maneira geral, a amplitude de variação encontrada para os caracteres avaliados nas progênies ainda permaneceu alta. Dessa forma, os resultados mostram que a seleção seqüencial não levou à diminuição significativa da variabilidade genética em todos os caracteres avaliados.

Estes resultados demonstram que ainda é possível obter ganhos genéticos em todos os caracteres avaliados. Além disso, existe variabilidade genética suficiente para ser explorada em novos ciclos de seleção seqüencial para os caracteres da soja tipo alimento.

2.3.2.4.5 Comparações entre médias

As médias das progênies avaliadas nesse experimento, quanto à produtividade de grãos e, depois, quanto ao teor de proteína, foram ranqueadas para possibilitar a identificação das progênies com desempenho superior em relação a estes dois

caracteres. Com base nesse procedimento foram identificadas 13 progênies que se destacaram: 19-007-01-09, 19-007-01-03, 19-045-03-01, 19-006-04-10, 19-007-01-07, 19-111-01-05, 19-005-02-09, 19-006-04-01, 19-111-01-06, 19-005-02-06, 19-006-04-06, 19-111-01-09 e 19-006-04-05. A média de produtividade de grãos destas progênies foi de 2548 kg.ha^{-1} (tabela 32). Embora sendo considerada uma média baixa, elas foram as progênies mais produtivas de acordo com o teste de comparações múltiplas aplicado. Neste caso, é bom lembrar que o germoplasma de soja tipo alimento, geralmente, apresenta menor produtividade de grãos em comparação com o germoplasma de soja tipo grão. É interessante também destacar que estas 13 progênies tiveram média de produtividade estatisticamente igual a da cultivar BRS 257, cultivar tipo alimento recentemente liberada no mercado.

As 13 progênies com desempenho superior foram oriundas dos seguintes cruzamentos: 19-005 [(TN#4 x PI 230.970 $F_{7:4}$) x Doko] x J-75, 19-006 [(TN#4 x PI 230.970 $F_{7:4}$) x Doko] x Hakucho, 19-007 [(TN#4 x PI 230.970 $F_{7:4}$) x Doko] x Ocepar-4, 19-045 (PI 165.672 x Doko) x Hakucho e 19-111 (Majós x Doko) x Ocepar-4, sendo que os cruzamentos 19-005, 19-006 e 19-007 têm o parental [(TN#4 x PI 230.970 $F_{7:4}$) x Doko] comum às suas genealogias (tabela 10).

A média do teor de proteína dessas progênies foi de 42,2% (tabela 33). Entretanto, algumas delas apresentaram teores de proteína altos, sendo para as progênies 19-006-04-01 (43,9%), 19-006-04-05 (44,9%), 19-006-04-06 (44,9%) e 19-006-04-10 (45,2%). A média de produtividade de grãos destas progênies foi de 2533, 2397, 2479 e 2645 kg.ha^{-1} , respectivamente. É importante destacar que essas quatro progênies são oriundas do mesmo cruzamento, [(TN#4 x PI 230.970 $F_{7:4}$) x Doko] x Hakucho e, também, foram selecionadas dentro da mesma progênie $F_{6:2}$, por isto o desempenho delas é muito similar em relação a vários caracteres.

2.3.2.4.6 Teores de óleo e de proteína: observados vs. preditos

Como é sabido, quando dois caracteres são correlacionados, é possível fazer previsões a respeito dos dados de um deles, com base apenas no conhecimento dos dados do outro caráter. Isto pode ser feito por meio de uma equação de regressão

linear. Assim, a partir dos dados médios das progênes avaliadas no Experimento Inicial em relação a três caracteres (densidade da semente, teor de óleo e teor de proteína), foram obtidas duas equações de regressão linear (item 2.3.2.2.4). Uma para explicar a dependência do teor de óleo em relação à densidade da semente. E outra para explicar a dependência do teor de proteína em relação à densidade da semente. Estas duas equações foram utilizadas para prever os teores de óleo e de proteína das 100 progênes $F_{8:6}$ avaliadas no Experimento Alimentos.

Para testar a eficiência do modelo de regressão linear obtido com os dados do Experimento Inicial, foi feita a comparação dos teores observados com os teores preditos. A aplicação do teste t para testar a igualdade da média dos teores observados e preditos possibilitou verificar que tanto para os teores de óleo como para os teores de proteína não houve diferença significativa entre os teores observados e preditos (tabela 34).

Diferentemente do teste t anterior, em que foi feita a comparação da média dos teores observados e preditos, o teste t pareado ou relacionado foi realizado com o intuito de verificar se a média dos desvios entre os teores observados e preditos é igual a zero. Este teste t é aplicável quando os dois grupos de dados têm variâncias diferentes, fato este identificado tanto para os teores de óleo como para os teores de proteína. A aplicação deste teste possibilitou verificar que tanto para os teores de óleo como para os teores de proteína, a média dos desvios entre os teores observados e preditos é igual a zero (tabela 34).

Também foi verificado, com base nos coeficientes de correlação de Spearman ($P < 0,01$), que os teores de óleo observados e preditos foram correlacionados positivamente, com uma estimativa de 0,48. Esta correlação é muito semelhante àquela obtida para os teores de proteína observados e preditos ($r = 0,46$) (tabela 34).

2.3.3 Considerações finais

Embora a divergência genética para densidade da semente tenha sido baixa entre os parentais dos quatro cruzamentos estudados, mesmo assim, foi possível identificar o tipo de controle genético aditivo governando o caráter. Isto possibilita a

seleção de segregantes transgressivos já nas gerações iniciais de endogamia. Soma-se a isto, a pouca influência do ambiente na manifestação do fenótipo, o que facilita a seleção de progênies com alta ou baixa densidade da semente.

A análise detalhada dos resultados obtidos nos quatro cruzamentos sugere que a densidade da semente é associada ao teor de proteína; entretanto, suspeita-se que também possa existir um controle genético da densidade da semente que não está intimamente correlacionado com o teor de proteína. Por isso, sugere-se que novos estudos sejam realizados no sentido de detalhar melhor os mecanismos genéticos que são responsáveis pela herança comum entre a densidade da semente e o teor de proteína.

A aplicação da análise gráfica *biplo*t às médias dos caracteres PG, DS, TO e TP nos parentais e nas plantas F_2 possibilitou não apenas estudar em detalhes as relações existentes entre estes caracteres, mas também, a confirmação da divergência genética multivariada entre os parentais envolvidos nos quatro cruzamentos estudados. Como na análise gráfica *biplo*t também foi incluído o vetor correspondente à média dos dois parentais (MP), tornou-se possível fazer inferências a respeito do tipo de herança genética multivariada resultante.

Esta aplicação da análise gráfica *biplo*t abre caminho para a realização de estudos avançados sobre herança genética multivariada. A herança multivariada é obtida como uma resultante da herança genética média do genótipo em relação ao grupo de caracteres que foram avaliados. Desta forma, a interpretação sobre o tipo de herança (dominante ou aditiva) não é limitada a cada caráter estudado, mas se refere ao fenótipo como um todo.

Com base nisso, foram feitas inferências sobre a prepotência existente entre os parentais envolvidos em cada cruzamento. Esta característica do parental é identificada quando o ângulo entre o vetor de um dos parentais e o vetor da média das plantas F_2 é pequeno. Ou seja, existe correlação alta entre o fenótipo deste parental e o fenótipo médio das plantas F_2 do cruzamento. Em programas de melhoramento genético esta aplicação da análise gráfica *biplo*t possibilitaria a identificação de genótipos com *backgrounds* mais promissores, para a obtenção de populações segregantes que concentram alelos favoráveis para um grupo de caracteres, ou até na recombinação de

backgrounds superiores em ciclos de seleção recorrente. Sugere-se que novos estudos sejam feitos para avaliar o sucesso conseguido com esta nova aplicação da análise gráfica *biplot*.

A escolha do germoplasma de soja tipo alimento para a realização deste trabalho, permitiu avaliar com sucesso os efeitos da seleção para densidade da semente nos demais caracteres avaliados. De maneira geral, considerando apenas os resultados do Experimento Densidade, é possível verificar que os caracteres NDM, APM, Ac, VAM, AS, PG e PO+PP não tiveram as suas médias afetadas pela seleção para densidade da semente. Isto indica que a seleção para densidade da semente pode ser feita de maneira independente da seleção para estes caracteres. Assim, verifica-se que a seleção para densidade da semente pode se tornar um método útil no desenvolvimento de genótipos de soja produtivos e com teores de proteína altos. E, desta forma, os programas de melhoramento podem minimizar os efeitos negativos da correlação negativa entre a produtividade de grãos e o teor de proteína. Com as estimativas das respostas correlacionadas à seleção foi possível obter as médias esperadas das progênes melhoradas indiretamente. Uma comparação geral dessas médias esperadas com as médias observadas no Experimento Densidade permitiu verificar a eficiência do processo de seleção indireto.

Assim, com a evidente redução na média do teor de proteína das cultivares ao longo dos anos, o interesse crescente pelo uso do óleo de soja na produção de biodiesel e a existência de correlação negativa entre os teores de proteína e de óleo, podem incentivar o planejamento de programas de melhoramento genético de soja direcionados para o desenvolvimento de cultivares especializadas. Parte desses programas com o objetivo de desenvolver genótipos produtivos e com teores de óleo altos (acima de 23%), e a outra parte com o intuito de desenvolver genótipos produtivos e com teores de proteína altos (cerca de 45%).

Em especial, o aumento no teor de proteína interessa muito aos programas de melhoramento genético que desenvolvem cultivares de soja tipo alimento. No caso das 100 progênes $F_{8:6}$ do Experimento Alimentos, que passaram por um processo de seleção seqüencial focado em caracteres da soja tipo alimento, foram observados comportamentos muito distintos entre as progênes para todos os caracteres avaliados.

Isto indica que ainda é possível realizar novos ciclos de seleção seqüencial no sentido de identificar genótipos superiores para os caracteres da soja tipo alimento. Nesses novos ciclos de seleção seqüencial seria interessante avaliar a importância de se incluir também os caracteres NDM, APM, DS, TO, TP, TP/TO, PO, PP e PO+PP.

Por fim, a seleção indireta para aumentar os teores de proteína ou de óleo, baseada na densidade da semente, pode auxiliar os programas de melhoramento genético a não necessitarem da realização de um grande número de determinações laboratoriais. Sendo uma alternativa para contornar alguns aspectos desfavoráveis da determinação direta dos teores de proteína e de óleo pelos métodos químicos convencionais, tais como: o investimento em equipamentos sofisticados, o custo e o tempo de condução das análises, a produção de resíduos tóxicos e a necessidade de destruir a amostra analisada.

3 CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos neste trabalho, podem ser destacadas as seguintes conclusões:

- 1) existe ampla variabilidade genética para densidade da semente;
- 2) a herdabilidade no sentido amplo para a densidade da semente é baixa quando estimada na geração F_2 , mas em geração avançada de endogamia atinge valor alto;
- 3) a herança genética é aditiva e, assim, o caráter não manifesta heterose;
- 4) existe correlação moderada e positiva da densidade da semente com a produtividade de grãos e o teor de proteína e, por outro lado, a correlação entre a densidade da semente e o teor de óleo é negativa;
- 5) é possível identificar genótipos tipo alimento com médias altas de produtividade de grãos e teor de proteína;
- 6) a seleção para aumentar a densidade da semente é eficiente no melhoramento simultâneo do teor de proteína e da produtividade de grãos, permitindo a obtenção de genótipos com alta produtividade de proteína;
- 7) a seleção para reduzir a densidade da semente não promove aumentos significativos do teor de óleo.

REFERÊNCIAS

ALT, B. J.; FEHR, W. R.; WELKE, G. A. Selection for large seed and high protein in two- and three-parent soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 6, p. 1876-1881, 2002.

AOCS. **Official methods and recommended practices of the American Oil Chemistry Society**. 5.ed. Champaign: AOCS Press, 1997. 1200p.

ASORO, F. G.; SALAZAR, A. M.; CARPENA, A. L.; ALTOVEROS, N. C. Identification of donors with favorable alleles for grain yield to improve inbreds in a Philippine maize breeding program. **Philippine Agricultural Scientist**, Laguna, v. 90, n. 1, p. 54-63, 2007.

BEIGUELMAN, B. **Curso prático de bioestatística**. 5.ed. Ribeirão Preto: FUNPEC, 2006. 272p.

BONATO, E. R.; BERTAGNOLLI, P. F.; LANGE, C. E.; RUBIN, S. A. L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 12, p. 2391-2398, 2000.

BRUMM, T. J.; HURBURGH Jr., C. R. Changes in long-term soybean compositional patterns. **Journal of American Oil Chemistry Society**, Champaign, v. 83, n. 11, p. 981-983, 2006.

BURTON, J. W.; CARTER Jr., T. E.; WILSON, R. F. Registration of 'Prolina' soybean. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 1, p. 294-295, 1999.

BURTON, J. W.; PURCELL, A. E.; WALTER Jr., W. M. Methionine concentration in soybean protein from populations selected for increased percent protein. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 2, p. 430-432, 1982.

CALVO, E. S.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos. **Visão Agrícola**, Piracicaba, ano 3, n. 5, p. 50-53, 2006.

CARRÃO-PANIZZI, M. C. Saudável, consumo direto da soja cresce entre brasileiros. **Visão Agrícola**, Piracicaba, ano 3, n. 5, p. 136-139, 2006.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F.; HIROMOTO, D. M.; TAKEDA, C. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CATSIMPOOLAS, N.; EKENSTAM, C. Isolation of alpha, beta and gamma-conglycinins. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, San Diego, v. 129, n. 2, p. 490, 1969.

CHIARI, L.; PIOVESAN, N. D.; NAOE, L. K.; JOSÉ, I. C.; VIANA, J. M. S.; MOREIRA, M. A.; BARROS, E. G. Genetic parameters relating isoflavone and protein content in soybean seeds. **Euphytica**, Dordrecht, v. 138, n. 1, p. 55-60, 2004.

CHUNG, J.; BABKA, J. L.; GRAEF, G. L.; STASWICK, P. E.; LEE, D. J.; CREGAN, P. B.; SHOEMAKER, R. C.; SPECHT, J. E. The seed protein, oil and yield QTL on soybean linkage group I. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 3, p. 1053-1067, 2003.

CLARKE, E. J.; WISEMAN, J. Developments in plant breeding for improved nutritional quality of soya beans I. Protein and amino acid content. **Journal of Agricultural Science**, New York, v. 134, n. 2, p. 111-124, 2000.

COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. Developing high protein, high yield soybean populations and lines. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 1, p. 39-42, 2000.

CONAB. 2007. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos - décimo levantamento, julho 2007**. Brasília: CONAB, 2007. 27p. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/10levsafra.pdf>>. Acesso em: 30 jul. 2007.

CRUZ, C. D. **Programa GENES - aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 1997. 442p.

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

DANIELSSON, C. E. Seed globulins of the gramineae and leguminosae. **Biochemistry Journal**, London, v. 44, n. 4, p. 387-400, 1949.

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

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: LogmanGroup limited, 1996. 464p.

FARIAS NETO, J. T.; VELLO, N. A. Avaliação de progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ e estimativas de parâmetros genéticos com ênfase para porcentagem de óleo, produtividade de grãos e óleo em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 25, n. 4, p. 812-820, 2001.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development (Special Report, 80)**, Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 12p.

FEHR, W. R.; COLLINS, F. I.; WEBER, C. R. Evaluation of methods for protein and oil determination in soybean seed. **Crop Science**, Madison, v. 8, n. 1, p. 47-49, 1968.

FEHR, W. R.; WEBER, C. R. Mass selection by seed size and specific gravity in soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 8, n. 5, p. 551-554, 1968.

FERREIRA, D. F.; MUNIZ, J. A.; AQUINO, L. H. Comparações múltiplas em experimentos com grande número de tratamentos - utilização do teste de Scott-Knott. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 23, n. 3, p. 745-752, 1999.

FREITAS, E. R.; SAKOMURA, N. K.; GONZALEZ, M. M.; BARBOSA, N. A. A. Comparação de métodos de determinação da gravidade específica em ovos de poedeiras comerciais. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 5, p. 509-512, 2004.

GABRIEL, K. R. The biplot graphical display of matrices with application to principal component analysis. **Biometrika**, London, v. 58, n. 3, p. 453-467, 1971.

GABRIEL, K. R. Goodness of fit of biplots and correspondence analysis. **Biometrika**, London, v. 89, n. 2, p. 423-436, 2002.

GALIANA-BALAGUER, L.; ROSELLÓ, S.; NUEZ, F. Characterization and selection of balanced sources of variability for breeding tomato (*Lycopersicon*) internal quality. **Genetic Resources and Crop Evolution**, Dordrecht, v. 53, n. 5, p. 907-923, 2006.

GARCIA, A. F.; ALBERINI, J. L.; ZUCCHI, M. I.; SOUZA, A. P. Microsatellite molecular markers in the cultivar identification of Brazilian soybean for human consumption. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 7, n. 2, p. 155-164, 2007.

GOMES, R. L. F.; VELLO, N. A.; AZEVEDO FILHO, J. A. Genetic analysis of F_6 and $F_{6:7}$ soybean generations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 4, p. 35-42, 2004.

GOWER, J. C. The geometry of biplot scaling. **Biometrika**, London, v. 91, n. 3, p. 705-714, 2004.

HARADA, K.; TOYOKAWA, Y.; KITAMURA, K. Genetic analysis of the most acidic 11S globulin subunit and related characters in soybean seeds. **Japanese Journal of Breeding**, Tokyo, v. 33, n. 1, p. 23-30, 1983.

HARTWIG, E. E.; COLLINS, F. I. Evaluations of density classification as a selection technique in breeding soybeans for protein or oil. **Crop Science**, Madison, v. 2, p. 159-162, 1962.

HARTWIG, E. E.; KUO, T. M.; KENTY, M. M. Seed protein and its relationship to soluble sugars in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p. 770-773, 1997.

HAYASHI, M.; HARADA, K.; FUJIWARA, T.; KITAMURA, K. Characterization of a 7S globulin-deficient mutant of soybean (*Glycine max* L. Merrill). **Molecular and General Genetics**, New York, v. 258, n. 3, p. 208-214, 1998.

- HELMS, T. C.; ORF, J. H. Protein, oil, and yield of soybean lines selected for increased protein. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 3, p. 707-711, 1998.
- HEMPE, J. M.; LAUXWN, R. C.; SAVAGE, J. E. Rapid determination of egg weight and specific gravity using a computerized data collection system. **Poultry Science**, Savoy, v. 67, n. 6, p. 902-907, 1988.
- HILL, J. E.; BREIDENBACH, R. W. Proteins of soybean seeds. I. Isolation and characterization of the major components. **Plant Physiology**, Rockville, v. 53, n. 5, p. 742-746, 1974.
- HOLBROOK, C. C.; BURTON, J. W.; CARTER Jr., T. E. Evaluation of recurrent restricted index selection for increasing yield while holding seed protein constant in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 29, n. 2, p. 324-329, 1989.
- HOLT, S. **The soy revolution: the food of the next millennium**. New York: M. Evans, 1998. 214p.
- JOHNSON, R. A.; WICHERN, D. W. **Applied multivariate statistical analysis**. 5.ed. Upper Saddle River: Prentice Hall, 2002. 767p.
- KIM, S. L.; BERHOW, M. A.; KIM, J. T.; CHI, H.; LEE, S.; CHUNG, I. Evaluation of soyasaponin, isoflavone, protein, lipid, and free sugar accumulation in developing soybean seeds. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, v. 54, n. 26, p. 10003-10010, 2006.
- KITAMURA, K. Breeding trials for improving the food processing quality of soybeans. **Trends in Food Science and Technology**, Oxford, v. 4, n. 3, p. 64-67, 1993.
- KITAMURA, K. Genetic improvement of nutrition and food processing quality in soybean. **Japan Agricultural Research Quarterly**, Tsukuba, v. 29, n. 1, p. 1-8, 1995.
- KITAMURA, K.; TOYOKAWA, Y.; HARADA, K. Polymorphism of glycinin in soybean seeds. **Phytochemistry**, Oxford, v. 19, n. 8, p. 1841-1843, 1980.
- KWANYUEN, P.; PANTALONE, V. R.; BURTON, J. W.; WILSON, R. F. A new approach to genetic alteration of soybean protein composition and quality. **Journal of the American Oil Chemists Society**, Champaign, v. 74, n. 8, p. 983-987, 1997.
- LE ROUX, N. J.; GARDNER, S. Analysing your multivariate data as a pictorial: a case for applying biplot methodology? **International Statistical Review**, Voorburg, v. 73, n. 3, p. 365-387, 2005.
- LI, H. X.; BURTON, J. W. Selecting increased seed density to increase indirectly soybean seed protein concentration. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 2, p. 393-398, 2002.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MAHMOUD, A. A.; NATARAJAN, S. S.; BENNETT, J. O.; MAWHINNEY, T. P.; WIEBOLD, W. J.; KRISHNAN, H. B. Effect of six decades of selective breeding on soybean protein composition and quality: A biochemical and molecular analysis. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, v. 54, n. 11, p. 3916-3922, 2006.

MAREGA FILHO, M.; DESTRO, D.; MIRANDA, L. A.; SPINOSA, W. A.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; MONTALVÁN, R. Relationships among oil content, protein content and seed size in soybeans. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.44, n. 1, p. 23-33, 2001.

MARSCHALEK, R. **Correlações genéticas e fenotípicas entre produção de grãos, teor de proteína e teor de óleo em soja, em vários ambientes**. 1995. 103 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1995.

MARUYAMA, N.; FUKUDA, T.; SAKA, S.; INUI, N.; KOTOH, J.; MIYAGAWA, M.; HAYASHI, M.; SAWADA, M.; MORIYAMA, T.; UTSUMI, S. Molecular and structural analysis of electrophoretic variants of soybean seed storage proteins. **Phytochemistry**, Oxford, v. 64, n. 3, p. 701-708, 2003.

MEINKE, D. W.; CHEN, J.; BEACHY, R. N. Expression of storage protein genes during soybean seed development. **Planta**, New York, v. 153, n. 2, p. 130-139, 1981.

MELLO FILHO, O. L.; SEDIYAMA, C. S.; MOREIRA, M. A.; REIS, M. S.; MASSONI, G. A.; PIOVESAN, N. D. Grain yield and seed quality of soybean selected for high protein content. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 5, p. 445-450, 2004.

MORAES, R. M. A.; JOSÉ, I. C.; RAMOS, F. G.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Caracterização bioquímica de linhagens de soja com alto teor de proteína. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 5, p. 725-729, 2006.

MORRISON, M. J.; VOLDENG, H. D.; COBER, E. R. Agronomic changes from 58 years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Agronomy Journal**, Madison, v. 92, n. 4, p. 780-784, 2000.

MURPHY, P. A.; RESURRECCION, A. P. Varietal and environmental differences in soybean glycinin and beta-conglycinin content. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, v. 32, n. 4, p. 911-915, 1984.

NASS, L. L.; PEREIRA, P. A. A.; ELLIS, D. Biofuels in Brazil: an overview. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 6, p. 2228-2237, 2007.

OGAWA, T.; TAYAMA, E.; KITAMURA, K.; KAIZUMA, N. Genetic improvement of seed storage proteins using three variant alleles of 7S globulin subunits in soybean. (*Glycine max* L.). **Japanese Journal of Breeding**, Tokyo, v. 39, n. 2, p. 137-147, 1989.

PANTHEE, D. R.; PANTALONE, V. R.; WEST, D. R.; SAXTON, A. M.; SAMS, C. E. Quantitative trait loci for seed protein and oil concentration, and seed size in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 45, n. 5, p. 2015-2022, 2005.

PIMENTEL-GOMES, F. Análise conjunta de experimentos em blocos ao acaso com alguns tratamentos comuns. In: _____. **Curso de estatística experimental**. 14.ed. Piracicaba: Degaspari, 2000. cap. 17, p. 330-347.

PIMENTEL-GOMES, F.; GARCIA, C. H. **Estatística aplicada a experimentos agrônômicos e florestais**: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos. Piracicaba: FEALQ, 2002. 309p. (Biblioteca de Ciências Agrárias Luiz de Queiroz, 11)

PÍPOLO, A. E. **Influência da temperatura sobre as concentrações de proteína e óleo em sementes de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 2002. 128 p. Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2002.

PROBST, A. H.; LAVIOLETTE, F. A.; ATHOW, K. L.; WILCOX, J. R. Registration of Protana soybean. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 2, p. 312, 1971.

PULCINELLI, C. E. **Herança do teor de proteína em soja**. 1992. 67 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Lavras: UFLA, 2000. 326p.

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

ROOIJ, M.; HEISER, W. J. Graphical representations and odds ratios in a distance-association model for the analysis of cross-classified data. **Psychometrika**, New York, v. 70, n. 1, p. 99-122, 2005.

RUBIO, J.; CUBERO, J. I.; MARTÍN, L. M.; SUSO, M. J.; FLORES, F. Biplot analysis of trait relations of white lupin in Spain. **Euphytica**, Dordrecht, v. 135, n. 2, p. 217-224, 2004.

SÁ, M. E. L.; CIABOTTI, S.; BARCELOS, M. F. P. Formas de consumo da soja. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 27, n. 230, p. 47-58, 2006.

SAS INSTITUTE INC. **SAS - Statistical Analysis System user's guide: version 6.** 11.ed. Cary, 1996. 842p.

SCHIPPERS, P. A. The relationship between specific gravity and percentage of dry matter in potato tuber. **American Potato Journal**, Orono, v. 53, n. 4, p. 111-122, 1976.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analyses of variance. **Biometrics**, Fort Collins, v. 30, n. 3, p. 507-512, 1974.

SEBERN, N. A.; LAMBERT, J. W. Effect of stratification for percent protein in two soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 2, p. 225-228, 1984.

SERRETTI, C.; SCHAPAUGH Jr., W. T.; LEFFEL, R. C. Amino acid profile of high protein soybean. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 1, p. 207-209, 1994.

SILVA, L. A. S. Genetic variability of soybean seed density. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7., 2004, Foz do Iguassu. **Abstracts of Contributed Papers and Posters...** Foz do Iguassu: Embrapa, 2004. p. 114.

SILVA, L. A. S.; VELLO, N. A. Escolha de genitores baseada na análise biplot de genótipos x caracteres em soja. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 4., 2006, Londrina. **Anais...** Londrina: EMBRAPA - CNPSo, 2006. p. 135.

SIMPSON, A. M.; WILCOX, J. R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 23, n. 6, p. 1077-1081, 1983.

SMITH, R. R.; WEBER, C. R. Mass selection by specific gravity for protein and oil in soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 8, n. 3, p. 373-377, 1968.

SPEHAR, C. R. Impact of strategic genes in soybean on agricultural development in the Brazilian tropical savannahs. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 41, n. 3, p. 141-146, 1995.

STASWICK, P. E.; HERMODSON, M. A.; NIELSEN, N. C. Identification of the acidic and basic subunit complexes of glycinin. **Journal of Biological Chemistry**, Bethesda, v. 256, n. 16, p. 8752-8755, 1981.

TAJUDDIN, T.; WATANABE, S.; MASUDA, R.; HARADA, K.; KAWANO, S. Application of near infrared transmittance spectroscopy to the estimation of protein and lipid contents in single seeds of soybean recombinant inbred lines for quantitative trait loci analysis. **Journal of Near Infrared Spectroscopy**, West Sussex, v. 10, n. 4, p. 315-325, 2002.

TAKAHASHI, M.; UEMATSU, Y.; KASHIWABA, K.; YAGASAKI, K.; HAJIKA, M.; MATSUNAGA, R.; KOMATSU, K.; ISHIMOTO, M. Accumulation of high levels of free amino acids in soybean seeds through integration of mutations conferring seed protein deficiency. **Planta**, New York, v. 217, n. 4, p. 577-586, 2003.

THANH, V. H.; SHIBASAKI, K. Heterogeneity of beta-conglycinin. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, Amsterdam, v. 439, n. 2, p. 326-338, 1976.

TINIUS, C. N.; BURTON, J. W.; CARTER Jr., T. E. Recurrent selection for seed size in soybean. I. Response to selection in replicate populations. **Crop Science**, Madison, v. 31, n. 5, p. 1137-1141, 1991.

TINIUS, C. N.; BURTON, J. W.; CARTER Jr., T. E. Recurrent selection for seed size in soybean. III. Indirect effects on seed composition. **Crop Science**, Madison, v. 33, n. 5, p. 959-962, 1993.

TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; KASTER, M.; MIRANDA, L. C.; MENOSSO, O. G. Genetics and breeding. In: EMBRAPA-CNPSo, **Tropical soybean: improvement and production**. Rome: FAO, 1994. p. 19-36. (Plant Production and Protection Series, 27).

TSUTSUMI, C. Y. **Caracterização agrônômica de cruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão**. 2000. 159 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

USDA. 2007a. United States Department of Agriculture - **Foreign Agricultural Service**. Disponível em: <<http://www.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>>. Acesso em: 30 jul. 2007.

USDA. 2007b. United States Department of Agriculture - **Economic Research Service**. Disponível em: <http://www.ers.usda.gov/Briefing/SoybeansOilcrops/2007baseline.htm>>. Acesso em: 30 jul. 2007.

UTUMI, M. M.; BARROS, E. G.; OLIVEIRA, M. G. A.; SEDIYAMA, C. S.; MOREIRA, M. A. Efeito da eliminação genética de lipoxigenases e de polipeptídeos de reserva na qualidade da proteína de soja. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v. 10, p. 203-212, 1998.

VELLO, N. A.; SILVA, L. A. S. Genética busca atender ao consumo humano crescente. **Visão Agrícola**, Piracicaba, ano 3, n. 5, p. 60-62, 2006.

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

WACHSNER, S. Apresente um produto diferenciado e agregue valor. **A Lavoura**, Rio de Janeiro, set., p. 34-35, 2004.

WANG, T. L.; DOMONEY, C.; HEDLEY, C. L.; CASEY, R.; GRUSAK, M. A. Can we improve the nutritional quality of legume seeds?. **Plant Physiology**, Rockville, v. 131, n. 3, p. 886-891, 2003.

WEBER, C. R.; FEHR, W. R. Registration of Provar soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 10, p. 728, 1970.

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, v. 27, n. 5, p. 927-931, 1987.

WEIR, A. D.; OMIELAN, J.; LEE, E. A.; RAJCAN, I. Use of NMR for predicting protein concentration in soybean seeds based on oil measurements. **Journal of the American Oil Chemists Society**, Champaign, v. 82, n. 2, p. 87-92, 2005.

WESSEL-BEAVER, L.; BECK, R. H.; LAMBERT, R. J. Rapid method for measuring kernel density. **Agronomy Journal**, Madison, v.76, n. 2, p. 307-309, 1984.

WILCOX, J. R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, n. 6, p. 1536-1540, 1998.

WILCOX, J. R.; CAVINS, J. F. Backcrossing high seed protein to a soybean cultivar. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 4, p. 1036-1041, 1995.

WILCOX, J. R.; GUODONG, Z. Relationships between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, Madison, v.37, n. 2, p. 361-364, 1997.

WILCOX, J. R.; SHIBLES, R. M. Interrelationships among seed quality attributes in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 1, p. 11-14, 2001.

WILSON, R. F. Seed composition. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Eds.), **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3. ed., Madison: ASA, 2004. p. 621-677. (Agronomy Monograph, 16).

XU, H.; WILCOX, J. R. Recurrent selection for maturity and percent seed protein in *Glycine max* based on S₀ plant evaluations. **Euphytica**, Dordrecht, v. 62, n. 1, p. 51-57, 1992.

YAKLICH, R. W. Beta-conglycinin and glycinin in high-protein soybean seeds. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, Washington, v. 49, n. 2, p. 729-735, 2001.

YAN, W. K.; KANG, M. S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists**. Boca Raton: CRC Press, 2002. 271p.

YAN, W. K.; RAJCAN, I. Biplot analysis of test sites and trait relations of soybean in Ontario. **Crop Science**, Madison, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2002.

YOKOMIZO, G. K.; DUARTE, J. B.; VELLO, N. A. Correlações fenotípicas entre tamanho de grãos e outros caracteres em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2235-2241, 2000.

ANEXOS

ANEXO A - Tabelas

Tabela 1 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no experimento com os parentais e as plantas F₂ do cruzamento entre USP98-06.011.10 (P₁)[#] e Abura (P₂), realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios			
		NDM (dias)	APM (cm)	PG (g.planta ⁻¹)	DS (t.m ⁻³)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	343,04 **	2741,54 **	3361,79 **	6,447 x 10 ⁻⁴ **
P ₁ vs. P ₂	1	676,00 **	4658,06 **	5894,40 **	1,156 x 10 ⁻³ **
MP vs. F ₂	1	6,250	637,56 *	621,26 *	1,051 x 10 ⁻⁴
Repetições	7	8,042	160,56	361,82	1,234 x 10 ⁻⁴ *
Resíduo	14	6,613	143,64	237,19	3,2 x 10 ⁻⁵
Dentro de P ₁	22	6,782	32,64	616,56	1,313 x 10 ⁻⁴
Dentro de P ₂	20	36,08	566,53	880,85	1,827 x 10 ⁻⁴
Dentro de F ₂	140	31,46	590,40	1869,11	2,819 x 10 ⁻⁴
Média		147	76	85,0	1,182
CV (%)		1,7	15,7	18,1	0,5

FV	GL	Quadrados médios			
		PCS (g)	NSP	TO (%)	TP (%)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	215,56 **	38761,62 *	43,37 **	43,56 **
P ₁ vs. P ₂	1	394,02 **	1,562	84,18 **	82,81 **
MP vs. F ₂	1	27,56 **	58201,56 **	1,891	3,151 **
Repetições	7	0,4464	11655,05	1,689 **	0,8533 **
Resíduo	14	0,7979	7273,67	0,2704	0,1388
Dentro de P ₁	22	4,590	8475,71	0,5448	0,5085
Dentro de P ₂	20	4,561	35055,08	1,013	0,8071
Dentro de F ₂	140	5,731	52951,38	2,846	2,549
Média		20,2	426	19,0	40,4
CV (%)		4,4	20,0	2,7	0,9

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (g.planta ⁻¹)	PP (g.planta ⁻¹)	PO+PP (g.planta ⁻¹)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	1,332 **	262,90 **	340,37 **	1192,31 **
P ₁ vs. P ₂	1	2,528 **	486,20 **	570,02 *	2099,93 **
MP vs. F ₂	1	0,1024 **	29,98 *	82,81 *	213,16 *
Repetições	7	0,03837 **	18,96	54,29	133,48
Resíduo	14	4,812 x 10 ⁻³	9,534	37,72	83,62
Dentro de P ₁	22	7,901 x 10 ⁻³	29,65	86,46	215,37
Dentro de P ₂	20	0,04136	25,13	159,91	309,91
Dentro de F ₂	140	0,05966	78,61	281,67	648,30
Média		2,17	16,5	33,9	50,4
CV (%)		3,2	18,7	18,1	18,1

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

: P₁ = Araçatuba x Doko.

Tabela 2 - Parâmetros de estatística descritiva, coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genética (CV_G) e heterose (h) para os caracteres avaliados em 148 plantas F_2 do cruzamento entre USP98-06.011.10[#] e Abura, experimento realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Média	Amplitude		h^2_a (%)	CV_G (%)	h (%)
		Mínimo	Máximo			
NDM (dias)	147	140	160	31,9	2,2	1,4
APM (cm)	85	40	170	49,3	20,1	36,1
PG (g.planta ⁻¹)	93,2	18,9	263,7	59,9	35,9	27,6
DS (t.m ⁻³)	1,185	1,145	1,227	44,3	0,9	0,8
PCS (g)	18,4	13,2	24,4	20,2	5,8	-25,6
NSP	505	133	1285	58,9	35,0	57,7
TO (%)	19,5	15,7	23,5	72,6	7,4	7,4
TP (%)	38,8	36,3	43,8	74,2	3,5	-9,3
TP/TO	2,06	1,58	2,80	58,7	9,1	-14,4
PO (g.planta ⁻¹)	18,3	3,6	47,8	65,2	39,1	31,6
PP (g.planta ⁻¹)	36,9	7,6	100,2	56,3	34,0	24,9
PO+PP (g.planta ⁻¹)	55,2	11,2	148,0	59,5	35,6	26,7

[#] : Araçatuba x Doko.

Tabela 3 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no experimento com os parentais e as plantas F₂ do cruzamento entre USP98-06.027.03 (P₁)[#] e Biloxi (P₂), realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios			
		NDM (dias)	APM (cm)	PG (g.planta ⁻¹)	DS (t.m ⁻³)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	1,500	5848,29 **	1809,32 **	1,357 x 10 ⁻³ **
P ₁ vs. P ₂	1	2,250	10660,6 **	2978,43 **	2,704 x 10 ⁻³ **
MP vs. F ₂	1	1,000	798,06 **	1479,61 **	9,000 x 10 ⁻⁶
Repetições	7	1,946	74,36	135,02	2,817 x 10 ⁻⁵
Resíduo	14	2,071	35,48	158,43	3,347 x 10 ⁻⁵
Dentro de P ₁	24	6,452	17,74	432,53	6,831 x 10 ⁻⁵
Dentro de P ₂	21	9,544	264,16	910,78	1,540 x 10 ⁻⁴
Dentro de F ₂	134	10,89	882,36	1096,13	1,920 x 10 ⁻⁴
Média		149	73	66,4	1,194
CV (%)		1,0	8,1	19,0	0,5

FV	GL	Quadrados médios			
		PCS (g)	NSP	TO (%)	TP (%)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	7,351 **	88129,2 **	1,668 *	4,633
P ₁ vs. P ₂	1	1,156	113906,2 **	3,331	8,702
MP vs. F ₂	1	10,24 **	46656,0 *	2,500 x 10 ⁻³	0,4225
Repetições	7	0,7009	5165,66	0,5359	1,419
Resíduo	14	0,7055	6956,36	0,4065	1,462
Dentro de P ₁	24	1,593	15814,8	1,037	1,922
Dentro de P ₂	21	2,774	28381,3	0,6706	0,7049
Dentro de F ₂	134	4,143	51331,0	1,583	5,378
Média		16,8	401	18,3	40,7
CV (%)		5,0	20,8	3,5	3,0

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (g.planta ⁻¹)	PP (g.planta ⁻¹)	PO+PP (g.planta ⁻¹)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	0,07327 *	72,74 **	276,99 **	635,49 **
P ₁ vs. P ₂	1	0,1444 *	122,66 **	442,05 **	1032,02 **
MP vs. F ₂	1	1,600 x 10 ⁻³	27,22 *	185,10 *	278,22 *
Repetições	7	0,01700	4,196	26,39	49,87
Resíduo	14	0,01373	5,675	26,18	55,60
Dentro de P ₁	24	0,06736	14,80	83,66	165,37
Dentro de P ₂	21	0,01930	28,71	154,24	315,40
Dentro de F ₂	134	0,04819	41,89	178,00	388,63
Média		2,23	12,2	27,0	39,2
CV (%)		5,3	19,5	18,9	19,0

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

[#] : P₁ = IAC PL-1 x FT-2.

Tabela 4 - Parâmetros de estatística descritiva, coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genética (CV_G) e heterose (h) para os caracteres avaliados em 142 plantas F_2 do cruzamento entre USP98-06.027.03[#] e Biloxi, experimento realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Média	Amplitude		h^2_a (%)	CV_G (%)	h (%)
		Mínimo	Máximo			
NDM (dias)	149	140	155	26,6	1,1	0,0
APM (cm)	82	30	150	84,0	33,2	37,7
PG (g.planta ⁻¹)	73,5	14,1	171,9	38,7	28,0	34,1
DS (t.m ⁻³)	1,194	1,152	1,234	42,0	0,8	0,3
PCS (g)	15,7	11,4	22,1	47,3	8,9	-18,5
NSP	472	104	1339	56,9	36,2	57,9
TO (%)	18,4	15,3	21,8	46,1	4,6	1,1
TP (%)	40,9	37,0	44,2	75,6	4,9	2,0
TP/TO	2,24	1,72	2,89	10,1	3,1	1,8
PO (g.planta ⁻¹)	13,6	2,3	33,7	48,1	33,0	36,5
PP (g.planta ⁻¹)	30,0	5,5	68,5	33,2	25,6	35,3
PO+PP (g.planta ⁻¹)	43,6	7,8	102,0	38,1	27,9	35,0

[#] : IAC PL-1 x FT-2.

Tabela 5 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no experimento com os parentais e as plantas F₂ do cruzamento entre M-SOY 8001 (P₁)[#] e Abura (P₂), realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios			
		NDM (dias)	APM (cm)	PG (g.planta ⁻¹)	DS (t.m ⁻³)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	562,62 **	4649,54 **	1094,89 *	7,595 x 10 ⁻⁴ **
P ₁ vs. P ₂	1	1122,25 **	9264,06 **	60,45	1,444 x 10 ⁻³ **
MP vs. F ₂	1	2,250	27,56	1598,00 *	5,625 x 10 ⁻⁵
Repetições	7	4,661	61,33	705,73	5,304 x 10 ⁻⁵
Resíduo	14	3,482	47,11	214,61	5,660 x 10 ⁻⁵
Dentro de P ₁	21	2,401	41,19	1402,32	1,090 x 10 ⁻⁴
Dentro de P ₂	19	21,79	217,16	1043,60	1,450 x 10 ⁻⁴
Dentro de F ₂	131	57,48	370,98	1758,28	2,050 x 10 ⁻⁴
Média		139	70	82,0	1,195
CV (%)		1,3	9,7	17,9	0,6

FV	GL	Quadrados médios			
		PCS (g)	NSP	TO (%)	TP (%)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	0,1387	55445,5 *	17,45 **	16,22 **
P ₁ vs. P ₂	1	0,05062	203,06	32,78 **	29,98 **
MP vs. F ₂	1	0,1806	83232,2 *	1,626 *	1,690 *
Repetições	7	1,287	22139,0	1,071 **	0,8666 **
Resíduo	14	1,318	12703,3	0,2328	0,1859
Dentro de P ₁	21	4,006	38140,3	0,6577	0,8140
Dentro de P ₂	19	2,111	37624,0	0,9806	1,128
Dentro de F ₂	131	5,029	69478,8	2,006	2,466
Média		16,0	506	18,2	41,0
CV (%)		7,1	22,2	2,6	1,0

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (g.planta ⁻¹)	PP (g.planta ⁻¹)	PO+PP (g.planta ⁻¹)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	0,5366 **	43,32 *	200,97 *	385,78 *
P ₁ vs. P ₂	1	1,005 **	33,93	1,156	21,86
MP vs. F ₂	1	0,05176 *	40,01 *	301,89 *	562,88 *
Repetições	7	0,03324 **	29,02	111,97	251,27
Resíduo	14	7,505 x 10 ⁻³	8,660	40,54	76,02
Dentro de P ₁	21	0,01346	55,25	218,60	491,77
Dentro de P ₂	19	0,03885	31,45	186,70	369,03
Dentro de F ₂	131	0,07460	63,97	290,46	617,62
Média		2,28	15,0	33,7	48,6
CV (%)		3,8	19,6	18,9	17,9

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

: P₁ = Empaer 10 x Coker 6738.

Tabela 6 - Parâmetros de estatística descritiva, coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genética (CV_G) e heterose (h) para os caracteres avaliados em 139 plantas F_2 do cruzamento entre M-SOY 8001[#] e Abura, experimento realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Média	Amplitude		h^2_a (%)	CV_G (%)	h (%)
		Mínimo	Máximo			
NDM (dias)	140	125	160	79,0	4,8	1,4
APM (cm)	72	25	110	65,2	21,6	5,7
PG (g.planta ⁻¹)	95,6	13,3	206,2	30,4	24,2	48,3
DS (t.m ⁻³)	1,197	1,155	1,230	38,3	0,7	0,5
PCS (g)	15,9	10,7	22,3	39,2	8,8	-4,9
NSP	604	111	1322	45,5	29,4	59,8
TO (%)	17,8	14,0	21,7	59,2	6,1	-7,6
TP (%)	42,5	37,0	45,4	60,6	2,9	8,3
TP/TO	2,36	1,73	3,24	64,9	9,3	11,7
PO (g.planta ⁻¹)	17,1	2,6	39,0	32,2	26,6	39,2
PP (g.planta ⁻¹)	39,6	5,3	80,4	30,2	23,7	52,2
PO+PP (g.planta ⁻¹)	56,7	7,9	119,4	30,3	24,1	48,7

[#] : Empaer 10 x Coker 6738.

Tabela 7 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no experimento com os parentais e as plantas F₂ do cruzamento entre USP98-06.009.01 (P₁)[#] e PI 239.235 (P₂), realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios			
		NDM (dias)	APM (cm)	PG (g.planta ⁻¹)	DS (t.m ⁻³)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	459,29 **	288,87 **	4719,77 **	2,589 x 10 ⁻³ **
P ₁ vs. P ₂	1	915,06 **	495,06 **	5844,60 **	5,112 x 10 ⁻³ **
MP vs. F ₂	1	3,062	160,06 *	2696,21 **	4,556 x 10 ⁻⁵
Repetições	7	3,690	17,05	350,87	7,512 x 10 ⁻⁵
Resíduo	14	3,958	24,49	176,30	3,974 x 10 ⁻⁵
Dentro de P ₁	21	12,68	60,53	831,06	2,100 x 10 ⁻⁴
Dentro de P ₂	20	7,507	47,62	746,48	2,140 x 10 ⁻⁴
Dentro de F ₂	141	45,76	303,83	2291,02	8,250 x 10 ⁻⁴
Média		149	70	93,2	1,202
CV (%)		1,3	7,0	14,2	0,5

FV	GL	Quadrados médios			
		PCS (g)	NSP	TO (%)	TP (%)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	286,62 **	199188,8 **	66,56 **	64,99 **
P ₁ vs. P ₂	1	572,41 **	268065,1 **	132,83 **	129,96 **
MP vs. F ₂	1	0,6006	97656,2 *	0,2025	0,02250
Repetições	7	0,4950	21486,2	3,181 **	2,660 *
Resíduo	14	0,4062	10106,7	0,7311	0,7336
Dentro de P ₁	21	1,464	21423,2	1,126	1,900
Dentro de P ₂	20	1,081	91052,5	1,875	2,182
Dentro de F ₂	141	3,173	135125,7	3,985	4,233
Média		14,5	687	17,0	42,1
CV (%)		4,4	14,6	5,0	2,0

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (g.planta ⁻¹)	PP (g.planta ⁻¹)	PO+PP (g.planta ⁻¹)
Entre P ₁ , P ₂ e F ₂	2	3,094 **	304,43 **	605,17 **	1667,95 **
P ₁ vs. P ₂	1	6,113 **	523,27 **	511,89 **	2067,98 **
MP vs. F ₂	1	0,05406	63,60 **	525,56 **	951,72 **
Repetições	7	0,1405 *	19,01 *	55,58	130,67
Resíduo	14	0,04545	6,319	32,62	63,27
Dentro de P ₁	21	0,1597	39,12	126,90	301,38
Dentro de P ₂	20	0,1577	16,99	150,46	264,18
Dentro de F ₂	141	0,2768	74,54	405,38	806,99
Média		2,57	16,2	38,9	55,2
CV (%)		8,3	15,5	14,7	14,4

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

[#] : P₁ = TMV x Doko.

Tabela 8 - Parâmetros de estatística descritiva, coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), coeficiente de variação genética (CV_G) e heterose (h) para os caracteres avaliados em 149 plantas F_2 do cruzamento entre USP98-06.009.01[#] e PI 239.235, experimento realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Média	Amplitude		h^2_a (%)	CV_G (%)	h (%)
		Mínimo	Máximo			
NDM (dias)	148	135	160	77,9	4,0	-1,3
APM (cm)	73	35	135	82,2	21,6	11,6
PG (g.planta ⁻¹)	110,4	15,9	236,0	65,6	35,1	63,5
DS (t.m ⁻³)	1,199	1,165	1,246	74,3	2,1	-0,7
PCS (g)	14,2	10,6	18,6	59,9	9,7	-5,5
NSP	790	118	1775	58,4	35,6	51,2
TO (%)	17,2	12,2	22,7	62,3	9,2	2,4
TP (%)	42,1	36,6	46,8	51,8	3,5	0,0
TP/TO	2,50	1,61	3,68	42,7	13,7	-7,7
PO (g.planta ⁻¹)	18,9	2,8	42,5	62,4	36,1	55,4
PP (g.planta ⁻¹)	46,5	6,4	97,7	65,8	35,1	67,2
PO+PP (g.planta ⁻¹)	65,4	9,5	140,2	65,0	35,0	63,7

[#] : TMV x Doko.

Tabela 9 - Coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados em 148, 142, 139 e 149 plantas F₂ dos quatro cruzamentos, com os experimentos realizados na safra 2006/07, ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Caracteres		Cruzamentos			
		USP98-06.011.10	USP98-06.027.03	M-SOY 8001	USP98-06.009.01
		x Abura	x Biloxi	x Abura	x PI 239.235
NDM	APM	0,32**	0,43**	0,38**	0,26**
	PG	-0,02	0,02	0,05	0,11
	DS	0,06	-0,06	-0,08	0,20*
	PCS	0,11	-0,33**	0,17*	0,14
	NSP	-0,07	0,12	-0,01	0,07
	TO	0,03	-0,09	0,14	0,04
	TP	0,07	-0,01	-0,18*	-0,01
	TP/TO	0,01	0,07	-0,17*	-0,03
	PO	-0,01	0,01	0,06	0,14
	PP	-0,02	0,02	0,04	0,10
	PO+PP	-0,02	0,02	0,05	0,12
APM	PG	0,12	0,15	0,29**	0,13
	DS	-0,13	-0,26**	-0,20*	-0,07
	PCS	-0,08	-0,37**	-0,14	-0,01
	NSP	0,13	0,25**	0,35**	0,14
	TO	-0,07	-0,10	0,15	0,19*
	TP	0,08	-0,01	-0,16	-0,12
	TP/TO	0,08	0,05	-0,16	-0,16*
	PO	0,10	0,12	0,29**	0,17*
	PP	0,13	0,15	0,29**	0,12
PG	PO+PP	0,12	0,14	0,29**	0,14
	DS	0,04	-0,15	-0,09	0,04
	PCS	0,24**	0,11	0,21*	-0,06
	NSP	0,96**	0,95**	0,94**	0,96**
	TO	0,21*	0,21*	0,20*	-0,09
	TP	-0,20*	-0,06	-0,19*	0,08
	TP/TO	-0,22**	-0,16*	-0,21*	0,05
	PO	0,98**	0,99**	0,98**	0,97**
	PP	0,99**	0,99**	0,99**	0,99**
	PO+PP	0,99**	0,99**	0,99**	0,99**

Tabela 9 - Coeficientes de correlação fenotípica entre os caracteres avaliados em 148, 142, 139 e 149 plantas F₂ dos quatro cruzamentos, com os experimentos realizados na safra 2006/07, ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)

Caracteres		Cruzamentos			
		USP98-06.011.10	USP98-06.027.03	M-SOY 8001	USP98-06.009.01
		x Abura	x Biloxi	x Abura	x PI 239.235
DS	PCS	0,15	0,07	0,09	0,17*
	NSP	0,02	-0,16*	-0,12	0,01
	TO	-0,22**	-0,08	-0,24**	-0,24**
	TP	0,34**	0,26**	0,30**	0,25**
	TP/TO	0,27**	0,16*	0,27**	0,23**
	PO	0,01	-0,15	-0,12	-0,01
	PP	0,08	-0,14	-0,06	0,07
	PO+PP	0,05	-0,14	-0,08	0,04
PCS	NSP	-0,01	-0,17*	-0,09	-0,31**
	TO	0,09	0,03	0,13	-0,04
	TP	-0,09	0,09	-0,12	-0,03
	TP/TO	-0,10	0,01	-0,13	0,02
	PO	0,24**	0,10	0,22*	-0,06
	PP	0,24**	0,12	0,20*	-0,07
	PO+PP	0,24**	0,11	0,21*	-0,07
NSP	TO	0,21*	0,19*	0,16	-0,08
	TP	-0,18*	-0,08	-0,15	0,10
	TP/TO	-0,21*	-0,16*	-0,16	0,05
	PO	0,95**	0,94**	0,92**	0,93**
	PP	0,96**	0,95**	0,94**	0,96**
	PO+PP	0,96**	0,95**	0,94**	0,96**
TO	TP	-0,67**	-0,75**	-0,87**	-0,88**
	TP/TO	-0,95**	-0,97**	-0,98**	-0,98**
	PO	0,38**	0,34**	0,36**	0,13
	PP	0,16	0,15	0,13	-0,17*
	PO+PP	0,24**	0,21*	0,20*	-0,08
TP	TP/TO	0,84**	0,88**	0,94**	0,92**
	PO	-0,30**	-0,17*	-0,32**	-0,11
	PP	-0,12	0,01	-0,11	0,18*
	PO+PP	-0,18*	-0,05	-0,18*	0,10
TP/TO	PO	-0,38**	-0,30**	-0,35**	-0,16*
	PP	-0,16	-0,10	-0,13	0,14
	PO+PP	-0,23**	-0,16*	-0,21*	0,05
PO	PP	0,97**	0,98**	0,96**	0,94**
	PO+PP	0,99**	0,99**	0,98**	0,97**
PP	PO+PP	0,99**	0,99**	0,99**	0,99**

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 10 - Genealogias completas e número de progênes avaliadas por cruzamento (CR), nos experimentos Inicial, Densidade e Alimentos

CR	Genealogias	Nº progênes / experimento		
		Inicial	Densidade	Alimentos
19-001	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x (IAC Foscarin-31 x Forrest)	7	2	0
19-002	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x (Forrest x Primavera)	6	1	1
19-005	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x J-75	18	5	6
19-006	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x Hakucho	58	16	15
19-007	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x Ocepar-4	32	4	4
19-008	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x J-15	8	2	0
19-010	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x FT-Monsanto	20	4	3
19-011	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x Stewart	8	4	2
19-012	[(TN#4 x PI 230.970 F _{7.4}) x Doko] x J-76	31	1	11
19-016	(PI 80.441 x Doko) x Tamba	2	3	0
19-018	(PI 80.441 x Doko) x J-75	26	2	3
19-019	(PI 80.441 x Doko) x Hakucho	3	1	0
19-020	(PI 80.441 x Doko) x Ocepar-4	12	1	0
19-024	(PI 80.441 x Doko) x Stewart	18	1	4
19-026	(PI 80.441 x Doko) x Hartwig	1	1	0
19-031	(TMV x Doko) x J-75	7	1	3
19-032	(TMV x Doko) x Hakucho	5	1	2
19-035	(TMV x Doko) x Pérola	16	4	2
19-036	(TMV x Doko) x FT-Monsanto	7	1	1
19-044	(PI 165.672 x Doko) x J-75	13	7	2
19-045	(PI 165.672 x Doko) x Hakucho	31	3	6
19-046	(PI 165.672 x Doko) x Ocepar-4	11	2	0
19-048	(PI 165.672 x Doko) x Pérola	27	4	7
19-049	(PI 165.672 x Doko) x FT-Monsanto	7	10	2
19-052	(PI 165.672 x Doko) x Hartwig	20	1	2
19-053	(IAC PL-1 x FT-2) x (IAC Foscarin-31 x Forrest)	6	5	1
19-057	(IAC PL-1 x FT-2) x J-75	13	2	3
19-058	(IAC PL-1 x FT-2) x Hakucho	1	1	0
19-059	(IAC PL-1 x FT-2) x Ocepar-4	30	1	5
19-062	(IAC PL-1 x FT-2) x FT-Monsanto	12	4	1
19-065	(IAC PL-1 x FT-2) x Hartwig	4	3	1
19-066	(PI 229.320 x Doko) x (IAC Foscarin-31 x Forrest)	2	1	0
19-084	(PI 229.320 x Doko) x Hakucho	7	1	0
19-088	(PI 229.320 x Doko) x FT-Monsanto	10	2	4
19-101	(PI 229.320 x Doko) x FT-Monsanto	10	1	0
19-108	(Majós x Doko) x Kaoshiung-1	6	5	3
19-110	(Majós x Doko) x Hakucho	10	16	2
19-111	(Majós x Doko) x Ocepar-4	15	0	4
Total		520	100	100

Tabela 11 - Resumo das análises de variância para verificar o efeito de conjuntos dentro das repetições, para os caracteres avaliados no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios					
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAF ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Testemunhas (T)	3	5630,16 **	7147,08 **	0,6691 **	1,803 **	2,055 **	0,1371 **
Conjuntos (C)	19	22,00	72,50	0,03975	0,04224	0,04717	0,02835
T x C	57	15,57	94,45	0,04587	0,03755	0,02513	0,02198
Repetições	1	345,16 **	5,625	0,1037	0,05738	0,04251	0,1960 **
Resíduo	79	14,78	93,92	0,03432	0,04225	0,03419	0,02068
Média		136	67	1,5	4,0	3,5	3,0
CV (%)		2,8	14,5	13,0	9,7	9,1	7,8

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Testemunhas (T)	3	3914868,3 **	1121,28 **	0,02274 **	47,27 **	52,85 **
Conjuntos (C)	19	241583,6	3,034	1,885 x 10 ⁻⁴	0,4724	1,138
T x C	57	189975,9	1,883	1,164 x 10 ⁻⁴	0,5734	1,119
Repetições	1	28863,8	173,06 **	4,644 x 10 ⁻³ **	6,931 **	11,94 **
Resíduo	79	265180,9	3,384	3,217 x 10 ⁻⁴	0,8831	1,363
Média		1450	17,5	1,194	17,8	41,3
CV (%)		35,5	10,5	1,5	5,3	2,8

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Testemunhas (T)	3	1,920 **	99063,7 **	790335,9 **	1391127,0 **
Conjuntos (C)	19	0,01476	8121,21	39351,5	82708,9
T x C	57	0,01791	6176,98	33309,4	67501,6
Repetições	1	0,2481 **	84,10	12337,7	14516,1
Resíduo	79	0,03137	8554,62	45827,7	92801,0
Média		2,34	256	601	857
CV (%)		7,6	36,1	35,6	35,5

** : Significativo no nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

^t : Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 12 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, ESALQ, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios					
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAF ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Genótipos	523	152,13 **	707,74 **	0,1702 **	0,1342 **	0,1388 **	0,1159 **
Progênies (P)	519	147,35 **	684,07 **	0,1703 **	0,1338 **	0,1297 **	0,1163 **
Testemunhas (T)	3	5630,16 **	7147,08 **	0,6691 **	1,8026 **	2,0551 **	0,1371 **
P vs. T	1	66,92	8123,28 **	3,4820 **	0,1532	1,6898 **	0,5994 **
Repetições	1	295,02 **	225,33	0,2477 *	0,8757 **	0,4018 **	0,2972 **
Conjuntos/Repetições	38	25,92 **	168,37 **	0,09121 **	0,06744 *	0,03809	0,03786 **
Resíduo	637	14,42	81,14	0,04885	0,04382	0,03138	0,01927
Média		136	73	2,0	4,0	3,5	3,0
CV (%)		2,8	12,3	14,2	10,1	9,2	7,3
h ² _a (%)		90,2	88,1	71,3	67,2	75,8	83,4

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Genótipos	523	695927,5 **	38,59 **	4,863 x 10 ⁻⁴ **	2,975 **	3,789 **
Progênies (P)	519	663181,1 **	33,96 **	4,319 x 10 ⁻⁴ **	2,939 **	3,706 **
Testemunhas (T)	3	3914868,3 **	1121,28 **	0,02274 **	47,27 **	52,85 **
P vs. T	1	17384468,8 **	1331,26 **	0,01612 **	27,54 **	21,36 **
Repetições	1	6902653,5 **	534,27 **	0,1241 **	160,89 **	145,12 **
Conjuntos/Repetições	38	629980,4 **	11,29 **	9,868 x 10 ⁻⁴ **	1,970 **	2,385 **
Resíduo	637	285691,5	2,479	1,716 x 10 ⁻⁴	0,6305	1,136
Média		1757	20,2	1,185	18,1	41,0
CV (%)		30,4	7,8	1,1	4,4	2,6
h ² _a (%)		56,9	92,7	60,3	78,5	69,3

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Genótipos	523	0,1250 **	23236,7 **	120867,5 **	243679,9 **
Progênies (P)	519	0,1234 **	22090,5 **	115647,4 **	232334,9 **
Testemunhas (T)	3	1,920 **	99063,7 **	790335,9 **	1391127,0 **
P vs. T	1	0,7850 **	703836,0 **	2655600,8 **	6092764,6 **
Repetições	1	5,054 **	72400,9 **	1617148,9 **	2373986,6 **
Conjuntos/Repetições	38	0,06029 **	22452,5 **	105832,6 **	222758,4 **
Resíduo	637	0,01904	9754,5	48244,1	100156,3
Média		2,28	318	721	1039
CV (%)		6,1	31,1	30,5	30,5

h^2_a (%)	84,6	55,8	58,3	56,9
-------------	------	------	------	------

* , ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t : Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 13 - Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e de correlação genética (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, ESALQ, Piracicaba - SP

	NDM	APM	Ac	VAF	VAM	AS	PG	PCS	DS	TO	TP	TP/TO	PO	PP	PO+PP
NDM		0,18 **	-0,06	0,27 **	0,07	-0,15 **	0,07	0,10 *	0,14 **	-0,11 *	0,14 **	0,12 **	0,05	0,09 *	0,08
APM	0,20 **		0,38 **	0,15 **	0,42 **	-0,04	0,17 **	-0,31 **	-0,06	0,03	-0,05	-0,03	0,19 **	0,16 **	0,17 **
Ac	-0,08	0,47 **		-0,25 **	-0,09 *	-0,12 **	0,03	-0,17 **	-0,29 **	0,17 **	-0,15 **	-0,16 **	0,06	0,01	0,03
VAF	0,35 **	0,14 **	-0,28 **		0,55 **	0,33 **	0,37 **	0,03	0,20 **	-0,19 **	0,16 **	0,20 **	0,32 **	0,38 **	0,37 **
VAM	0,10 *	0,46 **	-0,01	0,67 **		0,21 **	0,35 **	-0,25 **	0,10 *	-0,20 **	0,14 **	0,21 **	0,30 **	0,37 **	0,35 **
AS	-0,18 **	-0,05	-0,14 **	0,42 **	0,25 **		0,22 **	0,23 **	0,06	-0,13 **	0,12 **	0,15 **	0,19 **	0,23 **	0,22 **
PG	0,11 *	0,20 **	0,12 *	0,55 **	0,46 **	0,30 **		-0,03	0,03	-0,12 **	0,11 *	0,14 **	0,97 **	0,99 **	0,99 **
PCS	0,09 *	-0,35 **	-0,24 **	0,03	-0,30 **	0,25 **	-0,07		0,19 **	-0,13 **	0,17 **	0,14 **	-0,07	-0,01	-0,03
DS	0,16 **	-0,08	-0,32 **	0,25 **	0,13 **	0,09	0,05	0,23 **		-0,61 **	0,56 **	0,58 **	-0,11 *	0,09 *	0,03
TO	-0,14 **	0,05	0,24 **	-0,28 **	-0,25 **	-0,14 **	-0,22 **	-0,13 **	-0,68 **		-0,82 **	-0,97 **	0,12 **	-0,22 **	-0,12 **
TP	0,18 **	-0,06	-0,22 **	0,26 **	0,20 **	0,15 **	0,20 **	0,20 **	0,62 **	-0,96 **		0,90 **	-0,09 *	0,22 **	0,13 **
TP/TO	0,15 **	-0,04	-0,22 **	0,28 **	0,26 **	0,16 **	0,22 **	0,14 **	0,65 **	-0,99 **	0,97 **		-0,10 *	0,25 **	0,14 **
PO	0,07	0,22 **	0,19 **	0,47 **	0,38 **	0,26 **	0,95 **	-0,11 *	-0,15 **	0,09	-0,10 *	-0,08		0,94 **	0,97 **
PP	0,13 **	0,18 **	0,09	0,57 **	0,47 **	0,31 **	0,99 **	-0,04	0,11 *	-0,34 **	0,33 **	0,35 **	0,90 **		0,99 **
PO+PP	0,12 **	0,19 **	0,12 *	0,55 **	0,45 **	0,30 **	0,99 **	-0,06	0,05	-0,22 **	0,21 **	0,23 **	0,95 **	0,99 **	

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 14 - Resumo da análise de regressão linear entre a densidade da semente e os teores de óleo e de proteína, para os dados das progênies avaliadas no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios	
		TO (%)	TP (%)
Modelo linear	1	282,14 **	299,32 **
Resíduo	518	0,9169	1,2938
r		-0,61 ##	0,56 ##
R ²		0,37	0,31

Variáveis	GL	Parâmetros do modelo	
		TO (%)	TP (%)
Intercepto	1	77,872 ##	-19,896 ##
DS (t.m ⁻³)	1	-50,403 ##	51,377 ##

** : Significativo no nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

: Significativo no nível de 1% de probabilidade pelo teste t.

Tabela 15 - Teores de óleo e de proteína em função da densidade da semente, valores preditos com base na análise de regressão linear para os dados das progênies avaliadas no Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Densidade da Semente (t.m ⁻³)	Teor de Óleo (%)	Teor de Proteína (%)
1,105	22,2	36,9
1,110	21,9	37,1
1,115	21,7	37,4
1,120	21,4	37,6
1,125	21,2	37,9
1,130	20,9	38,2
1,135	20,7	38,4
1,140	20,4	38,7
1,145	20,2	38,9
1,150	19,9	39,2
1,155	19,7	39,4
1,160	19,4	39,7
1,165	19,2	40,0
1,170	18,9	40,2
1,175	18,6	40,5
1,180	18,4	40,7
1,185	18,1	41,0
1,190	17,9	41,2
1,195	17,6	41,5
1,200	17,4	41,8
1,205	17,1	42,0
1,210	16,9	42,3
1,215	16,6	42,5
1,220	16,4	42,8
1,225	16,1	43,0
1,230	15,9	43,3
1,235	15,6	43,6
1,240	15,4	43,8
1,245	15,1	44,1
1,250	14,9	44,3

Tabela 16 - Respostas correlacionadas à seleção para AUMENTAR a densidade da semente. Parâmetros genéticos estimados a partir das médias do Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Parâmetros genéticos ^a						
	M _O	M _S	ΔS	h ² _a (%)	RC	RC (%)	M _M
NDM (dias)	136	136	0	90,2	0	0,0	136
APM (cm)	74	74	0	88,1	0	0,0	74
Ac (notas)	2,0	1,5	-0,5	71,3	-0,4	-17,8	1,6
VAF (notas)	4,0	4,5	0,5	67,2	0,3	8,4	4,3
VAM (notas)	3,0	4,0	1,0	75,8	0,8	25,3	3,8
AS (notas)	3,5	3,5	0,0	83,4	0,0	0,0	3,5
PG (kg.ha ⁻¹)	1804	1981	177	56,9	101	5,6	1905
PCS (g)	20,6	21,5	0,9	92,7	0,8	4,0	21,4
TO (%)	18,2	16,5	-1,7	78,5	-1,3	-7,3	16,9
TP (%)	40,9	42,6	1,7	69,3	1,2	2,9	42,1
TP/TO	2,27	2,62	0,35	84,6	0,30	13,0	2,57
PO (kg.ha ⁻¹)	327	325	-2	55,8	-1	-0,3	326
PP (kg.ha ⁻¹)	739	847	108	58,3	63	8,5	802
PO+PP (kg.ha ⁻¹)	1067	1172	105	56,9	60	5,6	1127
DS ^b (t.m ⁻³)	1,184	1,206	0,022	60,3	0,013	1,1	1,197

^a : M_O = média original; M_S = média selecionada; ΔS = diferencial de seleção indireto; RC = resposta correlacionada; M_M = média melhorada.

^b : Para este caráter o ganho de seleção foi direto, em virtude do processo de seleção divergente.

Tabela 17 - Respostas correlacionadas à seleção para REDUZIR a densidade da semente. Parâmetros genéticos estimados a partir das médias do Experimento Inicial, realizado na safra 2005/06, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Parâmetros genéticos ^a						
	M _O	M _S	ΔS	h ² _a (%)	RC	RC (%)	M _M
NDM (dias)	136	137	1	90,2	1	0,7	137
APM (cm)	74	76	2	88,1	2	2,4	76
Ac (notas)	2,0	2,0	0,0	71,3	0,0	0,0	2,0
VAF (notas)	4,0	4,0	0,0	67,2	0,0	0,0	4,0
VAM (notas)	3,0	3,5	0,5	75,8	0,4	12,6	3,4
AS (notas)	3,5	3,5	0,0	83,4	0,0	0,0	3,5
PG (kg.ha ⁻¹)	1804	1871	67	56,9	38	2,1	1842
PCS (g)	20,6	19,4	-1,2	92,7	-1,1	-5,4	19,5
TO (%)	18,2	19,3	1,1	78,5	0,9	4,7	19,1
TP (%)	40,9	39,8	-1,1	69,3	-0,8	-1,9	40,1
TP/TO	2,27	2,07	-0,20	84,6	-0,17	-7,5	2,10
PO (kg.ha ⁻¹)	327	361	34	55,8	19	5,8	346
PP (kg.ha ⁻¹)	739	745	6	58,3	3	0,5	742
PO+PP (kg.ha ⁻¹)	1067	1106	39	56,9	22	2,1	1089
DS ^b (t.m ⁻³)	1,184	1,160	-0,024	60,3	-0,014	-1,2	1,170

^a : M_O = média original; M_S = média selecionada; ΔS = diferencial de seleção indireto; RC = resposta correlacionada; M_M = média melhorada.

^b : Para este caráter o ganho de seleção foi direto, em virtude do processo de seleção divergente.

Tabela 18 - Resumo das análises de variância para verificar o efeito de conjuntos dentro das repetições, para os caracteres avaliados no Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Testemunhas (T)	3	2232,03 **	998,70 **	0,4826 **	0,05965 **	0,4229 **
Conjuntos (C)	3	4,948	25,78	$8,785 \times 10^{-3}$	0,02790	$7,159 \times 10^{-3}$
T x C	9	7,726	50,78	0,03733	0,01159	$5,489 \times 10^{-3}$
Repetições	1	19,53	63,28	0,01051	$1,568 \times 10^{-3}$	0,01824
Resíduo	15	7,865	38,28	0,01896	$9,080 \times 10^{-3}$	0,01242
Média		134	74	1,5	4,0	3,5
CV (%)		2,1	8,3	9,6	4,4	5,5

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Testemunhas (T)	3	703359,3 **	332,38 **	$6,333 \times 10^{-3}$ **	18,02 **	22,96 **
Conjuntos (C)	3	2495,86	0,2078	$6,504 \times 10^{-5}$	0,7787 **	0,9561
T x C	9	113252,6	0,2109	$3,251 \times 10^{-5}$	0,2090	0,4303
Repetições	1	124375,8	0,3403	$5,512 \times 10^{-5}$	0,6050 *	1,088
Resíduo	15	75566,2	0,8643	$6,952 \times 10^{-5}$	0,0950	1,570
Média		2100	16,4	1,206	16,9	42,5
CV (%)		13,1	5,7	0,7	1,8	2,9

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Testemunhas (T)	3	0,8563 **	7153,37	194501,4 **	259280,9 **
Conjuntos (C)	3	0,03413 *	375,21	668,53	946,87
T x C	9	$4,895 \times 10^{-3}$	3463,12	22176,4	42725,5
Repetições	1	0,02153	2556,12	25935,0	44700,5
Resíduo	15	$9,008 \times 10^{-3}$	2441,59	15024,7	29151,5
Média		2,54	352	897	1249
CV (%)		3,7	14,0	13,7	13,7

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t: Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 19 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Genótipos	103	251,59 **	311,98 **	0,1111 **	0,05741 **	0,07709 **
Progênes (P)	99	187,78 **	304,10 **	0,1039 **	0,05490 **	0,06256 **
Testemunhas (T)	3	2232,0 **	998,70 **	0,4826 **	0,05965 **	0,4229 **
P vs. T	1	1477,6 **	215,31	0,08325	0,3806 **	0,6155 **
Repetições	1	0,1078	269,40 *	0,02677	0,01748	0,06113
Conjuntos/Repetições	6	4,970	47,16	0,02422	0,03355	0,02986
Resíduo	121	10,06	50,47	0,03458	0,01922	0,01915
Média		141	77	2,0	4,0	3,0
CV (%)		2,2	9,2	12,5	6,7	7,2
h ² _a (%)		94,6	83,4	66,7	65,0	69,4

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Genótipos	103	548916,5 **	26,59 **	7,609 x 10 ⁻⁴ **	7,895 **	9,259 **
Progênes (P)	99	546455,6 **	17,14 **	6,119 x 10 ⁻⁴ **	8,321 **	9,750 **
Testemunhas (T)	3	703359,3 **	332,38 **	6,333 x 10 ⁻³ **	18,02 **	22,96 **
P vs. T	1	1997817,0 *	131,66 **	3,178 x 10 ⁻³ **	25,54 **	38,42 **
Repetições	1	12369,1	3,88 x 10 ⁻⁴	1,720 x 10 ⁻⁶	0,04694	7,140
Conjuntos/Repetições	6	12794,2	0,4292	1,179 x 10 ⁻⁴	0,6409 **	1,071
Resíduo	121	129218,4	0,6565	9,695 x 10 ⁻⁵	0,1335	2,511
Média		1868	18,2	1,197	17,7	41,5
CV (%)		19,2	4,4	0,8	2,1	3,8
h ² _a (%)		76,4	96,2	84,2	98,4	74,2

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Genótipos	103	0,3414 **	17969,3 **	105005,7 **	194448,9 **
Progênes (P)	99	0,3646 **	18287,8 **	103949,7 **	193158,2 **
Testemunhas (T)	3	0,8563 **	7153,4	194501,4 **	259280,9 **
P vs. T	1	0,8646 *	19398,0	531738,0 **	755159,4 **
Repetições	1	0,03212	665,7	6032,3	10570,5
Conjuntos/Repetições	6	0,03204 *	799,8	2188,0	4993,8
Resíduo	121	0,01352	4193,9	22162,5	44996,4
Média		2,39	329	777	1106
CV (%)		4,9	19,7	19,1	19,2
h ² _a (%)		96,3	77,1	78,7	76,7

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t: Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 20 - Desdobramentos das análises de variância em progênies com alta densidade da semente (ADS) e progênies com baixa densidade da semente (BDS), para os caracteres avaliados no Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Progênies (P)	99	187,78 **	304,10 **	0,1039 **	0,05490 **	0,06256 **
P com ADS	49	135,84 **	377,17 **	0,1385 **	0,05724 **	0,06677 **
P com BDS	49	242,33 **	236,51 **	0,07136 *	0,05367 **	0,05676 **
ADS vs. BDS	1	60,50	36,12	$3,92 \times 10^{-4}$	$2,205 \times 10^{-4}$	0,1401
Média ADS		141	78	2,0	3,5	3,0
Média BDS		142	77	2,0	3,5	3,0

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Progênies (P)	99	546455,6 **	17,14 **	$6,119 \times 10^{-4}$ **	8,321 **	9,750 **
P com ADS	49	696128,8 **	17,26 **	$3,285 \times 10^{-4}$ **	7,194 **	9,335 **
P com BDS	49	404601,8 **	15,55 **	$3,866 \times 10^{-4}$ **	2,809 **	3,273 *
ADS vs. BDS	1	163306,1	88,98 **	0,02554 **	333,59 **	347,42 **
Média ADS		1860	19,2	1,207	16,6	42,6
Média BDS		1802	17,9	1,184	19,2	40,0

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênies (P)	99	0,3646 **	18287,8 **	103949,7 **	193158,2 **
P com ADS	49	0,3869 **	18476,7 **	139229,3 **	245332,6 **
P com BDS	49	0,07151 **	16817,4 **	64968,9 **	143657,2 **
ADS vs. BDS	1	13,63 **	81083,6 **	285314,6 *	62163,4
Média ADS		2,62	305	796	1101
Média BDS		2,10	346	720	1066

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t: Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 21 - Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e de correlação genética (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados nas progênies com alta densidade da semente (ADS) do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

	NDM	APM	Ac	VAM	AS	PG	PCS	DS	TO	TP	TP/TO	PO	PP	PO+PP
NDM		0,07	-0,31 *	0,12	-0,28 *	-0,52 **	0,01	-0,60 **	-0,03	0,05	0,07	-0,53 **	-0,49 **	-0,52 **
APM	0,06		0,61 **	0,12	0,16	0,44 **	0,09	-0,07	-0,09	0,15	0,13	0,44 **	0,42 **	0,44 **
Ac	-0,34 *	0,73 **		-0,20	0,35 *	0,42 **	0,26	0,16	-0,16	0,14	0,17	0,39 **	0,41 **	0,42 **
VAM	0,13	0,04	-0,26		0,05	0,36 *	-0,24	0,21	-0,23	0,21	0,24	0,30 *	0,36 *	0,35 *
AS	-0,37 *	0,11	0,42 **	-0,12		0,38 **	0,39 **	0,37 **	-0,25	0,32 *	0,28 *	0,27	0,42 **	0,39 **
PG	-0,59 **	0,42 **	0,52 **	0,38 **	0,46 **		0,05	0,54 **	-0,27	0,29 *	0,28 *	0,93 **	0,99 **	0,99 **
PCS	-0,01	0,09	0,30 *	-0,30 *	0,48 **	0,04		-0,07	0,04	0,09	0,01	0,05	0,07	0,07
DS	-0,66 **	-0,09	0,19	0,26	0,45 **	0,61 **	-0,11		-0,47 **	0,46 **	0,47 **	0,36 **	0,58 **	0,54 **
TO	-0,04	-0,10	-0,19	-0,27	-0,30 *	-0,32 *	0,04	-0,55 **		-0,86 **	-0,98 **	0,10	-0,39 **	-0,27
TP	0,08	0,23	0,20	0,34 *	0,40 **	0,45 **	0,12	0,53 **	-0,99 **		0,93 **	-0,03	0,42 **	0,31 *
TP/TO	0,08	0,15	0,21	0,31 *	0,33 *	0,35 **	0,01	0,56 **	-0,99 **	0,99 **		-0,08	0,41 **	0,28 *
PO	-0,62 **	0,42 **	0,47 **	0,31 *	0,31 *	0,91 **	0,04	0,48 **	0,09	0,03	-0,06		0,86 **	0,92 **
PP	-0,55 **	0,40 **	0,51 **	0,39 **	0,49 **	0,99 **	0,05	0,63 **	-0,44 **	0,57 **	0,47 **	0,84 **		0,99 **
PO+PP	-0,59 **	0,42 **	0,51 **	0,38 **	0,46 **	0,99 **	0,05	0,60 **	-0,31 *	0,44 **	0,34 *	0,91 **	0,99 **	

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 22 - Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e de correlação genética (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados nas progênies com baixa densidade da semente (BDS) do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

	NDM	APM	Ac	VAM	AS	PG	PCS	DS	TO	TP	TP/TO	PO	PP	PO+PP
NDM		0,12	-0,02	0,01	-0,22	-0,57 **	0,10	-0,62 **	-0,22	0,20	0,22	-0,59 **	-0,54 **	-0,57 **
APM	0,19		0,41 **	0,26	0,20	0,16	-0,19	0,20	-0,20	0,10	0,19	0,10	0,17	0,15
Ac	0,06	0,39 **		0,08	0,06	0,36 **	0,16	0,14	-0,23	0,10	0,20	0,29 *	0,37 **	0,35 *
VAM	0,07	0,18	0,17		-0,06	0,06	-0,23	0,03	-0,04	-0,25	-0,04	0,06	0,02	0,04
AS	-0,30 *	0,29	0,05	-0,18		0,33 *	0,17	0,29 *	0,01	0,14	0,06	0,32 *	0,36 *	0,35 *
PG	-0,70 **	0,06	0,43 **	-0,17	0,40 **		0,07	0,53 **	0,08	-0,09	-0,08	0,97 **	0,99 **	0,99 **
PCS	0,10	-0,24	0,27	-0,37 **	0,17	0,02		-0,19	-0,11	0,27	0,16	0,04	0,10	0,08
DS	-0,67 **	0,25	0,18	0,06	0,35 **	0,62 **	-0,24		-0,11	0,06	0,11	0,48 **	0,54 **	0,53 **
TO	-0,25	-0,22	-0,28	-0,09	-0,02	0,13	-0,11	-0,15		-0,70 **	-0,97 **	0,31 *	-0,02	0,09
TP	0,52 **	0,24	0,40 **	-0,82 **	0,41 **	-0,12	0,59 **	0,08	-0,99 **		0,85 **	-0,26	0,04	-0,06
TP/TO	0,26	0,22	0,31 *	-0,04	0,09	-0,09	0,16	0,16	-0,99 **	0,99 **		-0,31 *	0,04	-0,08
PO	-0,72 **	-0,01	0,31 *	-0,17	0,36 **	0,96 **	-0,01	0,55 **	0,40 **	-0,57 **	-0,37 **		0,94 **	0,97 **
PP	-0,66 **	0,09	0,46 **	-0,24	0,43 **	0,99 **	0,07	0,62 **	0,01	-0,01	0,02	0,92 **		0,99 **
PO+PP	-0,69 **	0,05	0,42 **	-0,22	0,41 **	0,99 **	0,04	0,58 **	0,14	-0,20	-0,11	0,96 **	0,99 **	

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 23 - Amplitudes de variação representadas pelos limites superior e inferior que incluem 95% das progênes selecionadas para alta densidade da semente (ADS) e para baixa densidade da semente (BDS) do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Limites para o teste $t^{\#}$			
	ADS		BDS	
	Superior	Inferior	Superior	Inferior
NDM (dias)	157	125	164	120
APM (cm)	107	49	101	53
Ac (notas)	4,0	0,0	3,5	0,5
VAM (notas)	5,0	2,0	5,0	2,0
AS (notas)	4,5	1,5	4,5	1,5
PG (kg.ha ⁻¹)	3116	604	2821	783
PCS (g)	25,1	13,3	23,4	12,4
DS (t.m ⁻³)	1,236	1,178	1,215	1,153
TO (%)	20,3	12,9	21,6	16,8
TP (%)	47,5	37,7	43,3	36,7
TP/TO	3,50	1,74	2,49	1,71
PO (kg.ha ⁻¹)	511	99	550	142
PP (kg.ha ⁻¹)	1353	239	1128	312
PO+PP (kg.ha ⁻¹)	1846	356	1670	462

[#] : O valor de t no nível de 95% de probabilidade e com infinitos graus de liberdade é igual a 1,96.

Tabela 24 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes com alta densidade da semente (ADS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-001-01-01	135 f	110 b	3,0 b	4,0 c	3,5 d	2554 a	17,8 e
19-001-01-02	138 e	128 a	3,0 b	3,5 d	3,5 d	2598 a	17,5 e
19-002-01-06	133 f	95 c	3,5 a	3,5 d	3,0 e	2732 a	17,7 e
19-005-01-04	148 c	98 c	2,5 c	3,0 e	3,0 e	1731 b	26,4 a
19-005-01-05	145 d	98 c	3,0 b	3,0 e	4,0 c	1296 b	26,2 a
19-005-01-07	133 f	75 d	3,5 a	3,0 e	4,0 c	2137 a	26,2 a
19-005-01-08	138 e	75 d	2,5 c	3,0 e	4,0 c	1389 b	25,5 a
19-006-01-05	140 e	80 c	1,0 f	4,0 c	3,0 e	2327 a	19,3 d
19-006-03-01	150 c	65 e	1,0 f	5,0 a	3,0 e	1775 b	18,8 e
19-006-03-02	143 d	80 c	3,0 b	3,5 d	3,0 e	2222 a	21,1 c
19-006-03-03	145 d	83 c	2,5 c	3,0 e	4,5 b	2023 a	19,7 d
19-006-04-01	135 f	73 d	2,5 c	3,5 d	5,0 a	2234 a	19,9 d
19-006-04-04	130 g	75 d	2,5 c	4,0 c	4,5 b	3001 a	21,5 c
19-006-04-05	130 g	85 c	1,5 e	4,5 b	3,5 d	2608 a	21,0 c
19-006-04-07	140 e	90 c	2,0 d	4,5 b	3,5 d	2358 a	19,6 d
19-006-04-09	135 f	80 c	2,0 d	3,5 d	4,5 b	2877 a	20,1 d
19-006-04-10	138 e	88 c	2,0 d	4,5 b	4,5 b	2793 a	20,3 d
19-006-05-02	150 c	80 c	1,5 e	4,0 c	3,5 d	1789 b	19,2 d
19-006-06-01	143 d	70 d	1,5 e	4,0 c	3,0 e	1651 b	18,9 e
19-006-06-03	140 e	80 c	1,0 f	5,0 a	3,0 e	1803 b	18,6 e
19-006-07-02	155 b	90 c	2,0 d	4,5 b	4,0 c	1673 b	20,5 d
19-006-07-06	155 b	93 c	2,0 d	4,0 c	2,5 f	2139 a	19,9 d
19-006-10-02	163 a	80 c	1,0 f	3,5 d	3,0 e	742 c	20,0 d
19-010-02-01	140 e	73 d	1,5 e	5,0 a	3,5 d	2025 a	18,2 e
19-010-03-04	140 e	75 d	1,0 f	4,0 c	2,0 g	1515 b	17,9 e
19-010-03-05	143 d	83 c	1,0 f	3,5 d	2,5 f	1814 b	18,5 e
19-012-01-02	140 e	83 c	2,0 d	3,5 d	4,0 c	1276 b	19,7 d
19-012-04-03	140 e	83 c	2,5 c	3,5 d	4,0 c	2283 a	17,7 e

Tabela 24 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes com alta densidade da semente (ADS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)							
Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-018-01-03	150 c	63 e	1,0 f	4,5 b	3,5 d	1539 b	22,1 c
19-018-03-04	133 f	65 e	1,5 e	3,5 d	3,5 d	2315 a	23,5 b
19-018-03-05	145 d	58 e	1,0 f	3,0 e	3,0 e	584 c	21,1 c
19-019-01-01	133 f	65 e	1,0 f	4,0 c	3,0 e	2376 a	19,9 d
19-019-01-03	133 f	63 e	1,0 f	3,5 d	3,0 e	1929 a	17,8 e
19-024-01-09	125 g	68 d	1,5 e	4,0 c	3,5 d	2088 a	12,7 f
19-026-01-01	145 d	65 e	1,0 f	3,0 e	2,5 f	812 c	13,9 f
19-035-02-04	143 d	73 d	1,0 f	3,5 d	3,0 e	1518 b	17,1 e
19-045-05-02	153 b	83 c	1,0 f	3,5 d	2,5 f	1744 b	18,7 e
19-045-06-03	128 g	85 c	3,5 a	3,0 e	2,5 f	2203 a	15,8 e
19-045-07-02	143 d	80 c	3,0 b	3,5 d	2,0 g	1293 b	17,8 e
19-052-03-01	150 c	75 d	1,0 f	5,0 a	3,0 e	1950 a	17,5 e
19-052-03-04	155 b	68 d	1,0 f	3,5 d	3,0 e	975 c	17,5 e
19-052-04-01	150 c	80 c	2,0 d	5,0 a	3,0 e	2109 a	14,8 f
19-052-04-08	140 e	63 e	1,0 f	3,5 d	3,0 e	1219 b	13,3 f
19-058-01-01	150 c	73 d	1,5 e	4,0 c	2,0 g	1268 b	16,4 e
19-059-04-01	145 d	83 c	1,5 e	5,0 a	2,5 f	2247 a	16,9 e
19-059-07-02	145 d	70 d	1,0 f	2,5 f	2,0 g	1421 b	18,8 e
19-059-07-05	145 d	58 e	1,0 f	2,0 g	2,5 f	1247 b	19,7 d
19-062-02-01	135 f	50 e	1,0 f	3,0 e	3,5 d	672 c	19,9 d
19-062-02-02	125 g	60 e	1,5 e	3,5 d	3,0 e	2418 a	20,5 d
19-084-01-07	138 e	83 c	3,0 b	3,5 d	3,0 e	1690 b	17,4 e
Testemunhas							
BRS 216	118 h	61 e	1,0 f	4,6 b	4,1 c	2261 a	11,2 g
BRS 267	131 g	78 c	1,1 f	4,4 b	4,9 a	2143 a	23,2 b
IAC 100	133 f	73 d	1,8 e	4,1 c	3,0 e	2326 a	10,6 g
IAC PL-1	158 b	88 c	2,6 c	3,8 d	2,9 e	1670 b	20,5 d

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 25 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênies com alta densidade da semente (ADS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênies							
19-001-01-01	1,204 c	17,9 b	40,1 b	2,24 f	456 a	1026 b	1482 a
19-001-01-02	1,204 c	18,2 b	41,1 b	2,26 f	473 a	1069 a	1542 a
19-002-01-06	1,201 c	18,3 b	41,5 b	2,27 f	499 a	1133 a	1632 a
19-005-01-04	1,194 c	18,8 a	39,8 b	2,11 f	325 a	685 c	1010 b
19-005-01-05	1,184 c	18,6 b	41,4 b	2,22 f	242 b	538 c	779 b
19-005-01-07	1,217 b	18,5 b	41,4 b	2,24 f	395 a	887 b	1282 a
19-005-01-08	1,200 c	18,2 b	41,6 b	2,28 f	253 b	578 c	831 b
19-006-01-05	1,212 b	17,2 c	42,3 b	2,46 e	400 a	984 b	1384 a
19-006-03-01	1,206 c	14,7 f	44,4 a	3,03 c	260 b	789 b	1049 b
19-006-03-02	1,214 b	14,6 f	45,4 a	3,11 b	325 a	1009 b	1333 a
19-006-03-03	1,213 b	13,7 g	45,4 a	3,32 b	277 b	920 b	1197 a
19-006-04-01	1,221 a	14,1 g	45,2 a	3,20 b	315 a	1010 b	1326 a
19-006-04-04	1,227 a	14,4 g	45,1 a	3,13 b	433 a	1353 a	1786 a
19-006-04-05	1,218 b	14,2 g	44,9 a	3,16 b	371 a	1172 a	1543 a
19-006-04-07	1,225 a	14,0 g	45,4 a	3,25 b	330 a	1070 a	1400 a
19-006-04-09	1,232 a	14,8 f	44,8 a	3,04 c	424 a	1290 a	1714 a
19-006-04-10	1,217 b	14,0 g	45,1 a	3,21 b	393 a	1259 a	1651 a
19-006-05-02	1,201 c	16,8 d	43,9 a	2,62 d	303 a	776 b	1080 a
19-006-06-01	1,210 b	17,7 c	43,0 a	2,43 e	291 b	718 c	1009 b
19-006-06-03	1,209 b	18,2 b	42,6 b	2,33 f	329 a	766 b	1095 a
19-006-07-02	1,216 b	12,7 h	50,1 a	3,94 a	214 b	819 b	1034 b
19-006-07-06	1,196 c	14,1 g	45,1 a	3,20 b	302 a	966 b	1267 a
19-006-10-02	1,190 c	17,0 d	40,7 b	2,39 e	126 c	303 d	429 c
19-010-02-01	1,195 c	17,0 d	40,2 b	2,36 e	344 a	813 b	1157 a
19-010-03-04	1,202 c	18,2 b	42,4 b	2,33 f	276 b	646 c	922 b
19-010-03-05	1,200 c	17,7 c	43,3 a	2,44 e	322 a	786 b	1108 a
19-012-01-02	1,209 b	16,7 d	43,5 a	2,61 d	213 b	553 c	766 b
19-012-04-03	1,190 c	17,0 d	42,5 b	2,50 e	388 a	971 b	1359 a

Tabela 25 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênies com alta densidade da semente (ADS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênies							
19-018-01-03	1,199 c	18,2 b	41,2 b	2,27 f	280 b	633 c	913 b
19-018-03-04	1,222 a	18,4 b	40,9 b	2,22 f	426 a	946 b	1372 a
19-018-03-05	1,193 c	18,8 a	40,1 b	2,14 f	110 c	233 d	343 c
19-019-01-01	1,232 a	15,8 e	42,7 b	2,71 d	375 a	1015 b	1390 a
19-019-01-03	1,213 b	16,5 d	42,7 b	2,58 d	319 a	821 b	1140 a
19-024-01-09	1,239 a	16,6 d	42,4 b	2,56 d	347 a	882 b	1229 a
19-026-01-01	1,199 c	19,2 a	39,8 b	2,07 f	156 c	322 d	478 c
19-035-02-04	1,205 c	16,8 d	42,9 a	2,56 d	255 b	651 c	906 b
19-045-05-02	1,190 c	14,9 f	43,3 a	2,91 c	258 b	753 b	1011 b
19-045-06-03	1,222 a	14,6 f	44,1 a	3,02 c	321 a	970 b	1291 a
19-045-07-02	1,212 b	14,3 g	43,8 a	3,06 c	185 c	566 c	752 b
19-052-03-01	1,204 c	14,2 g	44,9 a	3,16 b	278 b	864 b	1142 a
19-052-03-04	1,200 c	15,8 e	43,7 a	2,77 c	154 c	426 d	580 c
19-052-04-01	1,200 c	19,1 a	38,1 b	1,99 f	403 a	806 b	1209 a
19-052-04-08	1,208 b	19,0 a	39,6 b	2,08 f	232 b	482 c	714 b
19-058-01-01	1,210 b	14,2 g	42,2 b	2,98 c	180 c	538 c	718 b
19-059-04-01	1,190 c	19,7 a	40,2 b	2,04 f	443 a	903 b	1347 a
19-059-07-02	1,189 c	18,9 a	41,3 b	2,19 f	269 b	582 c	851 b
19-059-07-05	1,185 c	18,3 b	40,7 b	2,23 f	228 b	507 c	735 b
19-062-02-01	1,197 c	16,5 d	41,0 b	2,49 e	111 c	278 d	388 c
19-062-02-02	1,217 b	17,0 d	41,3 b	2,43 e	411 a	998 b	1409 a
19-084-01-07	1,199 c	14,7 f	43,2 a	2,94 c	249 b	727 c	976 b
Testemunhas							
BRS 216	1,214 b	16,4 d	43,4 a	2,65 d	370 a	980 b	1350 a
BRS 267	1,209 b	17,6 c	42,0 b	2,39 e	377 a	901 b	1278 a
IAC 100	1,234 a	15,1 f	44,3 a	2,94 c	352 a	1030 b	1381 a
IAC PL-1	1,167 c	18,5 b	40,4 b	2,18 f	310 a	677 c	987 b

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 26 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes com baixa densidade da semente (BDS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-005-02-05	140 c	70 b	2,5 a	3,5 d	3,0 e	1999 a	22,0 a
19-007-01-03	130 d	93 a	2,0 b	4,0 c	4,0 c	2445 a	20,4 b
19-007-02-01	125 e	75 b	2,0 b	3,5 d	4,0 c	2884 a	17,9 d
19-007-04-02	135 d	75 b	2,5 a	3,0 e	2,0 g	2429 a	18,6 d
19-007-05-03	133 d	90 a	2,0 b	4,0 c	4,0 c	2674 a	20,9 b
19-008-01-06	155 a	90 a	2,0 b	4,5 b	2,5 f	1937 a	17,2 e
19-008-01-07	150 b	88 a	3,0 a	5,0 a	3,0 e	1656 b	14,9 f
19-010-03-03	135 d	65 c	1,0 d	3,0 e	2,5 f	1982 a	17,7 d
19-012-02-02	118 f	65 c	1,0 d	3,5 d	3,5 d	1681 b	18,3 d
19-012-04-07	145 b	88 a	2,0 b	3,5 d	4,0 c	1788 b	19,5 c
19-016-01-02	150 b	70 b	1,5 c	4,5 b	2,0 g	1826 b	15,1 f
19-020-03-04	143 c	68 b	1,0 d	3,0 e	3,0 e	1975 a	14,8 f
19-031-01-04	145 b	70 b	1,0 d	3,0 e	3,5 d	1333 b	21,0 b
19-032-01-04	150 b	90 a	2,0 b	4,5 b	3,5 d	1484 b	16,0 e
19-036-01-02	148 b	75 b	2,5 a	4,5 b	2,5 f	2278 a	17,8 d
19-036-01-03	140 c	73 b	2,0 b	3,5 d	3,5 d	1727 b	19,0 c
19-036-02-01	158 a	88 a	1,0 d	3,5 d	2,0 g	672 b	13,4 g
19-036-02-02	160 a	90 a	1,0 d	3,5 d	2,0 g	790 b	14,0 f
19-044-03-02	133 d	73 b	2,0 b	3,5 d	3,5 d	2158 a	23,6 a
19-045-02-02	150 b	75 b	2,0 b	5,0 a	2,5 f	1148 b	19,5 c
19-045-03-03	125 e	95 a	2,0 b	4,5 b	3,5 d	2412 a	14,9 f
19-045-04-05	138 c	73 b	2,0 b	3,0 e	2,5 f	1961 a	18,4 d
19-045-04-07	140 c	83 a	2,5 a	3,0 e	2,5 f	1471 b	17,5 d
19-046-01-01	143 c	83 a	2,5 a	2,5 f	3,0 e	1446 b	18,2 d
19-046-03-02	133 d	70 b	1,0 d	4,5 b	2,5 f	1940 a	19,7 c
19-046-03-07	135 d	73 b	1,0 d	4,5 b	3,0 e	1775 b	19,7 c
19-048-01-07	138 c	80 a	2,5 a	4,0 c	3,0 e	2240 a	14,4 f
19-048-02-08	143 c	75 b	2,0 b	4,0 c	3,5 d	2062 a	15,6 e

Tabela 26 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes com baixa densidade da semente (BDS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)							
Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-049-01-01	160 a	73 b	2,0 b	4,0 c	3,5 d	1324 b	22,8 a
19-049-01-03	160 a	45 d	1,0 d	2,0 g	3,0 e	1645 b	21,0 b
19-049-01-04	155 a	63 c	1,0 d	3,5 d	2,5 f	1304 b	22,8 a
19-049-01-05	158 a	85 a	2,5 a	4,0 c	3,0 e	1827 b	21,4 b
19-052-02-01	160 a	75 b	2,0 b	4,0 c	3,0 e	1116 b	20,8 b
19-052-02-02	160 a	83 a	2,0 b	3,5 d	3,0 e	1405 b	21,3 b
19-052-02-04	158 a	83 a	2,0 b	4,0 c	3,0 e	1728 b	20,7 b
19-052-04-03	148 b	70 b	1,0 d	4,5 b	3,0 e	1540 b	13,1 g
19-052-05-01	140 c	70 b	2,5 a	3,0 e	2,5 f	1647 b	16,0 e
19-052-05-03	138 c	80 a	2,0 b	4,5 b	2,0 g	2398 a	16,0 e
19-059-02-03	155 a	90 a	1,0 d	3,5 d	3,0 e	1520 b	14,7 f
19-059-03-01	118 f	58 c	1,5 c	4,0 c	2,5 f	1587 b	17,9 d
19-065-02-01	133 d	83 a	1,5 c	4,0 c	3,5 d	2047 a	15,0 f
19-088-01-02	138 c	78 b	2,0 b	4,5 b	3,0 e	2319 a	16,5 e
19-088-01-06	138 c	75 b	1,5 c	3,5 d	4,5 b	1908 a	15,1 f
19-088-01-07	140 c	68 b	1,5 c	3,5 d	4,0 c	1640 b	14,5 f
19-088-01-08	143 c	75 b	1,0 d	4,5 b	3,5 d	1671 b	14,3 f
19-101-01-01	140 c	75 b	1,5 c	4,5 b	2,5 f	1511 b	16,4 e
19-101-01-05	130 d	75 b	2,0 b	3,5 d	2,0 g	1700 b	14,9 f
19-101-01-10	145 b	75 b	2,0 b	3,0 e	3,0 e	2125 a	20,2 b
19-108-01-01	135 d	63 c	1,5 c	3,0 e	3,0 e	1589 b	19,6 c
19-110-01-08	140 c	110 a	2,5 a	3,0 e	4,0 c	2401 a	18,9 c
Testemunhas							
BRS 216	118 f	61 c	1,0 d	4,6 b	4,1 c	2261 a	11,2 h
BRS 267	131 d	78 b	1,1 d	4,4 b	4,9 a	2143 a	23,2 a
IAC 100	133 d	73 b	1,8 b	4,1 c	3,0 e	2326 a	10,6 h
IAC PL-1	158 a	88 a	2,6 a	3,8 c	2,9 e	1670 b	20,5 b

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 27 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênies com baixa densidade da semente (BDS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênies							
19-005-02-05	1,176 d	19,1 c	40,5 a	2,12 d	382 b	809 a	1190 a
19-007-01-03	1,198 c	19,0 d	41,1 a	2,16 d	463 a	1008 a	1472 a
19-007-02-01	1,202 c	20,6 a	39,6 b	1,92 e	595 a	1145 a	1741 a
19-007-04-02	1,211 b	19,5 c	39,8 b	2,04 d	473 a	966 a	1440 a
19-007-05-03	1,197 c	18,1 e	41,7 a	2,31 c	484 a	1113 a	1597 a
19-008-01-06	1,177 d	16,1 h	40,9 a	2,53 b	313 c	797 a	1110 a
19-008-01-07	1,181 d	16,3 h	41,9 a	2,57 b	271 c	688 b	960 b
19-010-03-03	1,197 c	18,7 d	42,1 a	2,25 c	370 b	832 a	1202 a
19-012-02-02	1,185 d	18,2 e	40,8 a	2,24 c	306 c	684 b	990 b
19-012-04-07	1,198 c	16,9 g	41,5 a	2,46 c	301 c	742 b	1043 b
19-016-01-02	1,165 d	20,8 a	39,0 b	1,87 e	379 b	704 b	1084 b
19-020-03-04	1,194 c	19,7 b	38,6 b	1,95 e	390 b	770 a	1160 a
19-031-01-04	1,189 c	19,0 d	39,7 b	2,10 d	253 c	530 b	783 b
19-032-01-04	1,182 d	18,7 d	39,9 b	2,14 d	278 c	588 b	866 b
19-036-01-02	1,175 d	19,8 b	37,3 b	1,88 e	451 a	849 a	1300 a
19-036-01-03	1,177 d	19,8 b	38,9 b	1,96 e	341 c	670 b	1011 b
19-036-02-01	1,155 d	19,5 c	41,0 a	2,10 d	131 c	278 b	409 b
19-036-02-02	1,167 d	20,0 b	39,4 b	1,97 e	158 c	311 b	469 b
19-044-03-02	1,185 d	19,9 b	39,5 b	1,98 e	431 b	852 a	1283 a
19-045-02-02	1,178 d	18,6 d	40,4 a	2,17 d	212 c	468 b	680 b
19-045-03-03	1,213 b	20,9 a	37,6 b	1,79 e	505 a	905 a	1409 a
19-045-04-05	1,185 d	18,9 d	40,9 a	2,16 d	371 b	802 a	1173 a
19-045-04-07	1,193 c	19,4 c	40,0 b	2,06 d	285 c	589 b	874 b
19-046-01-01	1,187 d	21,1 a	39,5 b	1,87 e	305 c	571 b	875 b
19-046-03-02	1,179 d	19,9 b	38,9 b	1,95 e	387 b	755 b	1142 a
19-046-03-07	1,188 d	21,3 a	38,3 b	1,80 e	378 b	673 b	1051 b
19-048-01-07	1,197 c	17,5 f	41,6 a	2,38 c	392 b	931 a	1323 a
19-048-02-08	1,190 c	19,3 c	40,2 b	2,09 d	398 b	830 a	1227 a

Tabela 27 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênies com baixa densidade da semente (BDS) e nas testemunhas do Experimento Densidade, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)							
Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênies							
19-049-01-01	1,175 d	18,8 d	42,6 a	2,27 c	249 c	565 b	814 b
19-049-01-03	1,149 d	19,9 b	40,8 a	2,05 d	327 c	672 b	999 b
19-049-01-04	1,170 d	18,9 d	40,3 a	2,13 d	245 c	522 b	768 b
19-049-01-05	1,172 d	19,3 c	40,4 a	2,09 d	352 b	737 b	1090 b
19-052-02-01	1,172 d	18,3 e	41,2 a	2,26 c	204 c	463 b	667 b
19-052-02-02	1,170 d	18,6 d	39,9 b	2,14 d	263 c	564 b	827 b
19-052-02-04	1,163 d	19,3 c	39,1 b	2,03 d	333 c	674 b	1007 b
19-052-04-03	1,205 b	18,3 e	39,2 b	2,15 d	281 c	603 b	884 b
19-052-05-01	1,170 d	19,6 c	38,0 b	1,94 e	323 c	619 b	942 b
19-052-05-03	1,173 d	19,9 b	38,4 b	1,93 e	478 a	923 a	1401 a
19-059-02-03	1,179 d	18,2 e	41,2 a	2,27 c	276 c	625 b	901 b
19-059-03-01	1,174 d	20,1 b	38,9 b	1,94 e	317 c	621 b	937 b
19-065-02-01	1,204 b	20,1 b	39,6 b	1,97 e	412 b	810 a	1222 a
19-088-01-02	1,192 c	20,2 b	39,3 b	1,95 e	467 a	912 a	1380 a
19-088-01-06	1,184 d	19,9 b	39,3 b	1,98 e	379 b	749 b	1128 a
19-088-01-07	1,177 d	20,7 a	39,1 b	1,89 e	338 c	637 b	976 b
19-088-01-08	1,185 d	20,7 a	39,4 b	1,91 e	345 c	657 b	1002 b
19-101-01-01	1,184 d	19,1 c	37,8 b	1,97 e	290 c	567 b	857 b
19-101-01-05	1,208 b	18,1 e	40,9 a	2,26 c	307 c	696 b	1003 b
19-101-01-10	1,192 c	17,1 g	42,3 a	2,47 c	364 b	899 a	1262 a
19-108-01-01	1,194 c	17,6 f	41,8 a	2,38 c	279 c	664 b	943 b
19-110-01-08	1,186 d	18,7 d	40,8 a	2,18 d	451 a	977 a	1428 a
Testemunhas							
BRS 216	1,214 b	16,4 h	43,4 a	2,65 b	370 b	980 a	1350 a
BRS 267	1,209 b	17,6 f	42,0 a	2,39 c	377 b	901 a	1278 a
IAC 100	1,234 a	15,1 i	44,3 a	2,94 a	352 b	1030 a	1381 a
IAC PL-1	1,167 d	18,5 e	40,4 a	2,18 d	310 c	677 b	987 b

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 28 - Resumo das análises de variância para verificar o efeito de conjuntos dentro das repetições, para os caracteres avaliados no Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Testemunhas (T)	4	1933,75 **	1417,81 **	0,4287 **	0,08741 **	0,2722 **
Conjuntos (C)	3	3,958	42,29	0,02992 *	0,02176	0,02857
T x C	12	11,25	53,23 *	0,01924 *	0,01805	0,01471
Repetições	1	15,62	105,62 *	0,02510	0,1949 **	4,709 x 10 ⁻³
Resíduo	19	11,68	22,73	7,562 x 10 ⁻³	0,01278	0,01809
Média		135	75	1,5	4,0	3,5
CV (%)		2,5	6,4	6,2	5,2	6,6

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Testemunhas (T)	4	1689346,1 **	235,39 **	3,784 x 10 ⁻³ **	18,85 **	10,36 **
Conjuntos (C)	3	60159,1	3,378	7,503 x 10 ⁻⁵	0,2887	1,308
T x C	12	178602,5	5,621	9,023 x 10 ⁻⁵	0,1564	0,4037
Repetições	1	845355,6 **	13,22	9,312 x 10 ⁻⁴ *	0,0810	11,24 **
Resíduo	19	93021,6	4,553	1,506 x 10 ⁻⁴	0,2452	1,343
Média		2036	17,1	1,199	17,6	41,9
CV (%)		15,0	12,5	1,0	2,8	2,8

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Testemunhas (T)	4	0,6403 **	63446,9 **	308271,4 **	610057,0 **
Conjuntos (C)	3	0,02063	2119,23	8329,40	17822,0
T x C	12	6,310 x 10 ⁻³	5462,23	30936,2	61875,7
Repetições	1	0,04692	24800,4 **	201640,0 **	367297,2 **
Resíduo	19	0,01102	2717,19	17587,8	33274,4
Média		2,41	357	854	1211
CV (%)		4,4	14,6	15,5	15,1

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t: Dados transformados para $(x + 0,5)^{0,5}$.

Tabela 29 - Resumo das análises de variância para os caracteres avaliados no Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, em Piracicaba - SP

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM (dias)	APM (cm)	Ac ^t (notas)	VAM ^t (notas)	AS ^t (notas)
Genótipos	104	182,11 **	357,47 **	0,1313 **	0,06377 **	0,06635 **
Progênes (P)	99	217,44 **	325,78 **	0,1199 **	0,06077 **	0,06479 **
Testemunhas (T)	4	1933,75 **	1417,81 **	0,4287 **	0,08741 **	0,2722 **
P vs. T	1	1281,33 **	1598,52 **	0,1444	0,7296 **	0,06666
Repetições	1	60,00 *	315,10 **	5,34 x 10 ⁻⁴	0,07079 *	0,2543 **
Conjuntos/Repetições	6	60,03 **	23,42	0,03272	0,01552	0,01866
Resíduo	128	16,67	97,50	0,02799	0,01707	0,01708
Média		140	81	1,5	3,5	3,5
CV (%)		2,4	7,8	11,5	6,4	6,6
h ² _a (%)		92,3	70,1	76,7	71,9	73,6

FV	GL	Quadrados médios				
		PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)
Genótipos	104	361988,3 **	31,88 **	5,451 x 10 ⁻⁴ **	6,896 **	7,562 **
Progênes (P)	99	409676,8 **	23,18 **	4,899 x 10 ⁻⁴ **	8,190 **	8,845 **
Testemunhas (T)	4	1689346,1 **	235,39 **	3,784 x 10 ⁻³ **	18,85 **	10,36 **
P vs. T	1	1108809,6 *	165,84 **	8,568 x 10 ⁻⁴	3,967	15,62
Repetições	1	102630,7	4,401	3,553 x 10 ⁻⁴	0,9882 *	4,240
Conjuntos/Repetições	6	390470,3 **	5,464 *	5,528 x 10 ⁻⁵	0,3928	4,920 **
Resíduo	128	83139,8	1,868	1,3 x 10 ⁻⁴	0,1865	1,648
Média		1884	18,9	1,195	17,9	41,2
CV (%)		15,3	7,2	0,9	2,4	3,1
h ² _a (%)		79,7	91,9	73,5	97,7	81,4

FV	GL	Quadrados médios			
		TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Genótipos	104	0,2992 **	14776,4 **	66008,8 **	130177,1 **
Progênes (P)	99	0,3627 **	15914,8 **	74708,2 **	144359,3 **
Testemunhas (T)	4	0,6403 **	63446,9 **	308271,4 **	610057,0 **
P vs. T	1	0,1141	21395,4	267068,0 **	439913,8 *
Repetições	1	0,08288 **	1966,5	25502,8	41448,8
Conjuntos/Repetições	6	0,03628 **	9881,7 **	83775,0 **	150050,0 **
Resíduo	128	0,01063	2663,7	15783,5	30776,7
Média		2,36	336	780	1116
CV (%)		4,4	15,4	16,1	15,7
h ² _a (%)		97,1	83,3	78,9	78,7

*, **: Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^t : Dados transformados para (x + 0,5)^{0,5}.

Tabela 30 - Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e de correlação genética (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados no Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, em Piracicaba - SP

	NDM	APM	Ac	VAM	AS	PG	PCS	DS	TO	TP	TP/TO	PO	PP	PO+PP
NDM		0,11	-0,11	-0,27 **	-0,35 **	-0,58 **	0,19	-0,25 *	-0,13	0,15	0,14	-0,57 **	-0,54 **	-0,58 **
APM	0,13		0,37 **	0,48 **	0,24 *	0,28 **	-0,25 *	0,21 *	-0,12	0,08	0,13	0,22 *	0,28 **	0,28 **
Ac	-0,12	0,42 **		-0,08	-0,07	0,17	0,05	0,07	0,05	-0,09	-0,07	0,18	0,15	0,17
VAM	-0,35 **	0,59 **	-0,05		0,19	0,60 **	-0,44 **	0,42 **	-0,17	0,16	0,20 *	0,48 **	0,61 **	0,60 **
AS	-0,43 **	0,25 *	-0,13	0,28 *		0,33 **	0,09	0,38 **	-0,34 **	0,29 **	0,34 **	0,15	0,39 **	0,33 **
PG	-0,65 **	0,32 **	0,15	0,80 **	0,40 **		-0,34 **	0,50 **	-0,04	0,04	0,07	0,89 **	0,98 **	0,99 **
PCS	0,18	-0,26 *	0,07	-0,54 **	0,08	-0,37 **		-0,16	-0,32 **	0,32 **	0,29 **	-0,46 **	-0,26 **	-0,34 **
DS	-0,31 **	0,25 *	0,10	0,48 **	0,44 **	0,56 **	-0,19		-0,54 **	0,50 **	0,54 **	0,21 *	0,59 **	0,49 **
TO	-0,14	-0,11	0,07	-0,21 *	-0,39 **	-0,04	-0,34 **	-0,57 **		-0,91 **	-0,98 **	0,41 **	-0,23 *	-0,03
TP	0,19	0,07	-0,15	0,25 *	0,30 *	-0,01	0,39 **	0,54 **	-0,99 **		0,95 **	-0,36 **	0,24 *	0,05
TP/TO	0,15	0,13	-0,10	0,26 *	0,38 **	0,06	0,31 *	0,58 **	-0,99 **	0,99 **		-0,38 **	0,26 **	0,06
PO	-0,62 **	0,25 *	0,16	0,62 **	0,17	0,87 **	-0,51 **	0,25 *	0,45 **	-0,49 **	-0,42 **		0,78 **	0,89 **
PP	-0,60 **	0,32 **	0,12	0,83 **	0,46 **	0,98 **	-0,28 *	0,63 **	-0,26 **	0,20	0,27 *	0,74 **		0,98 **
PO+PP	-0,65 **	0,32 **	0,14	0,81 **	0,39 **	0,99 **	-0,37 **	0,54 **	-0,03	-0,02	0,05	0,88 **	0,97 **	

*, ** : Significativo no nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 31 - Amplitudes de variação representadas pelos limites superior e inferior que incluem 95% das progênies avaliadas no Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

Caracteres	Limites para o teste $t^{\#}$	
	Superior	Inferior
NDM (dias)	162	118
APM (cm)	106	56
Ac (notas)	3,0	0,0
VAM (notas)	5,0	2,0
AS (notas)	5,0	2,0
PG (kg.ha ⁻¹)	2854	914
PCS (g)	25,8	12,0
DS (t.m ⁻³)	1,228	1,162
TO (%)	21,8	14,0
TP (%)	45,7	36,7
TP/TO	3,20	1,52
PO (kg.ha ⁻¹)	524	148
PP (kg.ha ⁻¹)	1197	363
PO+PP (kg.ha ⁻¹)	1694	538

[#] : O valor de t no nível de 95% de probabilidade e com infinitos graus de liberdade é igual a 1,96.

Tabela 32 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-002-01-06	135 e	105 c	2,0 e	4,5 b	3,0 e	1928 b	18,1 c
19-005-01-07	138 d	73 f	3,0 c	2,5 f	3,5 d	1620 c	25,7 a
19-005-02-05	143 c	65 g	1,0 g	3,0 e	3,5 d	2067 b	22,4 b
19-005-02-06	123 f	65 g	1,5 f	4,0 c	3,5 d	2508 a	19,1 c
19-005-02-07	143 c	88 d	3,0 c	3,5 d	3,0 e	1771 c	20,3 b
19-005-02-08	140 d	65 g	1,0 g	3,5 d	3,0 e	1851 c	21,5 b
19-005-02-09	128 e	75 f	2,5 d	4,0 c	3,0 e	2557 a	20,8 b
19-006-04-01	130 e	83 e	2,0 e	4,0 c	4,5 b	2533 a	18,7 c
19-006-04-02	135 e	90 d	1,0 g	4,5 b	3,0 e	2256 b	20,0 b
19-006-04-03	133 e	80 e	1,0 g	4,0 c	4,0 c	1874 c	18,6 c
19-006-04-04	128 e	78 e	1,5 f	4,5 b	5,0 a	2290 b	21,7 b
19-006-04-05	130 e	90 d	2,5 d	4,0 c	3,5 d	2397 a	21,9 b
19-006-04-06	123 f	88 d	1,5 f	5,0 a	4,5 b	2479 a	20,1 b
19-006-04-08	133 e	83 e	1,0 g	4,0 c	5,0 a	2181 b	18,9 c
19-006-04-09	138 d	88 d	2,0 e	4,5 b	5,0 a	2313 b	20,2 b
19-006-04-10	135 e	88 d	2,0 e	4,0 c	4,5 b	2645 a	20,4 b
19-006-05-02	150 b	95 d	1,0 g	3,5 d	4,0 c	2111 b	19,2 c
19-006-05-03	155 b	103 c	2,0 e	4,0 c	3,5 d	1693 c	19,0 c
19-006-07-02	160 a	100 c	2,0 e	4,0 c	4,0 c	1600 c	19,8 b
19-006-07-03	163 a	88 d	2,5 d	3,5 d	2,5 f	1654 c	20,8 b
19-006-07-05	160 a	75 f	1,0 g	4,0 c	3,5 d	1110 d	19,7 b
19-006-07-06	160 a	95 d	1,5 f	4,0 c	4,0 c	1820 c	20,3 b
19-007-01-03	125 f	93 d	3,0 c	5,0 a	3,5 d	2866 a	19,3 c
19-007-01-06	145 c	105 c	2,5 d	4,5 b	3,0 e	2084 b	19,1 c
19-007-01-07	130 e	85 e	1,5 f	5,0 a	3,5 d	2645 a	16,5 c
19-007-01-09	133 e	85 e	1,5 f	4,5 b	4,0 c	3032 a	15,3 d
19-010-01-01	143 c	80 e	2,0 e	3,0 e	3,5 d	1547 c	16,7 c
19-010-01-02	140 d	93 d	1,5 f	3,5 d	3,5 d	1721 c	17,0 c
19-010-01-04	143 c	85 e	1,0 g	3,0 e	3,5 d	1942 b	19,4 c
19-011-01-03	143 c	130 a	3,5 b	3,5 d	3,5 d	1573 c	18,7 c
19-011-01-06	128 e	75 f	2,0 e	4,0 c	4,0 c	2347 b	15,9 d
19-012-02-01	135 e	75 f	2,0 e	4,0 c	4,0 c	1000 d	19,2 c
19-012-02-06	120 f	70 f	1,5 f	3,0 e	3,5 d	1570 c	21,5 b
19-012-03-01	120 f	80 e	1,5 f	4,5 b	4,0 c	1975 b	24,2 a
19-012-03-02	138 d	78 e	2,5 d	3,0 e	5,0 a	2065 b	26,5 a

Tabela 32 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continuação)

Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-012-03-03	133 e	80 e	2,5 d	3,0 e	4,5 b	2285 b	24,9 a
19-012-03-04	120 f	70 f	1,0 g	3,0 e	4,5 b	1809 c	23,7 b
19-012-03-07	133 e	70 f	1,5 f	3,0 e	4,5 b	2180 b	25,8 a
19-012-04-01	143 c	95 d	2,0 e	4,0 c	4,5 b	1909 c	19,4 c
19-012-04-03	140 d	83 e	1,5 f	2,5 f	5,0 a	1540 c	19,3 c
19-012-04-04	135 e	78 e	3,0 c	3,0 e	3,5 d	1851 c	17,2 c
19-012-04-08	143 c	90 d	2,0 e	3,5 d	5,0 a	1982 b	18,7 c
19-018-03-05	145 c	65 g	1,0 g	2,5 f	3,0 e	1403 c	21,2 b
19-018-03-07	138 d	70 f	1,0 g	3,5 d	3,0 e	1595 c	23,0 b
19-018-04-09	140 d	53 h	1,0 g	2,5 f	3,0 e	1199 d	26,4 a
19-024-01-02	130 e	65 g	1,5 f	4,0 c	3,0 e	2122 b	14,9 d
19-024-01-09	128 e	68 f	1,5 f	4,5 b	2,5 f	1946 b	12,9 e
19-024-02-04	135 e	65 g	1,0 g	3,5 d	3,5 d	1958 b	17,5 c
19-024-02-07	143 c	78 e	1,0 g	3,0 e	3,0 e	1535 c	18,7 c
19-031-01-04	150 b	78 e	1,5 f	3,5 d	2,5 f	1794 c	22,0 b
19-031-01-06	150 b	93 d	2,0 e	4,0 c	2,5 f	1518 c	20,9 b
19-031-01-07	155 b	95 d	2,0 e	3,5 d	3,0 e	1414 c	21,8 b
19-032-01-01	145 c	80 e	1,0 g	4,0 c	3,0 e	1626 c	15,3 d
19-032-01-04	145 c	80 e	1,0 g	4,0 c	3,0 e	1001 d	15,4 d
19-035-02-06	153 b	65 g	1,0 g	4,0 c	3,0 e	1852 c	17,7 c
19-035-03-03	143 c	58 g	1,0 g	2,5 f	3,0 e	1397 c	16,9 c
19-036-01-01	143 c	85 e	1,5 f	3,5 d	2,5 f	2123 b	18,5 c
19-044-02-02	143 c	78 e	3,5 b	2,5 f	3,0 e	1428 c	22,6 b
19-044-03-04	135 e	78 e	3,5 b	2,5 f	2,5 f	1946 b	18,6 c
19-045-03-01	128 e	100 c	3,0 c	4,5 b	4,0 c	2736 a	16,1 d
19-045-03-02	130 e	98 c	3,0 c	4,0 c	4,0 c	1869 c	14,9 d
19-045-05-01	155 b	90 d	1,5 f	4,0 c	3,0 e	1686 c	18,8 c
19-045-05-02	158 a	88 d	1,5 f	4,0 c	3,0 e	1846 c	18,8 c
19-045-05-03	160 a	90 d	1,0 g	4,0 c	3,5 d	1744 c	20,8 b
19-045-05-05	160 a	93 d	1,0 g	4,0 c	3,5 d	1778 c	20,8 b
19-048-02-07	145 c	75 f	1,5 f	3,0 e	3,0 e	1738 c	13,1 e
19-048-02-09	143 c	83 e	2,0 e	3,5 d	3,0 e	1658 c	15,5 d
19-048-03-01	130 e	80 e	2,0 e	3,5 d	3,5 d	1934 b	13,3 e
19-048-03-03	145 c	88 d	1,5 f	3,5 d	3,5 d	1516 c	16,2 d
19-048-03-04	138 d	80 e	2,5 d	3,0 e	3,0 e	1676 c	19,4 c

Tabela 32 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)

Genótipos	NDM (dias)	APM (cm)	Ac (notas)	VAM (notas)	AS (notas)	PG (kg.ha ⁻¹)	PCS (g)
Progênes							
19-048-03-05	140 d	85 e	2,5 d	3,5 d	2,5 f	1579 c	21,7 b
19-048-03-08	145 c	83 e	2,5 d	3,0 e	3,0 e	1714 c	19,4 c
19-049-01-02	158 a	85 e	1,5 f	3,0 e	3,0 e	1365 c	22,0 b
19-049-01-06	158 a	75 f	1,0 g	3,0 e	3,0 e	647 d	23,2 b
19-052-01-01	150 b	80 e	2,0 e	4,0 c	3,0 e	1847 c	22,1 b
19-052-02-04	155 b	88 d	2,5 d	3,5 d	3,0 e	1320 c	21,7 b
19-053-01-06	145 c	80 e	1,0 g	5,0 a	3,0 e	2083 b	18,7 c
19-057-01-03	145 c	78 e	1,5 f	2,5 f	3,0 e	1491 c	23,2 b
19-057-03-02	133 e	68 f	4,0 a	2,5 f	2,5 f	1795 c	21,3 b
19-057-03-04	150 b	80 e	4,0 a	3,0 e	2,5 f	1995 b	18,2 c
19-059-01-03	143 c	78 e	2,0 e	3,5 d	2,5 f	2179 b	17,8 c
19-059-02-01	150 b	70 f	1,0 g	3,0 e	3,0 e	1809 c	15,4 d
19-059-02-02	153 b	65 g	1,0 g	3,0 e	3,0 e	1418 c	15,8 d
19-059-07-04	143 c	63 g	1,0 g	3,5 d	2,5 f	1481 c	20,5 b
19-059-07-06	143 c	63 g	1,0 g	3,5 d	3,0 e	1542 c	19,1 c
19-062-03-01	155 b	83 e	1,5 f	3,5 d	3,0 e	1542 c	23,1 b
19-065-01-01	148 b	83 e	1,0 g	4,0 c	2,0 g	1706 c	16,7 c
19-088-01-03	140 d	78 e	1,0 g	3,5 d	3,0 e	1784 c	17,1 c
19-088-01-07	138 d	78 e	1,5 f	4,0 c	4,0 c	1830 c	15,9 d
19-088-01-08	140 d	73 f	1,0 g	3,5 d	3,0 e	1789 c	14,5 d
19-088-01-10	138 d	83 e	2,0 e	4,5 b	2,5 f	2100 b	15,1 d
19-108-01-02	158 a	68 f	1,0 g	2,0 g	3,5 d	659 d	27,9 a
19-108-01-03	140 d	65 g	1,0 g	3,5 d	4,0 c	1769 c	27,0 a
19-108-01-05	150 b	68 f	1,0 g	2,0 g	4,5 b	595 d	26,8 a
19-110-01-01	145 c	110 b	3,0 c	4,0 c	4,5 b	2322 b	17,4 c
19-110-01-06	143 c	115 b	2,5 d	4,5 b	4,0 c	2015 b	16,5 c
19-111-01-04	125 f	95 d	1,0 g	5,0 a	4,0 c	2294 b	12,9 e
19-111-01-05	130 e	90 d	1,0 g	4,0 c	4,0 c	2558 a	13,7 e
19-111-01-06	128 e	103 c	1,0 g	5,0 a	5,0 a	2533 a	13,4 e
19-111-01-09	130 e	90 d	1,0 g	4,0 c	4,5 b	2431 a	14,3 d
Testemunhas							
BRS 216	116 g	58 g	1,0 g	4,6 b	4,1 c	2142 b	12,5 e
BRS 257	131 e	64 g	1,1 g	4,3 c	3,0 e	2507 a	18,6 c
BRS 267	133 e	80 e	1,0 g	4,4 b	4,8 a	1912 c	23,0 b
IAC 100	134 e	83 e	2,5 d	4,5 b	3,4 d	2308 b	10,4 e
IAC PL-1	159 a	89 d	2,0 e	3,5 d	3,0 e	1313 c	20,9 b

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 33 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continua)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênes							
19-002-01-06	1,190 b	19,0 c	40,9 d	2,15 g	367 b	789 b	1156 b
19-005-01-07	1,189 b	18,9 c	41,4 d	2,19 g	306 c	670 c	976 c
19-005-02-05	1,168 c	19,7 b	39,9 d	2,03 g	407 b	825 b	1232 b
19-005-02-06	1,202 a	18,0 d	41,7 d	2,32 f	451 a	1047 a	1498 a
19-005-02-07	1,177 c	17,8 d	39,0 d	2,19 g	317 c	691 c	1008 c
19-005-02-08	1,173 c	19,8 b	39,1 d	1,97 h	367 b	723 c	1090 c
19-005-02-09	1,209 a	18,3 c	40,4 d	2,21 g	469 a	1032 a	1501 a
19-006-04-01	1,223 a	13,8 h	43,9 c	3,17 b	351 b	1110 a	1461 a
19-006-04-02	1,217 a	13,9 h	45,1 b	3,23 b	315 c	1017 a	1332 b
19-006-04-03	1,220 a	14,3 h	43,5 c	3,05 b	267 c	814 b	1081 c
19-006-04-04	1,219 a	14,3 h	45,1 b	3,16 b	327 c	1033 a	1360 b
19-006-04-05	1,202 a	14,1 h	44,9 b	3,20 b	338 c	1076 a	1414 a
19-006-04-06	1,205 a	13,9 h	44,9 b	3,24 b	345 c	1116 a	1461 a
19-006-04-08	1,212 a	14,2 h	45,1 b	3,18 b	310 c	985 a	1295 b
19-006-04-09	1,214 a	14,6 h	43,0 c	2,95 c	337 c	994 a	1331 b
19-006-04-10	1,233 a	13,6 i	45,2 b	3,31 b	361 b	1196 a	1557 a
19-006-05-02	1,210 a	17,0 e	43,0 c	2,53 e	359 b	908 b	1267 b
19-006-05-03	1,208 a	16,5 f	43,3 c	2,62 d	279 c	738 c	1016 c
19-006-07-02	1,217 a	12,9 i	47,9 a	3,70 a	207 d	770 b	977 c
19-006-07-03	1,210 a	14,2 h	45,1 b	3,19 b	234 d	747 c	981 c
19-006-07-05	1,205 a	13,4 i	47,4 a	3,54 a	149 e	523 c	672 d
19-006-07-06	1,212 a	14,0 h	44,2 c	3,16 b	254 c	805 b	1059 c
19-007-01-03	1,190 b	18,7 c	40,5 d	2,17 g	536 a	1162 a	1698 a
19-007-01-06	1,178 c	19,4 b	39,8 d	2,05 g	406 b	829 b	1235 b
19-007-01-07	1,212 a	17,8 d	39,7 d	2,23 f	472 a	1050 a	1521 a
19-007-01-09	1,209 a	18,9 c	41,0 d	2,17 g	572 a	1241 a	1814 a
19-010-01-01	1,187 b	19,0 c	38,6 d	2,04 g	292 c	600 c	892 c
19-010-01-02	1,185 b	18,9 c	39,1 d	2,07 g	325 c	672 c	997 c
19-010-01-04	1,183 b	19,5 b	40,4 d	2,07 g	379 b	785 b	1163 b
19-011-01-03	1,198 b	18,1 d	39,6 d	2,18 g	285 c	625 c	910 c
19-011-01-06	1,215 a	18,7 c	40,7 d	2,17 g	440 a	955 a	1395 a
19-012-02-01	1,193 b	17,4 e	41,8 d	2,40 e	174 d	417 d	592 d
19-012-02-06	1,176 c	17,7 d	41,2 d	2,32 f	279 c	647 c	926 c
19-012-03-01	1,187 b	16,0 f	43,0 c	2,70 d	315 c	849 b	1164 b
19-012-03-02	1,191 b	16,7 f	41,3 d	2,47 e	344 c	856 b	1201 b

Tabela 33 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(continuação)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênes							
19-012-03-03	1,211 a	17,4 e	41,3 d	2,38 f	396 b	934 b	1330 b
19-012-03-04	1,192 b	17,0 e	42,6 c	2,51 e	306 c	772 b	1078 c
19-012-03-07	1,215 a	16,2 f	44,1 c	2,73 d	352 b	962 a	1314 b
19-012-04-01	1,192 b	18,0 d	39,5 d	2,20 g	343 c	753 c	1096 c
19-012-04-03	1,190 b	17,4 e	40,7 d	2,34 f	268 c	627 c	896 c
19-012-04-04	1,191 b	17,2 e	41,8 d	2,43 e	319 c	774 b	1093 c
19-012-04-08	1,197 b	16,3 f	42,7 c	2,62 d	324 c	846 b	1169 b
19-018-03-05	1,189 b	18,9 c	40,6 d	2,15 g	265 c	569 c	834 c
19-018-03-07	1,197 b	19,6 b	40,1 d	2,04 g	312 c	641 c	953 c
19-018-04-09	1,197 b	18,8 c	40,4 d	2,15 g	226 d	485 d	711 d
19-024-01-02	1,225 a	17,6 d	42,7 c	2,42 e	374 b	905 b	1279 b
19-024-01-09	1,222 a	16,8 f	42,1 d	2,50 e	327 c	821 b	1148 b
19-024-02-04	1,196 b	18,3 c	40,5 d	2,22 g	358 b	794 b	1151 b
19-024-02-07	1,188 b	19,6 b	40,0 d	2,04 g	301 c	613 c	914 c
19-031-01-04	1,205 a	18,6 c	39,9 d	2,14 g	333 c	715 c	1049 c
19-031-01-06	1,178 c	18,5 c	40,3 d	2,18 g	281 c	612 c	893 c
19-031-01-07	1,174 c	16,4 f	44,0 c	2,69 d	231 d	620 c	851 c
19-032-01-01	1,173 c	19,6 b	38,1 d	1,95 h	317 c	621 c	938 c
19-032-01-04	1,194 b	19,3 b	39,7 d	2,05 g	193 d	398 d	591 d
19-035-02-06	1,191 b	19,6 b	39,8 d	2,04 g	362 b	739 c	1100 c
19-035-03-03	1,184 b	19,1 c	39,4 d	2,06 g	267 c	550 c	817 c
19-036-01-01	1,175 c	19,8 b	38,5 d	1,94 h	422 b	819 b	1240 b
19-044-02-02	1,180 c	17,6 d	41,4 d	2,36 f	250 c	593 c	843 c
19-044-03-04	1,179 c	19,3 b	41,0 d	2,13 g	375 b	796 b	1171 b
19-045-03-01	1,205 a	20,8 a	38,5 d	1,85 h	567 a	1062 a	1630 a
19-045-03-02	1,199 a	21,5 a	37,1 d	1,73 h	402 b	691 c	1092 c
19-045-05-01	1,189 b	15,2 g	42,8 c	2,83 c	257 c	719 c	976 c
19-045-05-02	1,198 b	15,6 g	42,4 c	2,72 d	288 c	782 b	1070 c
19-045-05-03	1,203 a	14,1 h	45,1 b	3,20 b	246 c	786 b	1032 c
19-045-05-05	1,214 a	15,1 g	44,6 b	2,95 c	269 c	793 b	1062 c
19-048-02-07	1,180 c	19,5 b	37,3 d	1,91 h	340 c	648 c	988 c
19-048-02-09	1,190 b	18,8 c	40,2 d	2,14 g	311 c	666 c	977 c
19-048-03-01	1,214 a	18,1 d	40,9 d	2,26 f	350 b	792 b	1141 b
19-048-03-03	1,192 b	19,0 c	40,2 d	2,12 g	288 c	609 c	897 c
19-048-03-04	1,188 b	20,1 b	40,5 d	2,02 h	336 c	678 c	1015 c

Tabela 33 - Comparações entre as médias* dos caracteres avaliados nas progênes e nas testemunhas do Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, na ESALQ sede, Piracicaba - SP

(conclusão)

Genótipos	DS (t.m ⁻³)	TO (%)	TP (%)	TP/TO	PO (kg.ha ⁻¹)	PP (kg.ha ⁻¹)	PO+PP (kg.ha ⁻¹)
Progênes							
19-048-03-05	1,187 b	18,5 c	41,1 d	2,23 f	291 c	650 c	941 c
19-048-03-08	1,193 b	18,3 c	40,4 d	2,21 g	312 c	693 c	1005 c
19-049-01-02	1,169 c	18,4 c	40,4 d	2,21 g	251 c	550 c	801 c
19-049-01-06	1,183 b	19,0 c	40,8 d	2,15 g	124 e	264 d	388 d
19-052-01-01	1,193 b	19,0 c	40,6 d	2,14 g	352 b	750 c	1102 c
19-052-02-04	1,170 c	19,4 b	40,7 d	2,10 g	257 c	538 c	795 c
19-053-01-06	1,190 b	18,8 c	40,5 d	2,16 g	391 b	844 b	1235 b
19-057-01-03	1,189 b	19,3 b	40,3 d	2,08 g	288 c	601 c	889 c
19-057-03-02	1,190 b	19,0 c	39,1 d	2,05 g	342 c	698 c	1040 c
19-057-03-04	1,197 b	19,0 c	40,9 d	2,15 g	380 b	815 b	1194 b
19-059-01-03	1,183 b	21,0 a	38,3 d	1,83 h	457 a	834 b	1290 b
19-059-02-01	1,189 b	18,7 c	41,1 d	2,20 g	339 c	743 c	1082 c
19-059-02-02	1,166 c	18,8 c	40,4 d	2,15 g	266 c	573 c	839 c
19-059-07-04	1,191 b	18,4 c	39,1 d	2,13 g	272 c	581 c	853 c
19-059-07-06	1,199 a	18,5 c	41,7 d	2,26 f	284 c	643 c	927 c
19-062-03-01	1,169 c	18,8 c	41,5 d	2,21 g	290 c	642 c	933 c
19-065-01-01	1,189 b	18,1 d	40,6 d	2,24 f	309 c	692 c	1001 c
19-088-01-03	1,179 c	20,0 b	39,2 d	1,97 h	355 b	700 c	1056 c
19-088-01-07	1,174 c	20,2 a	39,1 d	1,94 h	369 b	716 c	1085 c
19-088-01-08	1,176 c	21,0 a	39,1 d	1,86 h	376 b	700 c	1076 c
19-088-01-10	1,171 c	19,7 b	41,3 d	2,10 g	413 b	868 b	1281 b
19-108-01-02	1,164 c	16,9 e	42,6 c	2,53 e	110 e	281 d	391 d
19-108-01-03	1,180 c	18,1 d	41,7 d	2,31 f	321 c	742 c	1062 c
19-108-01-05	1,164 c	17,3 e	41,0 d	2,37 f	103 e	243 d	346 d
19-110-01-01	1,229 a	18,7 c	40,2 d	2,15 g	435 b	934 b	1369 b
19-110-01-06	1,193 b	18,7 c	40,5 d	2,17 g	375 b	817 b	1192 b
19-111-01-04	1,195 b	20,4 a	39,0 d	1,91 h	467 a	894 b	1361 b
19-111-01-05	1,197 b	20,3 a	40,2 d	1,98 h	519 a	1031 a	1550 a
19-111-01-06	1,198 b	20,6 a	38,8 d	1,88 h	523 a	983 a	1506 a
19-111-01-09	1,193 b	20,5 a	40,4 d	1,97 h	498 a	983 a	1481 a
Testemunhas							
BRS 216	1,201 a	17,0 e	41,7 d	2,46 e	363 b	893 b	1257 b
BRS 257	1,195 b	19,5 b	40,7 d	2,09 g	489 a	1023 a	1513 a
BRS 267	1,201 a	17,6 d	41,9 d	2,38 f	338 c	800 b	1139 b
IAC 100	1,229 a	15,4 g	43,8 c	2,85 c	354 b	1011 a	1365 b
IAC PL-1	1,168 c	18,2 c	41,4 d	2,27 f	239 d	544 c	783 c

* : Médias seguidas pela mesma letra em cada coluna não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott no nível de 5% de probabilidade.

Tabela 34 - Resumo das análises para comparar os valores observados e preditos dos teores de óleo e de proteína, para os dados das progênie avaliadas no Experimento Alimentos, realizado na safra 2006/07, em Piracicaba - SP

Caracteres	Tipo	Estatística descritiva			
		Média	Desvio padrão	Mínimo	Máximo
TO (%)	Observado (1)	17,9	2,0	12,9	21,5
	Predito (2)	17,7	0,8	15,7	19,2
	Diferença (1-2)	0,2	1,7	-3,7	4,1
TP (%)	Observado (1)	41,2	2,1	37,1	47,9
	Predito (2)	41,4	0,8	39,9	43,5
	Diferença (1-2)	-0,2	1,8	-4,6	5,4

Testes	GL	Caracteres	
		TO (observados vs. preditos)	TP (observados vs. preditos)
F (variâncias)	99	6,60 **	6,80 **
t (médias)	99	0,98 ^{NS}	-0,96 ^{NS}
t (desvios)	99	1,23 ^{NS}	-1,18 ^{NS}
r (Spearman)	98	0,48 ^{##}	0,46 ^{##}

** : Significativo no nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

^{##} : Significativo no nível de 1% de probabilidade pelo teste t; ^{NS} : Não significativo.

Figura 1 - Aparato de pesagem utilizado na determinação da densidade da semente, desenvolvido em Piracicaba - SP

P1: parental 1, P2: parental 2, F2: cruzamento, MP: média dos parentais, PG: produtividade de grãos, DS: densidade da semente, TO: teor de óleo, TP: teor de proteína

Figura 2 - Representação gráfica da análise *biplot* para os dados do cruzamento entre USP98-06.011.10 (P_1) e Abura (P_2), experimento realizado durante a safra 2006/07, em Piracicaba - SP

P1: parental 1, P2: parental 2, F2: cruzamento, MP: média dos parentais, PG: produtividade de grãos, DS: densidade da semente, TO: teor de óleo, TP: teor de proteína

Figura 3 - Representação gráfica da análise *biplot* para os dados do cruzamento entre USP98-06.027.03 (P_1) e Biloxi (P_2), experimento realizado durante a safra 2006/07, em Piracicaba - SP

P1: parental 1, P2: parental 2, F2: cruzamento, MP: média dos parentais, PG: produtividade de grãos, DS: densidade da semente, TO: teor de óleo, TP: teor de proteína

Figura 4 - Representação gráfica da análise *biplot* para os dados do cruzamento entre M-SOY 8001 (P_1) e Abura (P_2), experimento realizado durante a safra 2006/07, em Piracicaba - SP

P1: parental 1, P2: parental 2, F2: cruzamento, MP: média dos parentais, PG: produtividade de grãos, DS: densidade da semente, TO: teor de óleo, TP: teor de proteína

Figura 5 - Representação gráfica da análise *biplot* para os dados do cruzamento entre USP98-06.009.01 (P_1) e PI 239.235 (P_2), experimento realizado durante a safra 2006/07, em Piracicaba - SP