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

**Retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres
quantitativos em soja**

Guilherme José Farias

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

**Piracicaba
2013**

**Guilherme José Farias
Engenheiro Agrônomo**

**Retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos em
soja**

Orientador:
Prof. Dr. **ISAIAS OLÍVIO GERALDI**

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

**Piracicaba
2013**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP**

Farias, Guilherme José
Retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos em soja /
Guilherme José Farias.- - Piracicaba, 2013.
141 p: il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2013.

1. Melhoramento vegetal 2. Retrocruzamento 3. Variabilidade genética 4. Resposta à
seleção I. Título

CDD 633.34
F224r

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

***DEDICO esta tese aos meus pais,
Lourdes e Valter Farias,
por serem os maiores responsáveis
por esta grande conquista em minha vida.***

***OFEREÇO à minha amada esposa Rafaelle,
por estar sempre ao meu lado,
enfrentando todas as dificuldades
para chegarmos até aqui.***

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, agradeço a Deus por ter me dado força, coragem e determinação para alcançar essa meta tão importante na minha vida;

À Universidade de São Paulo e à ESALQ por todas as oportunidades oferecidas desde a minha graduação, que me permitiram evoluir tanto em todos esses anos;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (**CNPq**), pela bolsa de doutorado concedida.

Também quero deixar os meus sinceros agradecimentos a todas as pessoas que tornaram possível a realização deste trabalho:

Ao professor **Isaias Olívio Geraldi**, por todos os ensinamentos passados, pela orientação, confiança depositada tantas vezes em mim, amizade e apoio fornecidos desde a minha iniciação científica, nestes dez anos de convívio;

Aos colegas e amigos de laboratório **Larissa Pereira de Castro, Rosa María Alvarez Parra, Fernando Hoshino Shirahige, Leandro Augusto Andrade Fumes e Gabriel Lourenço Lopes** pela amizade, o bom convívio e a ajuda na execução dos experimentos, nas análises e no desenvolvimento da tese, além das alegrias e dificuldades do dia-a-dia;

Aos colegas **José Manoel Colombari Filho e Marco Antonio Acevedo Barona** por terem dividido comigo seus conhecimentos e a experiência no laboratório e no campo, além de terem idealizado os cruzamentos que deram origem a minha tese;

Aos funcionários do laboratório **Fernandes de Araújo e Gustavo Alexandre Perina** pelo convívio em todos esses anos, os ensinamentos passados e a imprescindível ajuda prestada no preparo e na condução de todos os meus experimentos;

Aos funcionários de campo e diaristas do Departamento de Genética da ESALQ/USP de Piracicaba e da Estação Experimental Anhumas, e especialmente aos chefes das equipes: **Cláudio Roberto Segatelli e José Monteiro**, pelo empenho, competência e cuidado na condução de todas as etapas dos experimentos e sem os quais seria impossível realizá-los; e também ao funcionário **Natálio Vieira**, pelo apoio fundamental no transporte e na alimentação quando estávamos na fazenda;

Aos professores da ESALQ, especialmente aqueles do Departamento de Genética e do Departamento de Ciências Exatas, pela contribuição à minha formação acadêmica;

Aos professores que participaram do meu exame de qualificação: **Cláudio Lopes de Souza Júnior, José Baldin Pinheiro e Elizabeth Ann Veasey**, pelas críticas e sugestões, que ajudaram a enriquecer este trabalho;

Aos componentes da banca de defesa da tese, por terem aceitado participar desse momento tão importante na minha carreira;

Aos outros funcionários do Departamento de Genética que sempre estiveram presentes e ajudaram diversas vezes, em especial à secretária **Léia** e ao **Macedônio**;

A todos os outros colegas e amigos da Pós-Graduação, especialmente **Alexandre, Taislene, Pedro, Rubén, Luciana, Maria Aparecida, Inocêncio e Flávia** pelo bom convívio, amizade, conversas e valiosa troca de experiências durante todo o curso;

E, por último... Porém, mais importante! Agradeço à minha maravilhosa família, que é a base de tudo na minha vida e o verdadeiro combustível de todas as minhas conquistas:

Aos meus irmãos, sogros e todos os sobrinhos e cunhados pelos bons momentos, pelo apoio e pelas alegrias; e por estarem sempre presentes nos meus momentos de maior felicidade;

À minha esposa **Rafaelle**, pelo imenso amor, amizade, apoio e dedicação em todas as horas, por tornar meus dias mais felizes e estar sempre ao meu lado nestes primeiros e difíceis passos da longa jornada que iremos percorrer juntos;

E finalmente... Aos meus pais, **Valter e Lourdes**, a quem eu devo TUDO o que sou e o que serei, eternamente. *Palavras nunca seriam suficientes para traduzir meu amor e minha gratidão por tudo o que vocês já fizeram e ainda fazem por mim.*

MUITO OBRIGADO !

***“O que fizemos apenas por nós mesmos morre conosco.
O que fizemos pelos outros e pelo mundo permanece e é imortal.”***

Albert Pike

***“Quando se busca o cume da montanha,
não se dá importância às pedras do caminho.”***

(Autor desconhecido)

BIOGRAFIA

Guilherme José Farias, filho de Valter Farias e Lourdes Farias, nasceu no dia 6 de janeiro de 1984 em Mogi das Cruzes - SP.

Em fevereiro de 2002, ingressou no curso de Engenharia Agrônômica na Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), concluindo o curso no ano de 2006. Durante a graduação, realizou estágios no orquidário “Prof. Paulo Soderó Martins”; no Laboratório de Melhoramento de Plantas do Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA/USP) e no Laboratório de Genética Quantitativa e Melhoramento de Soja, no Departamento de Genética da ESALQ/USP, sob orientação do Prof. Isaias Olívio Geraldi, onde fez dois anos de Iniciação Científica com bolsa do CNPq/PIBIC. No último semestre da graduação, como conclusão do curso, fez o Estágio Profissionalizante no Centro de Melhoramento de Fumo da empresa Souza Cruz S.A., em Rio Negro - PR.

Em fevereiro de 2007 (logo após a graduação), ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ/USP, também sob orientação do Prof. Isaias. Desenvolveu a dissertação intitulada “Avaliação de progênies $F_{2:4}$ em soja e perspectivas de melhoramento”, defendida em 21 de janeiro de 2009.

Em seguida (fevereiro de 2009), ingressou no curso de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas na ESALQ/USP, também sob orientação do Prof. Isaias. Desenvolveu a presente tese, intitulada “Retrocruzamento no melhoramento de caracteres quantitativos em soja”, defendida em 2013.

SUMÁRIO

RESUMO.....	13
ABSTRACT	15
LISTA DE FIGURAS	17
LISTA DE TABELAS	19
LISTA DE SIGLAS	23
1 INTRODUÇÃO.....	25
2 DESENVOLVIMENTO	27
2.1 Revisão Bibliográfica.....	27
2.1.1 Melhoramento genético de plantas.....	27
2.1.1.1 Formação de populações-base.....	28
2.1.2 Método do retrocruzamento.....	30
2.1.2.1 Efeito da ligação gênica.....	32
2.1.2.2 Caracteres quantitativos	35
2.1.2.3 Aspectos quantitativos dos retrocruzamentos.....	39
2.1.2.4 Retrocruzamento em soja.....	44
2.2 Material e Métodos.....	49
2.2.1 Descrição do material experimental.....	49
2.2.2 Caracterização do ambiente experimental	50
2.2.2.1 Estação Sede (Departamento de Genética da ESALQ/USP)	50
2.2.2.2 Estação Experimental Anhumas	50
2.2.3 Execução experimental	51
2.2.3.1 Obtenção das progênes derivadas das populações F_2 e RC_1	51
2.2.3.2 Avaliação experimental das progênes	53
2.2.4 Caracteres avaliados.....	53
2.2.5 Análises estatístico-genéticas	55
2.2.5.1 Análises individuais.....	55
2.2.5.2 Análises conjuntas	56
2.2.5.2.1 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	58
2.2.5.2.2 Estimativas das respostas à seleção.....	59
2.2.5.3 Estimativas dos erros associados às estimativas	60
2.3 Resultados e Discussão.....	63
2.3.1 Análises individuais	63

2.3.2	Análises conjuntas	63
2.3.2.1	Produção de Grãos (PG).....	64
2.3.2.2	Número de Dias para o Florescimento (DF).....	67
2.3.2.3	Altura das Plantas no Florescimento (AF)	68
2.3.2.4	Número de Dias para a Maturação (DM).....	70
2.3.2.5	Altura das Plantas na Maturação (AM).....	72
2.3.2.6	Acamamento (AC).....	74
2.3.3	Análise das médias	76
2.3.3.1	Histogramas	78
2.3.4	Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	80
2.3.4.1	Estimativas da variância genética	80
2.3.4.2	Estimativas da variância do erro	86
2.3.4.3	Estimativas da variância fenotípica	87
2.3.4.4	Estimativas da variância da interação P x A.....	87
2.3.4.5	Estimativas do coeficiente de herdabilidade.....	90
2.3.5	Resposta à seleção.....	94
2.3.6	Considerações finais.....	101
3	CONCLUSÃO.....	105
	REFERÊNCIAS	107
	APÊNDICE	119
	ANEXOS.....	127

RESUMO

Retrocruzamento no melhoramento de caracteres quantitativos em soja

Existem poucas informações sobre o uso do método do retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos. Este trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência de uma geração de retrocruzamento para o desenvolvimento de linhagens superiores em soja, a partir de um cruzamento biparental. Para isso, foram utilizados como genitores os cultivares BRS-134 e EMGOPA-315, sendo este utilizado como genitor recorrente por ser mais produtivo, mais alto e mais tardio. Foram avaliadas experimentalmente 100 progênies $F_{2:4}$ e 100 progênies RC_1F_3 , em três ambientes (combinação de locais e anos): área experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP e Estação Experimental Anhumas, ambas localizadas em Piracicaba, SP, utilizando o delineamento látice simples duplicado 10×10 (quatro repetições) e parcelas lineares de 2 m com espaçamento de 0,5 m, contendo 30 plantas após o desbaste. Os caracteres avaliados foram: número de dias para o florescimento (DF), altura das plantas no florescimento (AF), número de dias para a maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM), acamamento (AC) e produção de grãos (PG). Para todos os caracteres foram estimados os seguintes parâmetros: média geral ($\bar{F}_{2:4}$ e $\overline{RC_1F_3}$), amplitude de variação das médias das progênies ($\Delta\bar{F}_{2:4}$ e $\overline{\Delta RC_1F_3}$), variância genética entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$), variância fenotípica entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_F^2$), coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies ($\hat{h}_x^2\%$) e resposta esperada com seleção (R_s), para as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 . Para todos os caracteres, a média geral foi superior para as progênies RC_1F_3 , conforme o esperado. Entretanto, para PG e AF, as variâncias genéticas foram maiores para as progênies RC_1F_3 , bem como as amplitudes de variação das médias, o que não era esperado com base em um modelo de um loco. Para DF também houve um pequeno aumento na variância genética, embora não significativo, enquanto para DM, AM e AC a variância genética foi maior nas progênies $F_{2:4}$. Devido a isso, o coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies retrocruzadas também foi maior para PG, bem como a resposta esperada com seleção. Os resultados deste trabalho indicam, portanto, que uma geração de retrocruzamento para o genitor mais produtivo pode ser uma boa estratégia para melhorar a eficiência da seleção para produção de grãos em soja.

Palavras-chave: Soja; Retrocruzamento; Resposta à seleção; Eficiência da seleção

ABSTRACT

Backcross in the improvement of quantitative traits in soybeans

There is little information on using the backcross method for the improvement of quantitative traits in soybeans. This work was carried out to evaluate the efficiency of a generation of backcrossing for the development of superior soybean lines, in a population derived of a two-way cross. The cultivars BRS-134 and EMGOPA-315 were used as parents, where the last one was used as recurrent parent for being higher yielding, taller and later. One hundred $F_{2:4}$ progenies and one-hundred RC_1F_3 progenies were evaluated in three environments (combination of locations and years): experimental area of the Department of Genetics at ESALQ/USP and Anhumas Experimental Station, both located in Piracicaba, state of São Paulo, Brazil, using a simple 10×10 lattice design twice (four replications). Plots consisted of 2 meter long spaced by 0.5 meter, with 30 plants after thinning. The following traits were evaluated: number of days to flowering (DF), plant height at flowering (AF), number of days to maturity (DM), plant height at maturity (AM), lodging (AC) and grain yield (PG). The following parameters were estimated for both, $F_{2:4}$ and RC_1F_3 progenies: general mean ($\bar{F}_{2:4}$ and $\overline{RC_1F_3}$), amplitude of the individual progeny means ($\Delta\bar{F}_{2:4}$ and $\Delta\overline{RC_1F_3}$), genetic variance among progenies ($\hat{\sigma}_p^2$), phenotypic variance on a progeny mean basis ($\hat{\sigma}_F^2$), heritability coefficient on a progeny mean basis ($\hat{h}_{\bar{x}}^2\%$) and expected response to selection (R_s). For all traits general mean was higher for RC_1F_3 progenies, as expected. However, for PG and AF, genetic variances were higher for RC_1F_3 progenies, as well as the amplitude of individual progeny means, which are not expected, based on a one-locus model. For DF, there was also a small increase in genetic variance, although not significant, while for DM, AM and AC genetic variances were higher for $F_{2:4}$ progenies. Consequently, heritability based on a progeny mean basis was higher for PG in the backcross population, as well as the expected response to selection. General results indicate that one generation of backcross for the higher yielding parent could be a good strategy to improve the efficiency of selection for grain yield in soybeans.

Keywords: Soybean; Backcross; Response to selection; Efficiency of selection

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 - Mapa da região do município de Piracicaba, mostrando a localização dos dois locais utilizados no presente trabalho (1 e 2)51
- Figura 2 - Esquema de obtenção das populações nas quais se baseia o presente trabalho52
- Figura 3 - Histogramas do caráter produção de grãos (PG), em g.m^{-2} : a) apenas as progênies $F_{2:4}$, com a respectiva média; b) apenas as progênies RC_1F_3 , com a respectiva média; c) os dois tipos de progênies juntos, mostrando a média dos genitores EMGOPA-315 (P_1) e BRS-134 (P_2) e a quantidade de progênies transgressivas (superiores ao genitor mais produtivo - P_1), derivadas das duas populações 79
- Figura 4 - Gráficos de comparação das médias e das variâncias genéticas entre as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , para todos os caracteres avaliados, e respectivos intervalos de confiança ($\alpha = 0,05$)83
- Figura 5 - Gráficos de comparação das médias dos genitores e das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , para todos os caracteres avaliados, com os respectivos intervalos de confiança ($\alpha = 0,05$)85

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Esquema de análise de variância individual do látice, considerando o modelo aleatório	56
Tabela 2 - Esquema de análise de variância conjunta do látice, considerando o modelo aleatório	57
Tabela 3 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter produção de grãos (PG), em $g.m^{-2}$	64
Tabela 4 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter número de dias para o florescimento (DF), em dias	67
Tabela 5 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas no florescimento (AF), em cm	69
Tabela 6 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias	71
Tabela 7 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm	73
Tabela 8 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter acamamento (AC), avaliado em notas de 1 a 5 e transformado em $\sqrt{x+1}$	75

- Tabela 9 - Médias dos genitores EMGOPA-315 ($\bar{P}_1$) e BRS-134 ($\bar{P}_2$), média geral das progênes ($\bar{F}_{2:4}$ e $\overline{RC_1F_3}$), média das progênes superiores ($\bar{F}_{2:4(s)}$ e $\overline{RC_1F_{3(s)}}$), média das progênes inferiores ($\bar{F}_{2:4(i)}$ e $\overline{RC_1F_{3(i)}}$), amplitude das médias individuais das progênes ($\Delta\bar{F}_{2:4}$ e $\Delta\overline{RC_1F_3}$), para todos os caracteres avaliados 77
- Tabela 10 - Estimativas da variância genética entre progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{\sigma}_p^2$) das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados..... 81
- Tabela 11 - Estimativas da variância do erro ($\hat{\sigma}^2$) das análises conjuntas de três ambientes envolvendo as progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados..... 86
- Tabela 12 - Estimativas da variância fenotípica entre médias de progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{\sigma}_F^2$) das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados..... 88
- Tabela 13 - Estimativas da variância da interação $P \times A$ ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) das análises conjuntas de três ambientes envolvendo as progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados 89
- Tabela 14 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{h}_x^2$), em percentagem (%), das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados..... 91
- Tabela 15 - Lista das 20 progênes $F_{2:4}$ com os maiores valores de PG (ordem decrescente), com suas respectivas médias dos demais caracteres (DF, AF, DM, AM e AC), estimativas das médias das 20 progênes ($\bar{x}_s$), das médias originais das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{x}_o$), das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$), diferencial de seleção (ds), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de progênes ($\hat{h}_x^2\%$), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%). 95

- Tabela 16 - Lista das 20 progênies RC_1F_3 com os maiores valores de PG (ordem decrescente), com suas respectivas médias dos demais caracteres (DF, AF, DM, AM e AC), estimativas das médias das 20 progênies ($\bar{x}_s$), das médias originais das progênies RC_1F_3 ($\bar{x}_o$), das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$), diferencial de seleção (ds), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies ($\hat{h}_x^2\%$), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%)... 96
- Tabela 17 - Superioridade percentual da estimativa da média da população melhorada obtida com a seleção nas progênies RC_1F_3 em relação à média obtida com as progênies $F_{2:4}$, para o caráter PG e os demais caracteres selecionados indiretamente, considerando a porcentagem de seleção de 20% 98
- Tabela 18 - Desempenho das cinco progênies selecionadas com base nos caracteres PG, DM, AM, e AC, médias das progênies selecionadas ($\bar{x}_s$), resposta esperada com a seleção (Rs), resposta percentual (Rs%) e média esperada da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$) para todos os caracteres 100
- Tabela 19 - Frequência genotípica, valor genotípico e desvio em relação à média das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para cálculo da variância genética total das progênies 121
- Tabela 20 - Frequência genotípica, valor genotípico e desvio em relação à média das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para cálculo da variância genética entre as progênies 123
- Tabela 21 - Resumo das expressões das médias ($\bar{x}$) e dos componentes da variância genética total (σ_G^2), da variância genética entre progênies (σ_p^2) e da variância genética dentro de progênies (σ_{dp}^2) referentes às progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , incluindo os retrocruzamentos para ambos os genitores ($RC_{1.1}F_3$ e $RC_{1.2}F_3$) 125

LISTA DE SIGLAS

AC	–	Acamamento
AF	–	Altura das Plantas no Florescimento
AM	–	Altura das Plantas na Maturação
CV	–	Coeficiente de Variação Experimental
DF	–	Número de Dias para o Florescimento
DM	–	Número de Dias para a Maturação
IC	–	Intervalo de Confiança
LI	–	Limite Inferior
LS	–	Limite Superior
PG	–	Produção de Grãos
PI	–	<i>Plant Introduction</i>
P x A	–	Progênies x Ambientes
QM	–	Quadrado Médio
QTLs	–	<i>Quantitative Trait Loci</i>
Rs	–	Resposta à Seleção
ds	–	Diferencial de Seleção
ST	–	Estande Inicial da Parcela

1 INTRODUÇÃO

A obtenção de genótipos superiores é um objetivo contínuo dos programas de melhoramento genético das espécies cultivadas. Geralmente, os programas são iniciados a partir do cruzamento entre genótipos-elite, o que poderia gerar dúvidas na capacidade de gerarem variabilidade passível de seleção e de ganhos genéticos efetivos. Entretanto, o sucesso e os avanços constantes obtidos nas últimas décadas contrariam essas expectativas.

Entre os métodos de melhoramento em que se são cruzados materiais geneticamente relacionados está o método do retrocruzamento. Ele vem sendo utilizado há muito tempo pelos melhoristas de plantas visando à transferência de caracteres qualitativos (herança simples, principalmente monogênica) de um genótipo para outro, o qual é deficiente na característica em questão. Trata-se, portanto, de um método de substituição alélica. Neste método, durante os sucessivos retrocruzamentos, faz-se seleção para o alelo a ser transferido, enquanto as demais características do genitor recorrente (principalmente os caracteres quantitativos) vão sendo recuperadas gradativamente, obtendo-se, no final, esse genótipo acrescido de um ou poucos alelos do genitor doador. É considerado um método vantajoso devido à fácil aceitação por parte dos produtores, já que o cultivar receptor costuma ser um material bem aceito no mercado, mantém a maior parte de suas características que já eram consideradas favoráveis, acrescida daquela introduzida.

Apesar de seu uso frequente no melhoramento, pouca ênfase tem sido dada ao uso do retrocruzamento para o melhoramento de caracteres quantitativos. Entretanto, quando se cruzam materiais contrastantes, geralmente ocorre a liberação de uma grande variabilidade genética, porém, com uma indesejável redução da média, quando comparada ao genitor superior. Uma ou duas gerações de retrocruzamento para esse genitor superior, embora teoricamente possam reduzir a variância genética, aumentam a média da população, podendo, assim, compensar essa suposta redução da variância. Não obstante, sabe-se que existem outros fatores capazes de gerar variabilidade nesse tipo população, mesmo quando o cruzamento é feito entre cultivares aparentados. Dessa forma, a utilização do

retrocruzamento também permite atingir a situação ideal para o melhorista, isto é, uma população em que a média e a variância genética sejam altas.

Existem poucas informações na literatura sobre o uso do método do retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos e estas não são conclusivas. Isso porque a maioria desses trabalhos não foi delineada especificamente para este fim, mas, sim, visando à transferência de um ou poucos alelos controlando uma característica pontual (qualitativa). Muitos deles partiram, por exemplo, de genitores pouco contrastantes e, neste caso, realmente não há vantagem no uso do retrocruzamento para o melhoramento de caracteres quantitativos, conforme será visto adiante.

Tendo em vista os fatos apresentados, este trabalho tem como principal objetivo avaliar a eficiência de uma geração de retrocruzamento no desenvolvimento de linhagens superiores em soja para caracteres quantitativos, a partir de estimativas de parâmetros como médias, variâncias, herdabilidades e respostas à seleção.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão Bibliográfica

2.1.1 Melhoramento genético de plantas

O melhoramento genético de plantas é tradicionalmente definido como a ciência e a arte de melhorar geneticamente as plantas cultivadas (DUDLEY, 1997). O termo “arte” se refere à capacidade que o melhorista deve ter de observar e detectar diferenças que possam ter valor econômico entre plantas da mesma espécie (POEHLMAN, 1987), enquanto o termo ciência trata da aplicação de princípios e métodos de genética e estatística, além de outras áreas, como botânica, bioquímica, fitopatologia, pedologia, fisiologia e ecologia com esse mesmo objetivo (KANG et al., 2007). Assim, os avanços de tecnologias aplicadas em todas essas áreas e especialmente na obtenção de informações genéticas têm aumentado muito a importância do caráter “ciência” em relação à “arte” (HALLAUER, 2011).

Gepts e Hancock (2006) consideram o melhoramento vegetal uma ciência dinâmica e multidisciplinar caracterizada pela capacidade de se reinventar por meio da assimilação e do uso de novas descobertas científicas e abordagens técnicas. Além disso, ela envolve a aplicação de princípios genéticos e práticas associadas ao desenvolvimento de cultivares mais adequados às necessidades humanas do que à simples sobrevivência na natureza, utilizando conhecimentos de agronomia, botânica, genética, citogenética, genética molecular, fisiologia, entomologia, bioquímica e estatística (SCHLEGEL, 2010).

Numa visão mais aplicada, considera-se como melhoramento vegetal a atividade que, através do estudo e da manipulação do germoplasma de espécies cultivadas, objetive e efetivamente concretize a introdução de cultivares superiores na agricultura de uma determinada região (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Para isso, o melhorista dispõe de técnicas e métodos que possibilitam a obtenção de sucesso nesses objetivos, a começar pela formação da população-base, ou seja, do conjunto inicial de genótipos no qual serão feitas as seleções para formar a base do programa de melhoramento (SCHLEGEL, 2010). A questão fundamental dessa etapa é que a população-base deve possuir um nível de variabilidade adequado, aliado a médias favoráveis dos caracteres de interesse.

2.1.1.1 Formação de populações-base

A maioria das espécies cultivadas possui um grande número de materiais geneticamente diferentes disponíveis em seu germoplasma. Assim, uma etapa fundamental para o sucesso do programa de melhoramento é a escolha dos genitores a serem usados nos cruzamentos iniciais que irão originar as populações segregantes, nas quais será feita a seleção (fase também designada de formação das populações-base). Existem alguns critérios importantes a serem considerados nessa etapa (FEHR, 1987; SOUZA JÚNIOR, 2001) que estão descritos a seguir:

i) Deve-se priorizar a utilização de cultivares comerciais, de forma a aproveitar os efeitos da seleção praticada anteriormente para sua obtenção, o que aumenta a probabilidade de concentrar alelos favoráveis em alguns genótipos. Geralmente, esses cultivares já apresentam alta produção e várias características favoráveis, como resistências às principais pragas e doenças, precocidade, tolerância a acamamento, entre outras. Isso permite que a seleção para caracteres mais complexos, como produção, seja mais intensa, já que os outros caracteres de menor complexidade já estão praticamente fixados;

ii) Também é preciso estudar a genealogia dos materiais, de forma a evitar a realização de cruzamentos entre indivíduos aparentados, minimizando os efeitos da depressão por endogamia (principalmente em espécies alógamas) e a possível redução na variabilidade genética. Caso contrário, corre-se o risco de não se conseguir obter genótipos superiores ao final do programa de melhoramento;

iii) Outro fator chave na escolha dos genitores é a divergência genética entre eles, que deve ser a maior possível, pois isso aumenta a variabilidade genética da população gerada e, conseqüentemente, aumenta a probabilidade de obter genótipos superiores em processos de seleção. A divergência genética pode ser estimada pela capacidade específica de combinação, por meio de cruzamentos dialélicos e de marcadores moleculares (FALCONER; MACKAY, 1996). No caso de espécies em que os cultivares são híbridos, é importante investigar se os genitores pertencem a grupos heteróticos distintos;

iv) Deve-se considerar, também, a chamada complementaridade de caracteres, ou seja, procurar fazer o cruzamento entre genótipos com características interessantes que se complementem e que ainda não estejam concentradas em um único genótipo; e

v) Por fim, é importante ter conhecimento acerca do desempenho dos cultivares em avaliações de campo num conjunto de diferentes ambientes, pois essa é uma ferramenta para a indicação de cultivares superiores que apresentem concentrações elevadas de alelos favoráveis e com interações genótipo-ambiente também mais favoráveis para o conjunto de ambientes considerado.

Em cruzamentos envolvendo materiais divergentes, o objetivo básico do melhorista compreende o aumento da frequência de linhagens superiores. Para atingir este objetivo, os dois genitores devem ser cruzados para permitir a seleção de genótipos que associem os alelos favoráveis de ambos na geração segregante. Após o cruzamento, a seleção pode ser iniciada imediatamente em F_2 ou então retrocruzada para o genitor superior uma ou mais vezes antes da seleção. As características mais importantes em uma população ideal para iniciar a seleção, segundo Dudley (1982), são: (i) média alta; (ii) alta frequência de alelos favoráveis e baixa variância genética para os locos contendo os alelos favoráveis da população original; e (iii) alta variância genética e maiores frequências (de acordo com ii) de alelos favoráveis nos locos em que a população receptora não possui o alelo favorável.

No caso das espécies autógamas (como a soja), a questão mais importante no desenvolvimento de uma população-base proveniente de cruzamentos é a probabilidade de recuperar progênies homozigotas com uma frequência maior de alelos favoráveis do que qualquer genitor utilizado. Essa probabilidade depende dos seguintes fatores: (i) número de alelos favoráveis distintos entre os genitores usados para gerar a população; (ii) contribuição relativa dos alelos desejáveis dos genitores; (iii) probabilidade de fixação dos alelos em um bloco gênico individual; e (iv) diferenças genéticas necessárias para o pesquisador poder distinguir a planta superior do restante da população (ISLEIB, 1999; LORENCETTI et al., 2006).

Sendo assim, conforme foi apresentado, a população-base ideal para o melhoramento deve associar uma média alta e a maior variabilidade possível para o caráter em questão. A disponibilidade cada vez maior de técnicas moleculares para quantificar a divergência genética tem levado os melhoristas a utilizar esses dados para selecionar genitores, baseando-se no princípio de que, quanto maior a variabilidade, maior a probabilidade de encontrar um genótipo com bom desempenho.

Entretanto, os melhoristas convencionais não desejam excesso de variabilidade (RAMALHO; LAMBERT, 2004). Isso porque o valor da divergência genética expressa a quantidade total de locos divergentes entre os materiais, sendo eles correspondentes a alelos favoráveis ou não. Para fins de melhoramento, é mais interessante que os genitores sejam divergentes apenas nos locos onde o cultivar superior não possui os alelos favoráveis que, por sua vez, estão presentes no outro. Dessa forma, haverá a complementaridade discutida anteriormente, que é a razão pela qual os melhoristas com maior experiência preferem cruzar genótipos elite entre si (“bom x bom”), sem se preocupar com variabilidade em excesso (DUDLEY, 1997; RASMUSSEN; PHILLIPS, 1997). Assim, essa escolha se fundamenta no princípio de que o melhoramento deve priorizar o acúmulo de vantagens (alelos favoráveis).

Uma exceção a essa prática ocorre quando o objetivo do programa é incorporar a um material elite caracteres encontrados apenas em materiais selvagens ou não adaptados, geralmente denominados PIs (*Plant Introductions*). Muitas vezes, as coleções de trabalho dos programas de melhoramento encontram um entrave na obtenção de novos materiais vantajosos advindos da recombinação de germoplasma elite, enormemente trabalhado ao longo de várias gerações de seleção. Para isso, a introdução de novos materiais pouco melhorados torna-se uma das poucas saídas viáveis, e assim, utiliza-se o método do retrocruzamento visando à transferência do caráter de interesse, conforme será discutido a seguir. Diversos trabalhos em soja, por exemplo, utilizaram retrocruzamentos entre genótipos comerciais e não adaptados, como também será discutido adiante.

2.1.2 Método do retrocruzamento

O método do retrocruzamento geralmente é utilizado para melhorar uma característica pontual de um cultivar para a qual ele é deficiente (FEHR, 1987). Recentemente, esse método tem recebido grande atenção dos programas de melhoramento visando à incorporação de características introduzidas por técnicas de engenharia genética nos cultivares comerciais de plantas autógamas ou nas linhagens-elite de plantas alógamas (GUIMARÃES et al., 2009).

Na prática, o método consiste em cruzar um genitor doador (aquele que possui a característica de interesse a ser incorporada e usado apenas uma vez no

processo) com um genitor recorrente (aquele que se deseja melhorar), sendo que, a partir desse cruzamento inicial, as progênies são selecionadas para a característica de interesse e cruzadas repetidamente com o genitor recorrente, visando recuperar ao máximo suas características (porém mantendo aquela que foi introduzida). A cada geração de retrocruzamento recupera-se, em média, metade da constituição genética do genitor recorrente em relação à geração anterior, ou seja, se na geração F_1 há 50% do genoma recorrente, na geração RC_1 haverá 75%, na geração RC_2 87,5% e assim sucessivamente, chegando em RC_6 com 99,2% do genoma recorrente. Portanto, pelo método convencional, são necessários cerca de seis ciclos de retrocruzamento para uma recuperação satisfatória do genoma recorrente (GUIMARÃES et al., 2009).

A proporção teórica do genoma recorrente (P_{gr}) depois de n gerações de retrocruzamento pode ser calculada pela seguinte expressão (COLLARD et al., 2005), assumindo uma população de tamanho infinito (eq. 1):

$$P_{gr} = \frac{2^{n+1} - 1}{2^{n+1}} \quad (1)$$

Dessa forma, são obtidas aquelas proporções comentadas anteriormente. Ressalta-se que a equação é válida para populações de tamanho grande e, nesse caso, os valores obtidos por meio dela seriam os máximos. Considerando que os programas de melhoramento trabalham com populações de tamanhos menores, as percentagens também devem ser inferiores às calculadas.

A utilidade do método do retrocruzamento no melhoramento de plantas foi sugerida inicialmente no trabalho clássico de Harlan e Pope (1922). Esses autores observaram que o retrocruzamento já era utilizado no melhoramento animal para fixar características desejáveis; mas ainda não havia sido avaliado para o mesmo objetivo em plantas, especialmente cereais. Eles demonstraram com sucesso, em cevada, a possibilidade de transferir uma característica desejável (aristas lisas) para um cultivar comercial deficiente nesse aspecto (aristas ásperas). Na mesma época, Briggs (1938) também demonstrou, em trigo, a possibilidade de transferir resistências a doenças por retrocruzamentos. Estudos subsequentes em diversas espécies comprovaram a utilidade dos retrocruzamentos no desenvolvimento de cultivares (FEHR, 1987).

Dessa forma, o método do retrocruzamento vem sendo utilizado há muito tempo pelos melhoristas de plantas, visando à transferência principalmente de caracteres qualitativos (herança simples, mono ou oligogênica) de um genitor qualquer para um genitor adaptado (um cultivar comercial, por exemplo), deficiente na característica em questão. Assim, é considerado um método de substituição alélica. Durante os sucessivos retrocruzamentos faz-se seleção para o alelo a ser transferido, enquanto as demais características do genitor recorrente (sobretudo os caracteres quantitativos) vão sendo recuperadas gradativamente, obtendo-se, no final, o genitor adaptado acrescido de um ou poucos alelos do genitor doador.

Vários exemplos de sucesso obtido com o método do retrocruzamento para caracteres qualitativos podem ser encontrados na literatura em diferentes culturas, como por exemplo: transferência de resistência à ferrugem-da-folha para aveia (SIMONS, 1985); resistência à podridão radicular de fitóftora em soja (MIAN; COOPER; DORRANCE, 2008), resistência a diversas pragas, doenças e nematoides em feijão (SINGH; SCHWARTZ, 2010; SINGH; SCHWARTZ, 2011); introgressão de alelos que reduzem o período de vernalização em cevada (CASAO et al., 2011), transferência do alelo *ph1b* em trigo, que controla o pareamento cromossômico (FRIEBE et al., 2012); entre outros.

2.1.2.1 Efeito da ligação gênica

Uma das limitações do método do retrocruzamento está relacionada à ocorrência de ligação gênica e, conseqüentemente, do chamado “arrasto de genes” ou *linkage drag*. Por definição, a ligação gênica ocorre quando dois alelos encontram-se a uma distância inferior a 50 cM (centiMorgans) no mesmo cromossomo, formando os chamados blocos haplotípicos. Em um programa de retrocruzamento, se um determinado alelo estiver ligado a outro que está sendo transferido, a tendência é que eles permaneçam ligados nesse bloco. Dessa forma, se o alelo de interesse estiver ligado a alelos deletérios ou que controlam caracteres indesejáveis, o retrocruzamento também pode estar incorporando essas características, prejudicando o sucesso do programa, pois o bloco incorporado do genoma doador só poderá ser eliminado do genoma recorrente por recombinação. A incorporação de variedades tradicionais ou espécies silvestres traz invariavelmente

consigo esses alelos de difícil eliminação e essa transferência de DNA adicional ligado ao alelo de interesse e em transferência é chamada de *linkage drag* (BORÉM; MIRANDA, 2005). A probabilidade de sua ocorrência é alta quando o genótipo doador é agronomicamente inferior ao recorrente. Por outro lado, quando existem alelos favoráveis em ligação, haverá maior facilidade e vantagem na transferência.

A extensão do *linkage drag* é variável ao longo do genoma e é heterogênea em volta do loco de interesse. Existem alguns trabalhos clássicos que foram feitos visando quantificar esse arraste que ocorre dentro da molécula de DNA em programas de retrocruzamento, como os de Stam e Zeven (1981) e Zeven, Knott e Johnson (1983). Esses autores concluíram que a quantidade de alelos indesejáveis envolvidos pode ser relativamente grande, mesmo havendo uma recuperação satisfatória das características do genitor recorrente. Portanto, a partir disso pode-se deduzir que, quando se trabalha com caracteres quantitativos, controlados por uma quantidade grande de alelos, essa dificuldade se torna proporcionalmente maior.

O tamanho dos segmentos intactos transferidos do genoma doador é influenciado pelo comprimento do cromossomo (medido em centiMorgans), bem como pelo número de gerações em que o doador e o recorrente podem recombinar por meiose (HANSON, 1959; STAM; ZEVEN 1981). Assim, o número de genes potencialmente deletérios em torno do loco gênico de interesse introgridido é também bastante variável. Segmentos em torno de 1cM do genoma de tomate em programas de retrocruzamento, por exemplo, podem incluir 100 ou mais genes (YOUNG; TANKSLEY, 1989).

Alguns métodos de melhoramento têm sido sugeridos como tentativas para contornar esse problema, geralmente utilizando-se a chamada introgressão assistida por marcadores moleculares (HOSPITAL; CHARCOSSET, 1997; VISSCHER; HALEY; THOMPSON, 1996), também referida como retrocruzamento assistido por marcadores (*Marker-Assisted Backcrossing* – MAB). Conforme já foi discutido, utilizando o método convencional são necessárias pelo menos seis gerações de retrocruzamento para recuperar o genitor recorrente e, ainda assim, alguns fragmentos do genoma doador provavelmente ficarão ligados ao gene de interesse. Utilizando marcadores é possível chegar a esse objetivo em RC₄, RC₃ ou até mesmo em RC₂ (FRISCH; BOHN; MELCHINGER, 1999), poupando de duas a quatro gerações. Numa revisão sobre as aplicações da seleção assistida por marcadores moleculares no melhoramento de plantas, Collard e Mackill (2008) apresentam

diversos exemplos de sucesso no retrocruzamento assistido (MAB) em culturas como cevada, arroz, milho e trigo, inclusive alguns envolvendo QTLs.

Algumas metodologias também foram desenvolvidas especificamente para caracteres quantitativos (QTLs), como a análise de retrocruzamento avançado de QTLs (*Advanced Backcross QTL Analysis* ou simplesmente *AB-QTL Analysis*), que permite a introgressão de genes de interesse econômico de germoplasma selvagem para linhagens-elite (TANKSLEY; NELSON, 1996). Consiste numa combinação da análise de QTLs com o desenvolvimento varietal por meio de uma transferência assistida de alelos que controlam locos quantitativos de linhagens doadoras (selvagens ou não adaptadas) para cultivares comerciais. A utilidade desse método tem sido testada em diversas culturas, como tomate, arroz, cevada, trigo, milho e algodão, indicando boas perspectivas para o futuro (WANG; CHEE, 2010). Outras técnicas de seleção assistida de QTLs têm sido propostas, como a seleção assistida por marcadores moleculares em contexto específico (*Context-Specific Marker-Assisted Selection* ou CSM), que foi sugerida por Sebastian et al. (2010) para aumento da produção em populações-elite de soja. Nesse caso, o progresso das técnicas de genotipagem (incluindo a redução no custo do sequenciamento de genomas completos) pode contribuir muito para os avanços na aplicação dessas técnicas em programas de melhoramento, especialmente naqueles que envolvem introgressão de caracteres a partir de materiais não adaptados por retrocruzamentos. Em todos esses casos, o arraste de genes pode ser bastante minimizado pela seleção assistida.

Ainda nesse contexto, os retrocruzamentos assistidos têm grande importância nos programas de introgressão de transgenes para cultivares comerciais, já que, nesse caso, também há um grande interesse em permitir a transferência do evento transgênico com o mínimo de *linkage drag* possível, recuperando ao máximo as características do cultivar comercial não-transgênico (MOOSE; MUMM, 2008). A utilização de marcadores moleculares com essa finalidade permite uma recuperação satisfatória do genoma recorrente em somente duas gerações de retrocruzamento, enquanto o método tradicional levaria em torno de seis gerações (VISARADA et al., 2009).

2.1.2.2 Caracteres quantitativos

Existem poucas informações na literatura sobre o uso do método do retrocruzamento visando o melhoramento de caracteres quantitativos e estas não são conclusivas. Isso porque a maioria destes trabalhos não foi delineada especificamente para este fim, mas, sim, visando à transferência de um ou poucos alelos responsáveis uma característica específica, conforme já foi discutido.

Entretanto, existem trabalhos tradicionais como o de Briggs e Allard (1953) ressaltando que o método do retrocruzamento não é, como geralmente se supõe, limitado apenas para o melhoramento de caracteres de herança simples. Estes autores, numa revisão sobre os progressos obtidos em programas de retrocruzamento até a época, já apontavam resultados positivos obtidos com caracteres quantitativos, como precocidade e altura da planta em trigo, comprimento de grãos em arroz e tamanho de grãos em feijão-fava. Assim, eles afirmavam que essa não deveria ser considerada uma limitação do método.

Allard (1999) também ressalta a importância da utilização de retrocruzamentos visando ajustar a expressão de caracteres de herança quantitativa, como florescimento precoce. Nesse caso, o autor descreve o procedimento usual, que tem sido cruzar uma variedade dominante ou linhagem comercial já bem aceita (genitor recorrente) com uma fonte dessa característica (genitor doador), retrocruzar para a primeira, selecionar e autofecundar uma quantidade de plantas RC_1 que mais se assemelhem ao genitor recorrente e, então, selecionar para precocidade e tipo de planta com essas características desejadas nas progênes RC_1F_2 . O ciclo pode ser repetido uma ou mais vezes, até que se obtenham linhagens com tempo de florescimento adequado.

Conforme foi discutido anteriormente, o retrocruzamento também pode ser utilizado nas fases iniciais dos programas de melhoramento, quando serão formadas as populações-base. Dudley (1982) indica que essa aplicação do método é adequada, num estudo de simulação em que o autor avaliou os efeitos de um retrocruzamento na obtenção de genótipos superiores. Entre outros fatores, verificou que: (i) se um genitor apresentar mais locos contendo alelos favoráveis que outro, uma geração de retrocruzamento antes do início da seleção irá aumentar a probabilidade de obtenção de linhagens que superem o genitor superior; e (ii) quanto mais divergentes os genitores, maior é a importância do retrocruzamento

antes do início da seleção. Além disso, o número de retrocruzamentos necessários depende da proporção relativa de alelos favoráveis vindos de cada genitor, isto é, quanto maior a divergência entre os genitores, mais retrocruzamentos serão necessários.

Seguindo essa linha de raciocínio, quando o melhorista pretende trabalhar com um caráter quantitativo utilizando um genitor que é inferior ao outro, são necessárias algumas gerações de retrocruzamento para aumentar suficientemente a média do caráter, porém dentro de um nível aceitável de redução da variância genética, de forma que ainda permita a realização de uma seleção eficiente. Cox (1984) investigou o comportamento teórico das médias e das variâncias genéticas em populações de retrocruzamento, mostrando que a tendência, ao retrocruzar para o melhor genitor, é de haver um constante aumento da média, enquanto a variância genética aditiva decresce, principalmente de RC_1 para RC_2 . Entretanto, o autor ressalta a possibilidade de haver um aumento da variância genética com o retrocruzamento devido à oportunidade adicional de ocorrência de recombinação na meiose em plantas RC_1F_1 .

O fato de os caracteres quantitativos serem controlados por um número grande de locos aumenta a importância do retrocruzamento para recuperar alelos favoráveis do genitor superior de um cruzamento, como indicam os resultados obtidos por Bailey (1977). Esse autor, utilizando simulação, comparou a resposta à seleção a partir da geração F_2 e de populações com diferentes números de retrocruzamentos (RC_1 , RC_2 , ..., RC_n). No modelo estudado considerou que 80% dos locos favoráveis estavam fixados no genitor superior e que 20% estavam fixados no genitor inferior, e em duas situações: (i) um caráter controlado por 20 locos e (ii) um caráter controlado por 60 locos. Considerou ainda, como resposta à seleção, a probabilidade de uma linhagem recombinante apresentar mais de 80% dos locos fixados para o alelo favorável, isto é, 17 ou mais locos favoráveis no caso *i* e 49 ou mais locos favoráveis no caso *ii*. Para o primeiro caso (20 locos) verificou que esta probabilidade foi de 12% para a seleção a partir de F_2 e de 27% para a seleção a partir de RC_2 (segundo retrocruzamento). Para o segundo caso (60 locos) verificou que esta probabilidade foi menor que 0,1% para a seleção a partir de F_2 e de 17% para a seleção a partir de RC_4 (quarto retrocruzamento). Concluiu, portanto, que o melhoramento genético é tanto mais difícil quanto maior o número de locos envolvidos no controle do caráter (fato já bem conhecido) e que o uso do

retrocruzamento (um ou mais) é tanto mais importante quanto maior a quantidade de locos envolvidos no controle do caráter.

A importância do retrocruzamento para o melhoramento da produção de grãos em soja está bem documentada no trabalho de Kenworthy e Brim (1979). Estes autores cruzaram uma linhagem superior com 11 PIs (*Plant Introductions*) e em seguida retrocruzaram todos os cruzamentos para a linhagem superior, gerando populações contendo 75% dos alelos da linhagem superior. Em seguida praticaram seleção recorrente nestas populações e obtiveram, no final, muitas linhagens superiores à linhagem original. Resultados semelhantes foram relatados em aveia (LAWRENCE; FREY, 1975) e em milho (LAMBERT; LENG, 1965), reforçando a ideia da importância de uma geração de retrocruzamento para o genitor superior, em cruzamentos entre genitores com alta divergência para o caráter de interesse.

Em outro trabalho estudando a melhor forma de incorporar germoplasma exótico em populações de melhoramento, Isleib et al. (1999) determinaram as probabilidades de se recuperar progênies homozigotas desejadas em uma população de espécie autógama derivada de um cruzamento biparental, a partir da utilização de um ou mais retrocruzamentos para o melhor genitor. Eles estabeleceram que o número de ciclos de retrocruzamentos necessário é função de três fatores: (i) o número de diferenças alélicas entre os genitores (N); (ii) a proporção de alelos desejáveis no genitor superior (k); e (iii) o número de locos homozigotos para os alelos desejáveis em que uma progênie deve exceder o genitor superior para ser selecionada (n_d). Os autores mostraram que, em cruzamentos entre genitores com aproximadamente o mesmo número de alelos desejáveis (k próximo de 0,5), a geração F_2 proporciona uma maior probabilidade de recuperar os genótipos desejados. Já com valores maiores de k , a probabilidade mais alta de recuperar os alelos desejáveis do genitor superior compensa a probabilidade mais baixa de recuperar os alelos desejáveis do genitor inferior e, portanto, o retrocruzamento se torna mais interessante. Além disso, eles ressaltam que, aumentando-se N ou n_d , mais ciclos de retrocruzamentos são necessários para maximizar a probabilidade de recuperar os genótipos desejáveis e, nesses casos, a utilização de seleção assistida por marcadores seria vantajosa.

A variância genética geralmente é maior para populações derivadas de F_2 do que para populações derivadas de RC_1 , em quaisquer gerações de autofecundação ($S_1, S_2, \dots S_n$), conforme mostra Bernardo (2010), também em estudo de simulação.

O autor utilizou um modelo sem dominância e comparou os efeitos da seleção na geração F_2 e com um retrocruzamento (RC_1). Conforme o autor discute, as duas populações têm médias diferentes, isto é $\bar{F}_2 = m$ e $\overline{RC}_1 = m + (1/2) a$ (modelo sem dominância), em que m é a média dos genitores e a é metade da diferença entre as médias dos genitores. Considerando que o melhoramento genético é uma função da média da população e da resposta à seleção, e que esta é uma função da variância genética aditiva e, conseqüentemente, da herdabilidade do caráter, a vantagem de uma ou outra população depende do balanço entre estes dois parâmetros (média e herdabilidade). Entretanto, o autor também demonstra que o retrocruzamento para o genitor superior aumenta a perspectiva de sucesso no melhoramento quando um dos genitores tem desempenho superior ao outro, o que ocorre devido à maior probabilidade de fixação dos alelos favoráveis nos chamados segregantes transgressivos, especialmente em caracteres controlados por muitos locos. Assim, a tendência é que as populações derivadas de retrocruzamento sejam mais promissoras na obtenção de genótipos superiores.

O método do retrocruzamento também já foi utilizado como uma estratégia eficiente no desenvolvimento de populações segregantes promissoras em culturas como a aveia, visando a seleção de genótipos superiores, mesmo em caracteres quantitativos, como número de panículas por planta e rendimento de grãos (LORENCETTI et al., 2006). Esses autores desenvolveram diversas populações retrocruzadas a partir de cruzamentos dialélicos entre cinco genitores e compararam com populações F_3 . Na maioria dos casos, as populações retrocruzadas apresentaram médias superiores à F_3 , indicando a efetividade da utilização de ciclos de retrocruzamentos visando o incremento de alelos favoráveis ou blocos gênicos complementares no desenvolvimento de populações segregantes promissoras. Os autores ressaltam ainda que o retrocruzamento permite intensa frequência de *crossing-overs*, proporcionando alta taxa de recombinação.

Trabalhos clássicos como os de Dudley (1982) e de Lambert e Leng (1965) recomendam pelo menos uma geração de retrocruzamento para o genitor superior; por outro lado, outros autores ressaltam que a prática da seleção não deve ser feita antes de se realizar o retrocruzamento (OCHANDA et al., 2009). Estes autores realizaram um trabalho em sorgo com o objetivo de determinar se uma seleção antes do retrocruzamento geraria um número maior de progênies mais produtivas.

Foram cruzados dois acessos exóticos de sorgo com dois genitores adaptados, selecionando na geração F_2 as melhores plantas para serem retrocruzadas com o material elite correspondente. Ao mesmo tempo, foi feito o retrocruzamento do F_1 com os genitores adaptados, sem realizar seleção. Assim, puderam comparar as gerações RC_1F_1 e RC_1F_2 com e sem seleção. Entretanto, não houve uma melhora significativa em termos de desempenho agrônomo, considerando produção, altura das plantas e tempo para florescimento. Consequentemente, os autores não recomendam a prática da seleção antes de realizar o retrocruzamento.

Um exemplo de sucesso na utilização do retrocruzamento para um caráter quantitativo é o trabalho de Knott e Taludar (1971) em trigo, que objetivou transferir o elevado peso de grãos, além das suas implicações em produção e qualidade. Foram utilizados os cultivares Selkirk como genitor doador, e Thatcher como recorrente. Ao todo, foram cinco gerações de retrocruzamento para Thatcher, intercaladas com algumas gerações de autofecundação para recuperar o peso das sementes. Na média, as linhagens derivadas de retrocruzamento apresentaram pesos de sementes superiores aos do cultivar Thatcher, sem perda de qualidade, mostrando que a estratégia de utilização do retrocruzamento se mostrou eficiente para o objetivo proposto.

Outro exemplo de sucesso na utilização de retrocruzamentos para a transferência de um caráter quantitativo é a obtenção do cultivar de cevada Erbet (HOCKETT; ESLICK, 1972), em que foi feita a transferência da precocidade do cultivar Prior (genitor doador) para o cultivar Betzes (genitor recorrente). Foram feitas sete gerações de retrocruzamentos, possibilitando uma redução de oito dias na duração do ciclo comparada ao Betzes, sendo que o Prior era dez dias mais precoce. Assim, o sucesso na transferência do caráter foi próximo da totalidade (oito em dez).

2.1.2.3 Aspectos quantitativos dos retrocruzamentos

A genética quantitativa é definida como sendo o estudo do controle genético de caracteres que apresentam uma distribuição contínua em gerações segregantes. Dessa forma, como a maioria dos caracteres com os quais os melhoristas trabalham são herdados de forma quantitativa, o entendimento dos princípios da genética

quantitativa é fundamental para o planejamento eficiente de programas de melhoramento (DUDLEY, 1997). O estudo de caracteres quantitativos é realizado principalmente por meio de componentes de médias e componentes de variância.

Na seleção de genitores para cruzamentos em espécies autógamas o melhorista geralmente escolhe genótipos de alta produção. Com isso objetiva capitalizar os ganhos genéticos já obtidos com o melhoramento, visto que a média de um conjunto de linhagens endogâmicas derivadas de um cruzamento biparental é igual à média dos genitores. Exceções ocorrem quando é necessária a introdução de uma característica não existente em cultivares comerciais, ou quando se pretende ampliar a variabilidade genética. Nestes casos, frequentemente se utilizam genitores divergentes para alguma característica, como produção de grãos, dias para maturação (ciclo), altura da planta, etc.

Quando se cruzam materiais contrastantes (P_1 e P_2), gera-se uma grande variabilidade genética em F_2 , mas ocorre uma redução da média da população. Para um caráter quantitativo, isto pode ser descrito com base nas expressões apresentadas a seguir (eq. 2 a 6), considerando apenas um loco com dois alelos (KEARSEY; POONI, 1996).

Média do genitor P_1 :

$$\bar{P}_1 = m + a \quad (2)$$

Média do genitor P_2 :

$$\bar{P}_2 = m - a \quad (3)$$

Média da geração F_1 :

$$\bar{F}_1 = m + d \quad (4)$$

Média da geração F_2 :

$$\bar{F}_2 = m + (1/2) d \quad (5)$$

Variância genética na geração F_2 :

$$\sigma_{G(F_2)}^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 \quad (6)$$

Nos modelos anteriores, m é a média dos genitores (linhagens), a é o desvio dos homozigotos, d é o desvio dos heterozigotos, σ_G^2 é a variância genética total, σ_A^2 é a variância genética aditiva e σ_D^2 é a variância genética dominante. Ainda de acordo com este modelo, a é metade da diferença entre as médias dos genitores, ou seja, $[a = (1/2) (P_1 - P_2)]$. Obviamente, para um caráter quantitativo, $a = \sum a_i$ e $d = \sum d_i$, em que i é o número de locos em que os genitores são divergentes.

Com base neste modelo, se for feito um retrocruzamento para o P_1 , tem-se, teoricamente, uma redução na variância genética, mas um aumento na média da população, de acordo com as seguintes expressões (eq. 7 e 8):

Média da geração RC_1 :

$$\overline{RC}_1 = m + (1/2) a + (1/2) d \quad (7)$$

Variância genética na geração RC_1 :

$$\sigma_{G(RC_1)}^2 \cong (1/2)\sigma_A^2 + \sigma_D^2 \quad (8)$$

Desse modo, ocorre um aumento da média, devido ao componente a , mas uma redução da variância genética. Evidentemente, o componente a é tanto maior quanto mais divergentes forem os genitores.

As linhas puras aleatórias (sem seleção) derivadas do F_2 e do RC_1 (geração n) possuem as seguintes médias, respectivamente (eq. 9 e 10):

$$\overline{F}_n = m \quad (9)$$

$$\overline{RC}_n = m + (1/2) a \quad (10)$$

Portanto, a vantagem de um ou outro tipo de população é uma questão de balanço entre médias e variâncias, considerando que a média da população melhorada depende da média da população-base (original) e da resposta à seleção (eq. 11), isto é:

$$\overline{x}_m = \overline{x}_o + Rs \quad (11)$$

em que $\bar{x}_m$ é a média da população melhorada, $\bar{x}_o$ é a média da população original e R_s é a resposta à seleção.

Entretanto, é importante ressaltar novamente que esse modelo apresentado é simplificado e considera apenas um loco com dois alelos (KEARSEY; POONI, 1996). Obviamente, caracteres quantitativos são controlados por um número grande de locos (QTLs) espalhados pelo genoma, o que dificulta a aplicação desse tipo de modelo em algumas situações.

Além disso, existem outros fatores desconsiderados por esse modelo, como a ocorrência de epistasia. Quando a epistasia está presente, ela ocasiona vieses nas estimativas dos componentes de variância aditiva e de dominância e, conseqüentemente, resulta em imprecisões nas estimativas de parâmetros genéticos importantes como o coeficiente de herdabilidade e a resposta esperada com a seleção (CARLBORG; HALEY, 2004). A ocorrência de epistasia tem sido relatada em várias culturas e para diversos caracteres de importância agrônômica, entre elas, a do milho (ETA-NDU; OPENSHAW, 1999; WOLF; HALLAUER, 1997), feijão (JOHNSON; GEPTS, 2002), arroz (LI et al., 2001), tomate (CAUSSE et al., 2007), trigo (NANDA; SINGH; CHAND, 1990), entre outras. Em soja, existem trabalhos que indicam a importância dos efeitos epistáticos em caracteres quantitativos, especialmente a produção de grãos (ARAÚJO, 2006; BARONA; COLOMBARI FILHO; GERALDI, 2009; MARTIN et al., 2009), inclusive trabalhos de mapeamento de QTLs que têm detectado efeitos epistáticos significativos para esse caráter (GUZMAN et al., 2007; LARK et al., 1995; PALOMEQUE et al., 2009; SAINT MARTIN et al., 2009; WANG et al., 2009). Assim, esses efeitos podem ocasionar desvios nos resultados teóricos esperados, como, por exemplo, aumento de variabilidade (RASMUSSEN; PHILLIPS, 1997).

Em populações nas quais ocorre um processo de fixação de alelos, como naquelas que sofreram o efeito de “gargalo” (*bottleneck*) ou subdivisão, pode ocorrer uma conversão da variância genética epistática em aditiva, na qual a seleção natural atua, permitindo que essa população se adapte rapidamente a novos ambientes (GOODNIGHT, 1988). Essa conversão representa um mecanismo específico, pelo qual o progresso da seleção é mantido, apesar de haver uma base genética estreita (BERNARDO, 2010). Essa possibilidade concorda com as considerações de Rasmusson e Phillips (1997), que levantaram a hipótese de que a epistasia seja uma

das razões do contínuo sucesso dos ciclos avançados de seleção. Dessa forma, se o retrocruzamento funcionar numa população como um processo de fixação de alelos, pode ocorrer essa conversão de variâncias, aumentando o componente genético, o que jamais seria previsível naqueles modelos tradicionais simplificados.

Apesar dos modelos preverem redução da variância genética em populações retrocruzadas, existem trabalhos que contrariam essa suposição e reforçam a possibilidade de aumento. Cox e Frey (1984) verificaram que, em cruzamentos de genótipos cultivados de sorgo com raças selvagens, a variância genética para produção de grãos das linhagens derivadas de retrocruzamento foi de duas a cinco vezes maior do que aquela das linhagens derivadas do cruzamento biparental. Os autores propuseram um modelo epistático de genes regulatórios para explicar esse desvio do que era esperado na teoria. Cox (1984) ressalta a possibilidade de haver um aumento da variância genética com o retrocruzamento devido à oportunidade adicional de ocorrência de recombinação na meiose em plantas RC_1F_1 .

Por outro lado, Helms, Orf e Scott (1994) obtiveram resultados diferentes na mesma linha de pesquisa em soja. Esses autores também avaliaram linhagens derivadas de um cruzamento biparental e linhagens derivadas de um retrocruzamento, utilizando como genitores o cultivar Evans e a PI-417511, sendo o primeiro usado como recorrente. Os caracteres avaliados foram: produção de grãos, dias para maturação e altura na maturação. Para todos os caracteres, os autores encontraram variâncias genéticas bem menores entre as linhagens derivadas do retrocruzamento do que entre aquelas derivadas do F_2 . Entretanto, quando utilizaram uma função combinando média e ganho genético esperado em produção, verificaram que a população derivada do retrocruzamento foi mais promissora, com maior potencial para gerar genótipos superiores ao genitor recorrente. Dessa forma, os resultados sugeriram que o uso de PIs como genitores pode se justificar em alguns casos.

Os programas de retrocruzamento na cultura do feijoeiro são bastante comuns e aplicados com objetivos diversos, conforme demonstra a revisão apresentada por Singh (2001). Muitos deles envolvem a introgressão de caracteres entre os grupos andino e mesoamericano. Baldoni et al. (2008) realizaram retrocruzamentos entre os cultivares BRS-Radiante (andino) e Carioca-MG (mesoamericano), avaliando a eficiência de seleção em populações com diferentes proporções de cada genitor. A variância genética foi estável em todas as

populações, mas a média de produção foi inferior naquela com 50% dos alelos de ambos os genitores. Assim, os retrocruzamentos se mostraram mais eficazes para gerar linhas puras superiores, já que aumentaram as médias, sem reduzir a variância. Como o cultivar BRS-Radiante é precoce e mais produtivo, a estratégia de retrocruzar para ele uma ou duas vezes se mostrou interessante. Ramalho, Pirola e Abreu (1998) fizeram um trabalho semelhante, tentando introgridir o porte ereto das linhagens H-4 e H-15 para o cultivar Carioca-MG. As populações derivadas do retrocruzamento para as linhagens (25% dos alelos do cultivar) geraram um maior número de progênes promissoras, embora a frequência de plantas com fenótipos desejáveis tenha sido baixa.

Em outra linha de pesquisa com feijoeiro envolvendo introgressão, Rosal et al. (2000) investigaram a eficiência da seleção precoce para produção de grãos utilizando progênes derivadas da geração F_2 e de retrocruzamentos entre dois genótipos-elite: Carioca e FT-Tarumã. Foram obtidas as gerações F_2 , RC_1F_2 e RC_2F_2 , sendo que RC_1 representa o retrocruzamento para o cultivar Carioca, e o RC_2 , para o FT-Tarumã. Essas progênes foram conduzidas pelo método do *bulk* dentro de famílias F_2 e avaliadas nas gerações $F_{2:3}$, $F_{2:4}$, $F_{2:5}$ e $F_{2:6}$. Na média das gerações, os autores observaram uma maior frequência de progênes com desempenho superior entre aquelas derivadas de RC_2 (75% dos alelos do cultivar FT-Tarumã), sendo que elas superaram inclusive o genitor recorrente. Assim, mais um trabalho mostrou as vantagens do retrocruzamento na obtenção de progênes superiores em produção.

2.1.2.4 Retrocruzamento em soja

O método do retrocruzamento tem sido amplamente utilizado no desenvolvimento de novos cultivares de soja, especialmente visando a transferência de resistência a doenças, melhoria do sabor, redução do teor de ácido linolênico, redução dos teores de inibidores de proteases e aumento do teor de ácido oleico. No caso da transferência de resistência a doenças, existem vários exemplos de cultivares obtidos dessa forma, como, por exemplo, para a doença cercosporiose ou “mancha olho-de-rã” (*Cercospora sojina* Hara) foram desenvolvidos os cultivares resistentes: Doko-RC, Cariri-RC, Teresina-RC, BR-4-RC e IAS-5-RC, todos por

programas de retrocruzamento. Da mesma forma, para o cancro-da-haste (*Diaporthe phaseolorum* f. sp. *meridionalis*) foram desenvolvidos: Princesa-RCH, FT-Abyara-RCH e FT-Cristalina-RCH (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005). Muitos trabalhos também já demonstraram a possibilidade de transferir a resistência à podridão radicular de fitóftora (*Phytophthora megasperma* Drechs. var. *sojae*) para a soja por retrocruzamentos (WEHRMANN; FEHR; CIANZIO, 1988; WILCOX et al., 1971). Atualmente, um dos maiores desafios para os pesquisadores de soja é a incorporação de alelos que conferem resistência à ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) aos materiais que já estão no mercado (HYTEN et al., 2007).

Apesar da ampla utilização da seleção assistida por marcadores em programas de retrocruzamento de outras culturas, como já foi exposto, existem alguns desafios na aplicação dessas técnicas em soja, conforme relatam Orf, Diers e Boerma (2004). Estes autores afirmam que isso se deve à dificuldade em gerar uma quantidade suficiente de sementes F_1 de retrocruzamento (ou RC_1) para produzir uma população com tamanho satisfatório para praticar seleção. Ao contrário de espécies como o milho, por exemplo, é difícil produzir muitas centenas de sementes RC_1 de soja, pois cada cruzamento gera poucas delas. O problema é ainda maior quando a seleção assistida está aliada a ciclos rápidos de gerações em períodos de entressafra ou em casas de vegetação, quando se pode avançar até três gerações em um ano (FEHR, 1987). Caso isso não seja possível, a produção de sementes híbridas é difícil e cara. Por exemplo, quando um melhorista está introgridindo dois genes em um genitor recorrente, apenas um quarto dos gametas de uma planta RC_1 carregará ambos. Se a intenção é selecionar para esses genes que estão sendo introgrididos, os melhoristas precisarão gerar 459 plantas RC_1 para ter 95% de probabilidade de obter 100 plantas selecionáveis que carreguem os dois genes (FEHR, 1987; SEDCOLE, 1977).

Ainda assim, estudos recentes indicam que o método do retrocruzamento está presente em boa parte dos programas de melhoramento de soja em andamento pelo mundo. Uma pesquisa realizada entre os melhoristas dessa cultura nos Estados Unidos mostrou que 65% dos pesquisadores do setor privado utilizam esse método dentro dos programas que desenvolvem, enquanto, no setor público, esse número é ainda maior: 87% (CIANZIO, 2007). Entre os cultivares de soja norte-americanos liberados da década de 1970 até 2008, pelo menos 10% originaram de programas de retrocruzamento, desde aqueles que utilizaram apenas uma geração (5%), de

duas a quatro (3%) e cinco ou mais gerações de retrocruzamentos (2%), de acordo com os dados apresentados por Mikel et al. (2010). Todos esses dados reforçam a importância dessa metodologia para a cultura da soja.

Além disso, o trabalho de Cianzio (2007) também mostra que uma grande parte desses pesquisadores utiliza introduções (PIs) em seus programas (47% no setor privado e 73% no setor público). Isso significa que uma boa parte da utilização de retrocruzamentos provavelmente deve estar voltada à introgressão de características dessas linhagens pouco adaptadas para cultivares comerciais, visto que a base genética da cultura da soja é reconhecidamente estreita (CHUNG; SINGH, 2008; HIROMOTO; VELLO, 1986). Assim, existem muitos trabalhos nessa espécie que utilizaram retrocruzamentos entre genótipos comerciais e PIs, visando à introdução ou melhoramento de caracteres não disponíveis nos materiais-elite, entre eles: Guzman et al. (2007), Ininda et al. (1996), Kim et al. (2012), Schoener e Fehr (1979), Vello, Fehr e Bahrenfus (1984) e Wehrmann et al. (1987).

Recentemente, com a introdução dos transgênicos no mercado de sementes, tornou-se necessária a introdução desses eventos geneticamente modificados de interesse nos cultivares que já estavam no mercado, o que gerou a necessidade de utilizar o método do retrocruzamento em programas de melhoramento de soja nessa linha de pesquisa. A resistência ao glifosato é o evento mais difundido entre os transgênicos de soja (chamada de soja RR – *Roundup Ready*®), e tem sido bastante introgridido para os materiais comerciais (MIKEL et al., 2010), como é o caso do cultivar BRS-Favorita-RR, por exemplo (FRONZA et al., 2011). A utilização de seleção assistida por marcadores nesses programas de retrocruzamento também tem se mostrado de grande importância para maximizar a recuperação dos genótipos recorrentes em menos gerações (McELROY, 1999).

Muitos pesquisadores de soja já identificaram QTLs associados com a produção de grãos, sendo que a maioria desses estudos detectou esses locos de alta produção em genitores exóticos (GUZMAN et al., 2007; KIM et al., 2012; PALOMEQUE et al., 2009; SEBASTIAN et al., 2010). Porém, esses locos costumam estar fortemente ligados a outros desfavoráveis (CONCIBIDO et al., 2003) e, além disso, esse tipo de germoplasma tem alta frequência de alelos deletérios. Assim, alguns desses trabalhos também indicam a possibilidade de utilização de seleção assistida desses QTLs relacionados à produção em populações derivadas de retrocruzamento. Entretanto, a maior parte dos QTLs identificados nesses estudos

ainda não foi introgridida para cultivares comerciais ou selecionada para um programa de melhoramento, o que provavelmente se deve à falta de validação. Caracteres controlados por QTLs de baixa herdabilidade e altamente poligênicos, como a produção, são muito mais suscetíveis aos efeitos ambientais, podendo ser mascarados por fatores externos. Entretanto, Concibido et al. (2003) identificaram um QTL de produção significativo numa PI de *Glycine soja*, confirmaram o seu efeito em linhagens de retrocruzamento e introgridiram esse QTL para um germoplasma elite de *G. max*, obtendo aumentos de 9% na produtividade dos indivíduos contendo o alelo introgridido. Isso demonstra o potencial do uso de QTLs para melhorar a produção, mas é importante que eles sejam confirmados ou melhor caracterizados em seus componentes genéticos, de forma que seu potencial para aplicação nos programas de melhoramento possa ser corretamente avaliado (AINSWORTH et al., 2012).

Em um trabalho mais antigo, Carpenter e Fehr (1986) já haviam feito um trabalho semelhante, introgridindo germoplasma de *G. soja* para cultivares comerciais de *G. max*. Eles realizaram cinco gerações de retrocruzamento de dois acessos da soja selvagem com dois cultivares comerciais (Amsoy-71 e Century), avaliando cada geração para diversos caracteres. As porcentagens de progênies segregantes similares aos genitores comerciais em termos agrônômicos foram de zero para RC_0 e RC_1 , 2% em RC_2 , 22% em RC_3 , 51% em RC_4 e 65% em RC_5 . Portanto, os autores recomendaram no mínimo dois retrocruzamentos para obter algum segregante que recupere de forma satisfatória o desempenho agrônômico de progênies derivadas de *G. soja*, considerando pelo menos 50 plantas retrocruzadas em cada geração. Três retrocruzamentos seria o número ideal para obter uma alta frequência de segregantes úteis num programa de desenvolvimento de cultivares. Conforme já foi discutido, os resultados apresentados por Concibido et al. (2003) indicam que esse tipo de trabalho pode ser otimizado pelo uso da introgressão assistida.

Os trabalhos que visam associar caracteres quantitativos como alto teor de proteína e produção por meio de programas de retrocruzamento são bastante comuns em soja. Wehrmann et al. (1987) utilizaram o método na tentativa de transferir genes que aumentam o teor de proteína para três cultivares de alta produção e de ciclos diferentes, partindo de linhagens pouco adaptadas (PIs). Foram obtidas três populações formadas por cruzamentos biparentais, avançadas até a

geração F_3 e retrocruzadas duas vezes com os materiais recorrentes (mais produtivos). Os autores concluíram que a realização de dois retrocruzamentos possibilitou selecionar linhagens com maior teor proteico e produção similar aos genitores recorrentes, principalmente na população de ciclo mais tardio.

Nessa mesma linha de pesquisa, o trabalho de Wilcox e Cavins (1995) é outro caso de sucesso, em que se objetivou a transferência do caráter teor de proteína do cultivar Pando (genitor doador) para um cultivar altamente produtivo, Cutler-71 (genitor recorrente). Após três gerações de retrocruzamento, eles avaliaram progênies RC_3F_4 e encontraram linhagens altamente produtivas, similares ao genitor recorrente e com alto teor de proteína, além de uma tendência de recuperação do caráter teor de óleo. Assim, apesar das avaliações realizadas confirmarem a correlação negativa entre o teor de proteína tanto com a produção como com o teor de óleo, a presença de progênies reunindo todas as características desejáveis sugeriu a ausência de barreiras fisiológicas na combinação delas. Ao mesmo tempo, foi demonstrada a possibilidade de transferir caracteres quantitativos entre genótipos de soja por meio de retrocruzamentos.

Já Cober e Voldeng (2000) fizeram um trabalho similar utilizando os cultivares AC-Proteus (alta proteína) e Maple Glen (alta produção), porém não obtiveram nenhuma linhagem de alto teor de proteína que superasse os melhores cultivares em produção.

Conforme já foi comentado anteriormente, Kenworthy e Brim (1979) demonstraram a importância do retrocruzamento para o melhoramento da produção de grãos em soja ao cruzarem um cultivar comercial com PIs, retrocruzando em seguida com o material elite. As populações retrocruzadas geraram progênies transgressivas (superiores aos genótipos iniciais) no processo de seleção recorrente que foi aplicado em seguida, mostrando que o retrocruzamento gerou variabilidade útil e passível de seleção.

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Descrição do material experimental

O material utilizado no presente trabalho compreende dois cultivares adaptados às condições do Estado de São Paulo, escolhidos com base na divergência para vários caracteres: produção de grãos, dias para maturação e altura da planta, sendo eles EMGOPA-315 (P_1) e BRS-134 (P_2), em que o primeiro é mais produtivo, mais tardio e com plantas mais altas. Em um experimento realizado no ano agrícola 2007/08 e nos mesmos locais do presente trabalho, P_1 foi 57% mais produtivo do que P_2 (COLOMBARI FILHO; GERALDI; BARONA, 2010). A descrição dos cultivares está apresentada a seguir.

- **P_1 - EMGOPA-315 (Rio Vermelho):** Linhagem brasileira, liberada em 1998 pela extinta EMGOPA (Empresa Goiana de Pesquisa Agropecuária), proveniente do cruzamento entre Dourados(2) x [(Amambai(2) x Ocepar 9-SSI)], com flores brancas, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom escura. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), porte alto, boa ramificação, semente com formato esférico arredondado, tegumento amarelo, lustro intermediário e hilo preto. Possui resistência ao cancro-da-haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à mancha “olho-de-rã” (*Cercospora sojina*), ao oídio (*Microsphaera diffusa*) e ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* – SMV); e suscetibilidade aos nematoides de galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*).

- **P_2 - BRS-134:** Linhagem brasileira, liberada em 1998 pela EMBRAPA (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária), proveniente do cruzamento entre BR83-147 x BR84-8309, com flores brancas, hipocótilo verde, pubescência marrom e vagem marrom clara. Tem hábito de crescimento determinado, ciclo médio (131 a 140 dias), semente com formato esférico arredondado, tegumento amarelo, lustro fosco e hilo marrom. Possui resistência à pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*), ao cancro da haste (*Phomopsis phaseoli* f.sp. *meridionalis* e *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis*), à ferrugem asiática (*Phakopsora*

pachyrhizi), à mancha olho-de-rã (*Cercospora sojina*), aos vírus da necrose da haste (VNH) e ao mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* – SMV); e suscetibilidade ao oídio (*Microsphaera diffusa*) e aos nematoides de galhas *Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*).

2.2.2 Caracterização do ambiente experimental

Os experimentos foram conduzidos em dois locais, descritos a seguir e indicados no mapa da Figura 1.

2.2.2.1 Estação Sede (Departamento de Genética da ESALQ/USP)

O primeiro local é uma área experimental localizada dentro das dependências do Departamento de Genética da ESALQ/USP, no município de Piracicaba-SP. A área localiza-se na margem esquerda do rio Piracicaba, aproximadamente nas coordenadas de 22°42'13" de latitude sul e 47°38'25" de longitude oeste, a uma altitude média de 510 m acima do nível do mar, e com solo bastante argiloso.

2.2.2.2 Estação Experimental Anhumas

O segundo local é a Estação Experimental Anhumas do Departamento de Genética da ESALQ/USP, também localizado no município de Piracicaba-SP, porém a uma distância geográfica de 42 km do primeiro local, no distrito de Anhumas (extremo oeste do município), a uma altitude média de 465 m acima do nível do mar. A área localiza-se na margem direita do rio Tietê, na bacia de acumulação de Barra Bonita, aproximadamente nas coordenadas de 22°50'45" de latitude sul e 48°01'15" de longitude oeste, e com solo arenoso.

Figura 1 - Mapa da região do município de Piracicaba, mostrando a localização dos dois locais utilizados no presente trabalho (1 e 2)

2.2.3 Execução experimental

2.2.3.1 Obtenção das progênes derivadas das populações F_2 e RC_1

No ano agrícola de 2006/07 os dois genitores (P_1 : EMGOPA-315 e P_2 : BRS-134) foram cruzados em casa de vegetação para a obtenção de sementes F_1 , utilizando-se 10 vasos com plantas individuais de cada um, com semeadura escalonada no tempo, e obtendo-se, ao final, 50 sementes F_1 viáveis. No ano agrícola de 2007/08, 40 sementes de F_1 e 40 sementes de P_1 foram semeadas individualmente em vasos, na casa de vegetação. As semeaduras também foram escalonadas no tempo (entre outubro e dezembro), para conseguir o máximo de coincidência de florescimento para os dois genótipos. Na época do florescimento foram feitos os cruzamentos [$P_1 \times F_1$], utilizando P_1 como fêmea e F_1 como macho (em média quatro cruzamentos em cada planta P_1), visando obter as sementes retrocruzadas (RC_1F_1). Dessa maneira, foram obtidas nas plantas P_1 pelo menos 150 sementes RC_1F_1 e, nas plantas F_1 , pelo menos 150 sementes F_2 , por autofecundação natural. No inverno de 2008, 100 sementes F_2 e 100 sementes RC_1F_1 foram semeadas em vasos na casa de vegetação, com controle de luz e

temperatura, para a obtenção de progênies $F_{2:3}$ e progênies RC_1F_2 , oriundas das autofecundações das plantas F_2 e RC_1F_1 , respectivamente. Foram obtidas 100 progênies de cada tipo, com quantidade suficiente de sementes para o preparo de experimentos com repetições. No ano agrícola 2008/09 as progênies $F_{2:3}$ e RC_1F_2 foram semeadas no campo em linhas individuais de 2 m e, na época da maturação, colhidas em *bulk*, obtendo-se, assim, 100 progênies $F_{2:4}$ e 100 progênies RC_1F_3 .

A Figura 2, abaixo, apresenta um esquema ilustrando a obtenção das progênies.

Figura 2 - Esquema de obtenção das populações nas quais se baseia o presente trabalho

2.2.3.2 Avaliação experimental das progênies

As progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 (100 progênies de cada tipo) foram avaliadas em experimentos separados no ano agrícola de 2009/10 utilizando-se o delineamento em látice simples duplicado 10x10 (quatro repetições), em dois locais: 1) Estação Sede; e 2) Estação Anhumas. É importante considerar que, embora os dois tipos de progênies tenham sido avaliados em experimentos distintos, devido aos diferentes graus de endogamia entre elas, a instalação dos experimentos foi feita intercalando as repetições de cada experimento de forma aleatória na área experimental. Dessa forma, inicialmente foi alocada a primeira repetição sorteada de cada experimento (tipo de progênie), seguida da segunda repetição de cada experimento, e assim por diante, até a quarta repetição. Com este procedimento, foram mantidos os dois tipos de progênies separados, ao mesmo tempo em que estes ocuparam a mesma área experimental. No ano agrícola 2010/11, as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 foram avaliadas novamente na Estação Anhumas utilizando-se o mesmo tipo de experimento.

Em todos os experimentos foram utilizadas parcelas lineares de 2,0 m de comprimento espaçadas de 0,50 m, contendo, inicialmente, 45 plantas. Os experimentos foram semeados no início de novembro, com desbaste para 30 plantas por parcela, feito 30 dias após o plantio, quando as plantas estavam aproximadamente no estágio V_3 (FEHR et al., 1971). Nessa fase, também foi feita a contagem do estande inicial das parcelas para posterior utilização desses dados na correção para estande. Essa correção foi feita por meio do ajuste por covariância (PIMENTEL GOMES, 2009), utilizando-se o dado de estande inicial como covariável na análise de variância, seguindo a metodologia proposta por Vencovsky e Barriga (1992).

2.2.4 Caracteres avaliados

Em todos os experimentos, foram avaliados os seguintes caracteres:

a) Número de dias para o florescimento (DF): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a data da semeadura e o início do florescimento, em que pelo menos 50% das plantas da parcela atingiram o estágio R_1 da escala de

Fehr et al. (1971), ou seja, quando a planta apresentou uma flor aberta em qualquer nó sobre a haste principal;

b) Altura das plantas no florescimento (AF): distância (medida em centímetros) do nível do solo ao ápice da haste principal, na época de início do florescimento (estádio R_1), avaliadas por meio da média de cinco plantas aleatórias e competitivas da parcela;

c) Número de dias para a maturação (DM): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a semeadura e o início da maturação completa, quando cerca de 95% das vagens das plantas da parcela estavam maduras (secas);

d) Altura das plantas na maturação (AM): distância (medida em centímetros) do nível do solo ao ápice da haste principal, na época da maturação (estádio R_8), avaliadas por meio da média de cinco plantas aleatórias e competitivas da parcela;

e) Acamamento (AC): avaliado visualmente na maturação completa (estádio R_8), por meio de uma escala de notas visuais que varia de 1 a 5, em que a nota 1 corresponde a uma parcela com todas as plantas eretas e a nota 5 a uma parcela com todas as plantas completamente acamadas;

f) Produção de grãos (PG): avaliada por meio da pesagem (medida em gramas, utilizando de balança eletrônica) dos grãos colhidos de cada parcela (g.m^{-2}), após debulha das plantas em trilhadeira mecânica, corrigida para 13% de umidade;

g) Umidade das sementes (US): avaliada por meio da utilização do aparelho medidor de umidade Dickey-John®, modelo Multi-Grain. A medição foi feita logo em seguida à pesagem das parcelas; e

h) Estande (ST): correspondente ao número inicial de plantas na parcela de 2,0 m, avaliado logo após o desbaste para ser usado como covariável da produção.

2.2.5 Análises estatístico-genéticas

Para cada caráter foram realizadas as análises de variância individuais e conjuntas, segundo o delineamento em látice, com correção para estande (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). Para isso, foi utilizado o software estatístico SAS® para Windows (*Statistical Analysis System*, SAS Institute Inc., 2008) versão 9.2, módulo “PROC GLM”. Para o caráter acamamento (AC), as notas aplicadas na avaliação visual foram transformadas em $\sqrt{x+1}$ para ajustar os dados às exigências do modelo.

2.2.5.1 Análises individuais

O esquema da análise de variância para as progênies $F_{2:4}$ e as progênies RC_1F_3 com as respectivas esperanças dos quadrados médios está apresentado na Tabela 1, com base no seguinte modelo matemático (eq. 12), em que todos os efeitos (exceto a média) são aleatórios (COCHRAN; COX, 1966):

$$Y_{ijk} = \mu + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijk} \quad (12)$$

em que:

- Y_{ijk} é o valor observado da progênie i da repetição j e bloco k ;
- μ é a média geral (constante inerente a todas as observações);
- p_i é o efeito aleatório de progênies i ($i = 1, 2, \dots, I$, sendo $I = K^2$);
- r_j é o efeito aleatório da repetição j ($j = 1, 2, \dots, J$);
- $b_{k(j)}$ é o efeito aleatório do bloco k ($k = 1, 2, \dots, K$) dentro da repetição j ; e
- e_{ijk} é o erro experimental associado à observação Y_{ijk} .

Com base neste modelo, o esquema da análise de variância individual e as esperanças dos respectivos quadrados médios são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 - Esquema de análise de variância individual do látice, considerando o modelo aleatório

Fonte de Variação	GL	QM
Repetições (R)	$(J - 1)$	QM_R
Blocos / R	$J (K - 1)$	QM_B
Progênes (ajust.)	$(I - 1)$	QM_P
Erro Intrablocos	$(K - 1) (JK - K - 1)$	QM_E
Total	$IJ - 1$	

em que:

- QM_R é o quadrado médio de repetições;
- QM_B é o quadrado médio de blocos dentro de repetições;
- QM_P é o quadrado médio de progênes;
- QM_E é o quadrado médio do resíduo intrablocos;

2.2.5.2 Análises conjuntas

Foram realizadas as análises conjuntas considerando três ambientes: Estação Anhumas (ano 2009/10), Estação Anhumas (2010/11) e Estação Sede (2009/10) para os experimentos contendo as progênes $F_{2:4}$ e para os experimentos contendo as progênes RC_1F_3 . Essas análises também foram realizadas com o software estatístico SAS® para Windows versão 9.2 (SAS Institute Inc., 2008), com base no modelo matemático a seguir (eq. 13), em que todos os efeitos (exceto a média) são aleatórios (COCHRAN; COX, 1966):

$$Y_{ijkl} = \mu + p_i + r_{j(m)} + b_{k(jm)} + a_m + (pa)_{im} + e_{ijkm} \quad (13)$$

em que:

- Y_{ijkm} é o valor observado da progênie i na repetição j , bloco k e ambiente m ;
- μ é a média geral;
- p_i é o efeito de progênes ($i = 1, 2, \dots, I$, sendo $I = K^2$);

- $r_{j(m)}$ é o efeito de repetições dentro de ambientes ($j = 1, 2, \dots, J$);
- $b_{k(jm)}$ é o efeito de blocos dentro de repetições e ambientes ($k = 1, 2, \dots, K$);
- a_m é o efeito de ambientes ($m = 1, 2, \dots, M$);
- $(pa)_{im}$ é o efeito da interação da progênie i com o ambiente m ; e
- e_{ijkm} é o erro experimental associado à parcela $ijkm$.

Para a obtenção das esperanças matemáticas dos quadrados médios apresentadas na Tabela 2, foram adotadas as seguintes premissas:

- i) $p_i \sim \text{NID}(0, \sigma_p^2)$;
- ii) $r_{j(m)} \sim \text{NID}(0, \sigma_r^2)$;
- iii) $b_{k(jm)} \sim \text{NID}(0, \sigma_b^2)$;
- iv) $a_m \sim \text{NID}(0, \sigma_a^2)$;
- v) $(pa)_{im} \sim \text{NID}(0, \sigma_{pa}^2)$;
- vi) $e_{ijkm} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$; e
- vii) $p_i, r_{j(m)}, b_{k(jm)}, a_m, (pa)_{im}$ e e_{ijkm} são independentes.

Com base neste modelo, o esquema da análise de variância conjunta e as esperanças dos respectivos quadrados médios são apresentados na Tabela 2.

Tabela 2 - Esquema de análise de variância conjunta do látice, considerando o modelo aleatório

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Ambientes (A)	$(M - 1)$	QM_A	-
Repetições / A	$M (J - 1)$	$QM_{R(A)}$	-
Blocos / R / L	$J M (K - 1)$	$QM_{B(RA)}$	-
Progênies (P)	$(I - 1)$	QM_P	$\sigma^2 + J \sigma_{pa}^2 + JM \sigma_p^2$
P x A	$(I - 1) (M - 1)$	$QM_{P \times A}$	$\sigma^2 + J \sigma_{pa}^2$
Erro Intrablocos	$M (K - 1) (JK - K - 1)$	QM_E	σ^2
Total	$I J M - 1$		

em que:

- QM_A : Quadrado médio de ambientes;
- $QM_{R(A)}$: Quadrado médio de repetições dentro de ambientes;
- $QM_{B(RA)}$: Quadrado médio de blocos dentro de repetições dentro de ambientes;
- QM_P : Quadrado médio de progênies;
- $QM_{P \times A}$: Quadrado médio da interação progênies x ambientes;
- QM_E : Quadrado médio do resíduo intrablocos;
- σ_p^2 : Variância genética entre progênies;
- σ_{pa}^2 : Variância genética da interação progênies x ambientes; e
- σ^2 : Variância do erro experimental entre parcelas.

Foram obtidas também as médias ajustadas de todas as progênies de cada natureza, isto é, 100 progênies $F_{2:4}$ e 100 progênies RC_1F_3 .

2.2.5.2.1 Estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos

Com base nas análises de variância conjuntas (Tabela 2) foram estimados os componentes da variância fenotípica para os dois experimentos (tipo de progênie), ou seja:

- estimativa da variância do erro experimental (eq. 14),

$$\hat{\sigma}^2 = QM_E \quad (14)$$

- estimativa da variância genética da interação $P \times A$ (eq. 15),

$$\hat{\sigma}_{pa}^2 = \frac{QM_{P \times A} - QM_E}{J} \quad (15)$$

- estimativa da variância genética entre progênie (eq. 16),

$$\hat{\sigma}_p^2 = \frac{QM_P - QM_{P \times A}}{JM} \quad (16)$$

- estimativa da variância fenotípica entre médias de progênie (eq. 17),

$$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2 = \hat{\sigma}_p^2 + \frac{\hat{\sigma}_{pa}^2}{M} + \frac{\hat{\sigma}^2}{JM} = \frac{QM_P}{JM} \quad (17)$$

Vale ressaltar que as estimativas de σ_p^2 não estão inflacionadas pelo componente da interação progênie e ambientes (σ_{pa}^2), já que foram obtidas de análises conjuntas de três ambientes.

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo entre médias de progênie foram obtidos da seguinte maneira, para progênie $F_{2:4}$ (eq. 18) e progênie RC_1F_3 (eq. 19), de acordo com Vencovsky e Barriga (1992):

$$\hat{h}_{F_{2:4}}^2 \% = \frac{\hat{\sigma}_{p(F_{2:4})}^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(F_{2:4})}^2} 100 \quad (18)$$

$$\hat{h}_{RC_1F_3}^2 \% = \frac{\hat{\sigma}_{p(RC_1F_3)}^2}{\hat{\sigma}_{\bar{F}(RC_1F_3)}^2} 100 \quad (19)$$

2.2.5.2.2 Estimativas das respostas à seleção

Com base nas estimativas das herdabilidades foram obtidas as respostas esperadas com seleção (R_s) para os dois tipos de progênie (resposta unitária: eq. 20; resposta percentual: eq. 21).

$$R_s = ds \cdot \hat{h}_x^2 \quad (20)$$

$$Rs\% = \left(\frac{Rs}{\bar{x}} \right) \cdot 100 \quad (21)$$

em que ds é o diferencial de seleção (diferença entre a médias das progênes selecionadas e a média geral).

Com base nestas duas estimativas foi possível determinar se um retrocruzamento permite a obtenção de uma resposta à seleção maior, comparando-se diferentes caracteres (com diferentes herdabilidades). Para isso, as progênes de cada tipo foram classificadas em ordem decrescente de médias para o caráter PG (de maior interesse para o melhoramento), bem como as respectivas médias para os demais caracteres. Além disso, para o caráter PG foram identificadas as progênes com médias maiores do que a do genitor superior (transgressivas).

2.2.5.3 Estimativas dos erros associados às estimativas

A precisão das estimativas dos componentes de variância foi aferida pelos intervalos de confiança das mesmas a partir das análises conjuntas (três ambientes). Para as estimativas da variância do resíduo ($\hat{\sigma}^2$), da variância da interação entre progênes e ambientes ($\hat{\sigma}_{pa}^2$), da variância genética de progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) e da variância fenotípica entre médias de progênes ($\hat{\sigma}_F^2$) foram obtidos os intervalos de confiança (IC) considerando um nível de significância $\alpha = 0,05$, e mostrados nas equações 22 a 25, a seguir, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992):

$$IC(\hat{\sigma}^2)_{0,95} = \left[\frac{n\hat{\sigma}^2}{\chi_{n;0,975}^2} \leq \sigma^2 \leq \frac{n\hat{\sigma}^2}{\chi_{n;0,025}^2} \right] \quad (22)$$

$$IC(\hat{\sigma}_{pa}^2)_{0,95} = \left[\frac{n_1\hat{\sigma}_{pa}^2}{\chi_{n_1;0,975}^2} \leq \sigma_{pa}^2 \leq \frac{n_1\hat{\sigma}_{pa}^2}{\chi_{n_1;0,025}^2} \right] \quad (23)$$

$$IC(\hat{\sigma}_p^2)_{0,95} = \left[\frac{n_2 \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{n_2;0,975}^2} \leq \sigma_p^2 \leq \frac{n_2 \hat{\sigma}_p^2}{\chi_{n_2;0,025}^2} \right] \quad (24)$$

$$IC(\hat{\sigma}_F^2)_{0,95} = \left[\frac{n_3 \hat{\sigma}_F^2}{\chi_{n_3;0,975}^2} \leq \sigma_F^2 \leq \frac{n_3 \hat{\sigma}_F^2}{\chi_{n_3;0,025}^2} \right] \quad (25)$$

em que:

- n , n_1 , n_2 e n_3 são os números de graus de liberdade associado à estimativa do respectivo componente de variância;
- $\chi_{n;0,975}^2$ é o valor tabelado de χ^2 com n graus de liberdade e $\alpha = 0,975$; e
- $\chi_{n;0,025}^2$ é o valor tabelado de χ^2 com n graus de liberdade e $\alpha = 0,025$.

Os valores de n_1 e n_2 foram obtidos segundo o procedimento descrito por Satterthwaite (1946) (eq. 26 e 27), que é empregado para calcular o número de graus de liberdade associado a uma estimativa do componente de variância resultante da combinação linear de dois quadrados médios, com número de graus de liberdade conhecido.

$$n_1 = \frac{(QM_{P \times A} - QM_E)^2}{\frac{(QM_{P \times A})^2}{f_2} + \frac{(QM_E)^2}{f_3}} \quad (26)$$

$$n_2 = \frac{(QM_P - QM_{P \times A})^2}{\frac{(QM_P)^2}{f_1} + \frac{(QM_{P \times A})^2}{f_2}} \quad (27)$$

em que:

- QM_P é o quadrado médio de progênies;
- $QM_{P \times A}$ é o quadrado médio da interação Progênies x Ambientes;
- QM_E é o quadrado médio do erro experimental;
- f_1 é o número de graus de liberdade de progênies;
- f_2 é o número de graus de liberdade da interação Progênies x Ambientes; e

- f_3 é o número de graus de liberdade do erro experimental.

Para as estimativas do coeficiente de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênes foram também obtidos os intervalos de confiança (IC) considerando um nível de significância $\alpha = 0,05$, e mostrados na equação 28, a seguir, conforme sugerido por Burdick e Graybill (1992):

$$IC(\hat{h}_{\bar{x}}^2)_{0,95} = \left\{ 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_{P \times A}} \right) F_{0,975:f_1,f_2} \right]^{-1} \leq h_{\bar{x}}^2 \leq 1 - \left[\left(\frac{QM_P}{QM_{P \times A}} \right) F_{0,025:f_1,f_2} \right]^{-1} \right\} \quad (28)$$

em que:

- $F_{0,975:f_1,f_2}$ é o valor da tabela de F com $\alpha = 0,975$ associado a f_1 graus de liberdade de progênes e f_2 graus de liberdade da interação $P \times A$; e
- $F_{0,025:f_1,f_2}$ é o valor da tabela de F com $\alpha = 0,025$ associado a f_1 graus de liberdade de progênes e f_2 graus de liberdade da interação $P \times A$.

Também foram calculados os intervalos de confiança para as médias de todos os caracteres, conforme sugerido por Ramalho, Ferreira e Oliveira (2005), indicado na eq. 29, a seguir.

$$IC(\bar{x})_{0,95} = m - t_{0,025} \frac{s}{\sqrt{n}} \leq \bar{x} \leq m + t_{0,025} \frac{s}{\sqrt{n}} \quad (29)$$

em que:

- m é a estimativa por ponto da média;
- n é o número de observações;
- s é a estimativa do erro padrão da média; e
- $t_{0,025}$ é o valor da tabela de t com $\alpha = 0,05$ e $n - 1$ graus de liberdade.

2.3 Resultados e Discussão

2.3.1 Análises individuais

Nos Anexos A ao R encontram-se as análises de variância individuais para todos os caracteres em cada ambiente. Verifica-se que foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies de todos os experimentos realizados e para os seis caracteres, indicando que todas as características avaliadas apresentaram variabilidade.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) ficaram dentro dos limites aceitáveis para todos os caracteres. Para o caráter PG, que é o mais importante e crítico nesse tipo de experimento, os valores ficaram entre 15,4% e 24,0%, que podem ser considerados satisfatórios. Já para o caráter DF, variaram de 1,93% a 3,29%; para AF, de 7,81% a 10,93%; para DM, de 1,82% a 2,96%; para AM, de 7,40% a 9,78%; e para AC, de 7,77% a 9,95%. Esses valores foram de magnitudes similares aos obtidos por outros autores que trabalharam com experimentos similares, ou seja, nos mesmos locais, com o mesmo tipo de parcela e números de repetições semelhantes (ACEVEDO BARONA, 2007; ALVAREZ PARRA, 2011; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009; FARIAS, 2008).

Observando-se a fonte de variação de 'Blocos/R' (blocos dentro de repetições), conclui-se que a eficiência do controle local foi significativa para a maioria dos caracteres em todos os ambientes, sendo que em 89% das análises de variância, os testes F foram significativos e em apenas quatro análises não foram significativos (11% do total). Dessa forma, a utilização do delineamento em látice se mostrou adequada para os ambientes utilizados, tendo em vista a grande quantidade de tratamentos avaliados em cada experimento, conforme sugerem Pimentel Gomes e Garcia (2002).

2.3.2 Análises conjuntas

A seguir, estão apresentados os resultados das análises conjuntas para cada um dos seis caracteres avaliados: produção de grãos (PG), número de dias para o florescimento (DF), altura das plantas no florescimento (AF), número de dias para a

maturação (DM), altura das plantas na maturação (AM) e acamamento (AC), nesta ordem.

2.3.2.1 Produção de Grãos (PG)

Na Tabela 3 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter produção de grãos (PG). Também são mostrados os coeficientes de variação experimental, as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias.

Tabela 3 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter produção de grãos (PG), em $g.m^{-2}$

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2:4}$	Progênies RC_1F_3
Ambientes (A)	2	6.207.849,4 **	4.890.682,9 **
Repetições (R) / A	9	83.620,5 **	44.599,4 **
Blocos / A / R	108	8.824,8 **	11.291,0 **
Progênies (P)	99	18.085,3 **	33.358,0 **
P x A	198	9.640,8 **	10.581,5 **
Erro Intrablocos	766 ⁽¹⁾ / 768 ⁽²⁾	6.000,3	6.261,9
CV%	-	19,9	19,4
Média das Progênies	-	390,1 (381,0 - 399,3)	407,0 (398,0 - 416,0)
EMGOPA-315 (P_1)	-	474,8 (413,4 - 536,5)	456,7 (396,5 - 517,4)
BRS-134 (P_2)	-	401,9 (362,7 - 440,9)	425,7 (388,9 - 462,3)
Amplitude	-	196,3	256,0
Intervalo de Variação	-	293,4 - 489,7	278,8 - 534,7

** : Teste F significativo a 1%;

⁽¹⁾ : Progênies $F_{2:4}$;

⁽²⁾ : Progênies RC_1F_3 ;

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter PG foram satisfatórios nessas análises conjuntas, ficando ambos abaixo de 20% para os dois

tipos de progênies. Considerando que o caráter PG é de grande complexidade e sujeito a uma ampla gama de interferências na parte experimental, tanto em termos ambientais quanto de metodologia, é de se esperar que as análises tenham CVs% mais elevados. Os valores obtidos foram satisfatórios, comparados a outros trabalhos com o mesmo tipo de parcela (ACEVEDO BARONA, 2007; ALVAREZ PARRA, 2011; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter PG, indicando que houve diferenças significativas entre as progênies de cada tipo, o que também indica que elas apresentaram variabilidade para esse caráter, corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais. Também foram altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) as interações $P \times A$ (progênies $\times$ ambientes). Esse fato indica que os genótipos apresentaram comportamentos não consistentes entre os três ambientes e, como consequência disso, uma possível seleção nessas populações baseada em apenas um ambiente poderia levar ao descarte de genótipos superiores em produção. Conforme será visto nas tabelas seguintes, para os outros cinco caracteres ocorreu o mesmo, mostrando que todas as características avaliadas foram bastante influenciadas pelos ambientes, com as mesmas consequências já mencionadas.

As médias gerais de ambos os tipos de progênies foram elevadas, sendo elas: $390,1 \text{ g.m}^{-2}$ para progênies $F_{2:4}$ e $407,0 \text{ g.m}^{-2}$ para progênies RC_1F_3 , que correspondem a produtividades aproximadas de $3,9 \text{ t.ha}^{-1}$ para progênies $F_{2:4}$ e $4,1 \text{ t.ha}^{-1}$ para progênies RC_1F_3 . Esses valores são muito satisfatórios e estão bastante acima das produtividades médias de soja do Brasil ($2,8 \text{ t.ha}^{-1}$), do Estado de São Paulo ($2,8 \text{ t.ha}^{-1}$) e do Estado do Paraná ($3,4 \text{ t.ha}^{-1}$), que é a maior do país (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2012).

Pode-se observar uma superioridade de 4,3% na média das progênies RC_1F_3 em relação às progênies $F_{2:4}$, o que era esperado, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais produtivo, no caso, EMGOPA-315 (P_1). Observando-se os valores obtidos para os genitores, a produção média de P_1 foi de $474,8 \text{ g.m}^{-2}$ nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de $456,7 \text{ g.m}^{-2}$ nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média geral de $465,7 \text{ g.m}^{-2}$. Já a produção média do genitor P_2 (BRS-134) foi de $401,9 \text{ g.m}^{-2}$ nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de $425,7 \text{ g.m}^{-2}$ nos experimentos envolvendo progênies

RC₁F₃, resultando numa média geral de 413,8 g.m⁻², que é 11,1% inferior à média obtida para P₁. Essa diferença já era esperada, visto que os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por serem divergentes em vários caracteres, entre eles a produção de grãos.

Entretanto, vale ressaltar que os valores dos caracteres avaliados obtidos para os genitores possuem menor precisão do que a média das progênie, pois estas foram obtidas com base na média de 100 progênie repetidas quatro vezes em três ambientes (totalizando 1.200 valores), enquanto os genitores foram distribuídos entre os experimentos e fora do delineamento experimental do látice, compreendendo uma parcela de cada genitor no início, meio e fim de cada repetição (portanto três vezes), nos três ambientes, resultando em 36 valores em cada tipo de experimento (progênie), ou 72 valores no total. Assim, fica clara a existência de uma diferença na precisão dessas médias, como se pode notar nos intervalos de confiança. Essa mesma observação vale para os demais caracteres avaliados e deve ser considerada em todos eles.

A amplitude das médias de PG das progênie F_{2:4} foi de 196,3 g.m⁻², enquanto a das progênie RC₁F₃ foi de 256,0 g.m⁻², ou seja, 30,4% superior. Isso mostra que a variação de produção entre as progênie oriundas de retrocruzamento foi maior do que as oriundas de F₂. Como consequência desse fato, o intervalo de variação das progênie RC₁F₃ apresentou o valor mais baixo com 14,6 g.m⁻² a menos do que o menor valor das progênie F_{2:4} (278,8 contra 293,4 g.m⁻²); porém, nos valores mais altos, as progênie RC₁F₃ superaram as F_{2:4} em 45,0 g.m⁻² (489,7 contra 534,7 g.m⁻²). Isso mostra que o retrocruzamento gerou mais progênie superiores inclusive ao melhor genitor (P₁: 465,7 g.m⁻²).

Colombari Filho, Geraldi e Barona (2010) apresentaram estimativas de heterose obtidas para o caráter PG na geração F₁ de diferentes cruzamentos em soja, incluindo o mesmo do presente trabalho (EMGOPA-315 x BRS-134) que, no caso, foi de 34,5% em relação à média dos genitores e de 10,1% em relação ao genitor superior. Esse fato pode explicar a superioridade dos dois tipos de progênie em relação a ambos os genitores.

2.3.2.2 Número de Dias para o Florescimento (DF)

Na Tabela 4 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter Número de Dias para o Florescimento (DF). Também são mostrados os coeficientes de variação experimental, as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias.

Tabela 4 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para o florescimento (DF), em dias

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2:4}$	Progênies RC_1F_3
Ambientes (A)	2	253,12 **	1.098,35 **
Repetições (R) / A	9	27,75 **	20,93 **
Blocos / A / R	108	3,69 **	4,93 **
Progênies (P)	99	235,39 **	264,06 **
P x A	198	20,77 **	25,94 **
Erro Intrablocos	769 ⁽¹⁾ / 775 ⁽²⁾	2,07	2,79
CV%	-	2,65	2,92
Média das Progênies	-	54,4 (54,1 - 54,8)	57,3 (56,9 - 57,6)
EMGOPA-315 (P ₁)	-	60,5 (59,2 - 61,8)	59,8 (58,5 - 61,0)
BRS-134 (P ₂)	-	51,8 (51,0 - 52,7)	51,3 (50,6 - 51,9)
Amplitude	-	18,5	18,8
Intervalo de Variação	-	48,9 - 67,3	48,9 - 67,7

** : Teste F significativo a 1%;

⁽¹⁾ : Progênies $F_{2:4}$;

⁽²⁾ : Progênies RC_1F_3 ;

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter DF dessas análises conjuntas foram menores que 3% para os dois tipos de progênies e, comparados a outros trabalhos semelhantes, foram bastante satisfatórios (ACEVEDO BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , indicando que houve diferenças significativas entre as progênies de cada tipo, ou a ocorrência de variabilidade genética para esse caráter, corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais. Além disso, foram detectadas significâncias também para a interação entre progênies e ambientes ($P \times A$) nos dois tipos de progênies, indicando que estas não têm comportamento consistente entre ambientes.

As médias gerais de ambos os tipos de progênies foram elevadas, sendo elas: 54,4 dias para progênies $F_{2:4}$ e 57,3 dias para progênies RC_1F_3 . Pode-se observar uma superioridade de 5,2% na média das progênies RC_1F_3 em relação às progênies $F_{2:4}$, o que era esperado, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais tardio, que, no caso, é o EMGOPA-315 (P_1). Observando-se os valores obtidos para os genitores, o P_1 apresentou uma média de 60,5 dias nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e 59,8 dias nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 60,1 dias. Já o genitor P_2 (BRS-134) apresentou uma média de 51,8 dias nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e 51,3 dias nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 51,5 dias, que é 14,3% inferior à média obtida para P_1 . Essa diferença já era esperada, visto que os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por serem divergentes em vários caracteres, entre eles a precocidade.

A observação das amplitudes das médias e dos intervalos de variação para os dois tipos de progênies mostra que praticamente não houve nenhuma diferença entre os valores, indicando que o efeito nesse caráter não foi muito expressivo.

2.3.2.3 Altura das Plantas no Florescimento (AF)

Na Tabela 5 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter Altura das Plantas no Florescimento (AF). Também são mostrados os coeficientes de variação experimental, as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter AF dessas análises conjuntas foram menores que 10% para os dois tipos de progênies e,

comparados a outros trabalhos semelhantes, foram bastante satisfatórios (ACEVEDO BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009).

Tabela 5 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas no florescimento (AF), em cm

FV	GL	QM	
		Progênes $F_{2:4}$	Progênes RC_1F_3
Ambientes (A)	2	2.839,65 **	1.732,78 *
Repetições (R) / A	9	557,98 **	366,29 **
Blocos / A / R	108	72,20 **	107,24 **
Progênes (P)	99	651,16 **	975,68 **
P x A	198	99,47 **	149,81 **
Erro Intrablocos	770 ⁽¹⁾ / 776 ⁽²⁾	22,97	23,12
CV%	-	9,42	8,15
Média das Progênes	-	50,9 (50,2 - 51,6)	59,0 (58,2 - 59,8)
EMGOPA-315 (P_1)	-	65,3 (61,9 - 68,7)	63,8 (60,7 - 66,9)
BRS-134 (P_2)	-	44,8 (42,4 - 47,1)	42,9 (40,5 - 45,4)
Amplitude	-	37,5	34,0
Intervalo de Variação	-	38,8 - 76,3	43,2 - 77,1

** e * : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente; ⁽¹⁾ : Progênes $F_{2:4}$; ⁽²⁾ : Progênes RC_1F_3 ;

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter AF, indicando a ocorrência de variabilidade genética para esse caráter, corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais.

As médias gerais de AF foram de 50,9 cm para progênes $F_{2:4}$ e de 59,0 cm para progênes RC_1F_3 . Pode-se observar uma superioridade de 16,0% na média das progênes RC_1F_3 em relação às progênes $F_{2:4}$, o que era esperado, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais alto, no caso, EMGOPA-315 (P_1). Observando-se os valores obtidos para os genitores, a média de P_1 foi de 65,3 cm nos experimentos envolvendo progênes $F_{2:4}$ e de 63,8 cm nos experimentos envolvendo progênes RC_1F_3 , resultando numa média de 64,6 cm. Já a média do

genitor P_2 (BRS-134) foi de 44,8 cm nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 42,9 cm nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 43,9 cm, que é 32,1% inferior à média obtida para P_1 . Essa diferença já era esperada, visto que os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por serem divergentes em vários caracteres, entre eles a altura. Entretanto, conforme já foi discutido para o caráter PG, os valores obtidos para os genitores nos experimentos possuem menor precisão do que a média das progênies, devido à diferença na quantidade de amostras consideradas.

A amplitude das médias de AF das progênies $F_{2:4}$ foi de 37,5 cm, enquanto a das progênies RC_1F_3 foi de 34,0 cm, ou seja, 9,3% inferior. Já os intervalos de variação indicam que as progênies RC_1F_3 apresentaram valores mais altos de altura, tanto na média mínima quanto na máxima. Esse fato já era esperado, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais alto.

2.3.2.4 Número de Dias para a Maturação (DM)

O número de dias do plantio à maturação das plantas mostra o ciclo daquele genótipo. Na maioria dos cultivares, ele varia entre 75 e 210 dias, embora, dentro de um mesmo cultivar, esse número também pode oscilar, dependendo de fatores como clima, época de semeadura (fotoperíodo), latitude e altitude da região (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Na Tabela 6 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter Número de Dias para a Maturação (DM). Também são mostrados os coeficientes de variação experimental, as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter DM foram menores que 3% para os dois tipos de progênies e, comparados a outros trabalhos semelhantes, foram bastante satisfatórios (ACEVEDO BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter DM, indicando a ocorrência de

variabilidade genética para esse caráter e corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais.

Tabela 6 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2:4}$	Progênies RC_1F_3
Ambientes (A)	2	13.358,19 **	14.864,30 **
Repetições (R) / A	9	180,44 **	232,20 **
Blocos / A / R	108	27,09 **	28,65 **
Progênies (P)	99	321,15 **	118,29 **
P x A	198	52,86 **	24,75 **
Erro Intrablocos	771 ⁽¹⁾ / 777 ⁽²⁾	14,21	12,50
CV%	-	2,60	2,43
Média das Progênies	-	144,9 (144,4 - 145,5)	145,3 (144,8 - 145,8)
EMGOPA-315 (P_1)	-	143,1 (140,6 - 145,6)	141,7 (137,0 - 146,5)
BRS-134 (P_2)	-	132,6 (129,0 - 136,2)	133,2 (129,5 - 136,8)
Amplitude	-	24,2	15,1
Intervalo de Variação	-	133,3 - 157,4	137,6 - 152,7

** : Teste F significativo a 1%;

⁽¹⁾ : Progênies $F_{2:4}$;

⁽²⁾ : Progênies RC_1F_3 ;

As médias gerais para DM foram de 144,9 dias para progênies $F_{2:4}$ e de 145,3 dias para progênies RC_1F_3 . Pode-se observar uma pequena superioridade na média das progênies RC_1F_3 em relação às progênies $F_{2:4}$; porém, os intervalos de confiança indicam que elas não diferem significativamente. Observando-se os valores obtidos para os genitores, a média de P_1 foi de 143,1 dias nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 141,7 dias nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 142,4 dias. Já a média do genitor P_2 (BRS-134) foi de 132,6 dias nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 133,2 dias nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 132,9 dias, que é 6,7% inferior à média obtida para P_1 . Essa diferença já era esperada, visto que

os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por serem divergentes em vários caracteres, entre eles a precocidade.

A amplitude das médias das progênes $F_{2:4}$ foi 60,3% superior à das progênes RC_1F_3 (24,2 contra 15,1 dias), demonstrando que, para o caráter DM, a variação das médias foi bastante superior nas progênes $F_{2:4}$. Isso também se refletiu nos intervalos, sendo que, para as progênes $F_{2:4}$, a média inferior foi mais baixa e a média superior foi mais alta, quando comparadas àquelas das progênes RC_1F_3 .

Vale ressaltar uma peculiaridade que ocorreu no caráter DM. Como os genitores P_1 e P_2 eram de ciclos diferentes, ocorreu uma forte segregação para esse caráter dentro das progênes, o que exigiu uma colheita fracionada naquelas parcelas em que a diferença entre plantas maduras e verdes era muito alta. Assim, para as análises, foi considerada uma média de DM dentro de cada parcela onde ocorreu esse problema; porém, isso acabou nivelando os valores obtidos de forma generalizada nos experimentos. Isso pode explicar o fato de não ter havido diferença significativa para esse caráter entre os dois tipos de progênes.

2.3.2.5 Altura das Plantas na Maturação (AM)

A altura das plantas de soja, especialmente na maturação, que é a fase de colheita, é uma característica importante quando se considera a colheita mecanizada, sendo que pode variar de 20 a 150 cm ou mais, conforme o cultivar, a época de plantio, as características do solo, os fatores climáticos etc. A altura mínima desejável para a colheita mecanizada em solos de topografia plana é em torno de 50 a 60 cm, embora, na maioria das condições, as plantas de soja com cerca de 70 a 80 cm permitam uma operação mais eficiente das máquinas. Já as plantas muito acima de 100 cm tendem ao acamamento e dificultam a eficiência dessas colheitadeiras, reduzindo a produção (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Na Tabela 7 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter Altura das Plantas na Maturação (AM). Também são mostrados os coeficientes de variação experimental, as médias das progênes e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias.

Tabela 7 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progêneses $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\overline{RC_1F_3}$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progêneses para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm

FV	GL	QM	
		Progêneses $F_{2:4}$	Progêneses RC_1F_3
Ambientes (A)	2	6.275,63 **	6.384,10 **
Repetições (R) / A	9	781,01 **	581,78 **
Blocos / A / R	108	86,48 **	145,88 **
Progêneses (P)	99	1.177,83 **	679,53 **
P x A	198	56,51 **	57,32 **
Erro Intrablocos	773 ⁽¹⁾ / 781 ⁽²⁾	35,36	40,67
CV%	-	8,85	8,34
Média das Progêneses	-	67,2 (66,3 - 68,0)	76,5 (75,8 - 77,2)
EMGOPA-315 (P_1)	-	77,1 (73,8 - 80,5)	76,2 (72,3 - 80,0)
BRS-134 (P_2)	-	48,8 (46,1 - 51,4)	49,4 (47,2 - 51,7)
Amplitude	-	47,4	39,1
Intervalo de Variação	-	46,4 - 93,8	56,9 - 96,0

** : Teste F significativo a 1%;

⁽¹⁾ : Progêneses $F_{2:4}$;

⁽²⁾ : Progêneses RC_1F_3 ;

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter AM dessas análises conjuntas foram menores que 10% para os dois tipos de progêneses e, comparados a outros trabalhos semelhantes, foram bastante satisfatórios (ACEVEDO BARONA, 2007; ALVAREZ PARRA, 2011; CARVALHO, 2008; COLOMBARI FILHO, 2009).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progêneses $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter AM, indicando que houve diferenças significativas entre as progêneses de cada tipo, o que também indica que elas apresentaram uma ampla variabilidade para esse caráter, corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais.

As médias gerais de AM foram de 67,2 cm para progêneses $F_{2:4}$ e de 76,5 cm para progêneses RC_1F_3 . Pode-se observar uma superioridade de 13,9% na média de AM das progêneses RC_1F_3 em relação às progêneses $F_{2:4}$, o que era esperado, já que o

retrocruzamento foi feito para o genitor mais alto, que, no caso, é o EMGOPA-315 (P_1). Observando-se os valores obtidos para os genitores, a média de P_1 foi de 77,1 cm nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 76,2 cm nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média geral de 76,7 cm. Já o genitor P_2 (BRS-134) apresentou altura média na maturação de 48,8 cm nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 49,4 cm nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média de 49,1 cm, que é 36,0% inferior à média obtida para P_1 . Essa diferença também já era esperada, visto que os genitores utilizados neste trabalho foram escolhidos justamente por serem divergentes em vários caracteres, entre eles a altura. Entretanto, conforme já foi discutido para o caráter PG, os valores obtidos para os genitores nos experimentos possuem menor precisão do que a média das progênies, devido à diferença na quantidade de amostras consideradas.

A amplitude das médias de AM das progênies $F_{2:4}$ foi 21,2% superior à das progênies RC_1F_3 (47,4 contra 39,1 cm), demonstrando que, para o caráter AM, a variação das médias foi bastante superior nas progênies $F_{2:4}$. Já os intervalos de variação indicam que as progênies RC_1F_3 apresentaram valores mais altos de altura, tanto na média mínima quanto na máxima. Esse fato já era esperado, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais alto, e repete o que aconteceu no caráter AF.

2.3.2.6 Acamamento (AC)

O acamamento das plantas de soja é uma característica agrônômica indesejável que pode ocasionar perdas de grãos durante a colheita mecanizada. Plantas muito altas e com caule muito fino tendem ao acamamento com relativa facilidade, enquanto aquelas com caule excessivamente grosso, embora muitas vezes apresentem produção superior, acabam dificultando o corte e a debulha dentro das máquinas (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Na Tabela 8 estão apresentadas as análises de variância conjuntas (três ambientes) das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter Acamamento (AC), no qual foi utilizada a transformação do tipo $\sqrt{x+1}$. Também são mostrados os coeficientes de

variação experimental, as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias. Para os cálculos das médias, amplitudes e intervalos de variação foram considerados os valores não transformados.

Tabela 8 - Análises de variância conjuntas (três ambientes), coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies $F_{2:4}$ ($\bar{F}_{2:4}$), RC_1F_3 ($\bar{RC}_1\bar{F}_3$) e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter acamamento (AC), avaliado em notas de 1 a 5 e transformado em $\sqrt{x+1}$

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2:4}$	Progênies RC_1F_3
Ambientes (A)	2	1,6035 **	1,2844 *
Repetições (R) / A	9	0,1463 **	0,3020 **
Blocos / A / R	108	0,0403 **	0,0490 **
Progênies (P)	99	0,2666 **	0,1370 **
P x A	198	0,0372 **	0,0344 **
Erro Intrablocos	774 ⁽¹⁾ / 779 ⁽²⁾	0,0238	0,0230
CV%	-	8,85	8,35
Média das Progênies †	-	2,09 (2,04 - 2,14)	2,34 (2,29 - 2,39)
EMGOPA-315 (P ₁) †	-	2,33 (2,10 - 2,56)	2,05 (1,85 - 2,26)
BRS-134 (P ₂) †	-	1,22 (1,06 - 1,39)	1,14 (1,00 - 1,28)
Amplitude	-	2,35	1,89
Intervalo de Variação	-	1,05 - 3,40	1,46 - 3,35

** e * : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente; ⁽¹⁾ : Progênies $F_{2:4}$; ⁽²⁾ : Progênies RC_1F_3 ;

† : Médias não transformadas.

Os coeficientes de variação experimental (CV%) para o caráter AC dessas análises conjuntas foram menores que 10% para os dois tipos de progênies e bastante satisfatórios, comparados a outros trabalhos semelhantes (ACEVEDO BARONA, 2007; COLOMBARI FILHO, 2009).

Foram detectadas diferenças altamente significativas pelo teste F ($P \leq 0,01$) entre as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para o caráter AC, indicando a ocorrência de

variabilidade genética para esse caráter e corroborando com os resultados obtidos nas análises individuais.

As médias gerais foram de 2,09 para progênies $F_{2:4}$ e de 2,34 para progênies RC_1F_3 . Pode-se observar uma superioridade de 12,0% na média de AC das progênies RC_1F_3 em relação às progênies $F_{2:4}$, o que era previsto, já que o retrocruzamento foi feito para o genitor mais alto e produtivo, que, no caso, é o EMGOPA-315 (P_1) e, como se sabe, essas características têm alta correlação com o acamamento. Observando-se os valores obtidos para os genitores, a média de P_1 foi de 2,33 nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 2,05 nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média geral de 2,19. Já o genitor P_2 (BRS-134) apresentou média de nota de acamamento de 1,22 nos experimentos envolvendo progênies $F_{2:4}$ e de 1,14 nos experimentos envolvendo progênies RC_1F_3 , resultando numa média geral de 1,18, que é 46,1% inferior à média obtida para P_1 . Essa diferença já era esperada, visto que os genitores utilizados neste trabalho eram divergentes em vários caracteres, entre eles a altura e a produção, que influenciam o caráter acamamento. Entretanto, conforme já foi discutido para o caráter PG, os valores obtidos para os genitores nos experimentos possuem menor precisão do que a média das progênies, devido à diferença na quantidade de amostras consideradas.

A amplitude das médias de AC das progênies $F_{2:4}$ foi 24,3% superior à das progênies RC_1F_3 (nota 2,35 contra 1,89), demonstrando que, para o caráter AC, a variação das médias foi bastante superior naquelas oriundas de F_2 . Isso também se refletiu nos intervalos, sendo que, para as progênies $F_{2:4}$, a média inferior foi mais baixa e a média superior foi mais alta, quando comparadas àquelas das progênies RC_1F_3 .

2.3.3 Análise das médias

Na Tabela 9 estão apresentadas as médias das progênies e dos genitores, além das amplitudes e dos intervalos de variação dessas médias (valores inferiores e superiores), tanto para os experimentos com progênies $F_{2:4}$ quanto RC_1F_3 . Para os cálculos das médias, amplitudes e intervalos de variação do caráter Acamamento (AC) foram considerados os valores não transformados. As tabelas completas com as médias de todas as progênies estão apresentadas nos Anexos S e T.

Tabela 9 - Médias dos genitores EMGOPA-315 ($\bar{P}_1$) e BRS-134 ($\bar{P}_2$), média geral das progênes ($\bar{F}_{2:4}$ e $\overline{RC_1F_3}$), média das progênes superiores ($\bar{F}_{2:4(s)}$ e $\overline{RC_1F_{3(s)}}$), média das progênes inferiores ($\bar{F}_{2:4(i)}$ e $\overline{RC_1F_{3(i)}}$), amplitude das médias individuais das progênes ($\Delta\bar{F}_{2:4}$ e $\Delta\overline{RC_1F_3}$), para todos os caracteres avaliados

		PG	DF	AF	DM	AM	AC
Genitores	$\bar{P}_1$	465,7	60,1	64,6	142,4	76,7	2,19
	$\bar{P}_2$	413,8	51,5	43,9	132,9	49,1	1,18
Progênes $F_{2:4}$	$\bar{F}_{2:4}$	390,1	54,4	50,9	144,9	67,2	2,09
	$\bar{F}_{2:4(i)}$	293,4	48,9	38,8	133,3	46,4	1,05
	$\bar{F}_{2:4(s)}$	489,7	67,4	76,3	157,4	93,8	3,40
	$\Delta\bar{F}_{2:4}$	196,3	18,5	37,5	24,2	47,4	2,35
Progênes RC_1F_3	$\overline{RC_1F_3}$	407,0	57,3	59,0	145,3	76,5	2,34
	$\overline{RC_1F_{3(i)}}$	278,8	48,9	43,2	137,6	57,0	1,46
	$\overline{RC_1F_{3(s)}}$	534,7	67,7	77,1	152,7	96,0	3,35
	$\Delta\overline{RC_1F_3}$	256,0	18,8	34,0	15,1	39,1	1,89

PG: produção de grãos ($g.m^{-2}$); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Esta tabela reúne alguns valores já mostrados nas tabelas 3 a 8, mas permite uma análise comparativa do comportamento das médias de todos os caracteres. Pode-se verificar que o genitor P_1 realmente apresentou média maior do que o P_2 nos seis caracteres. Além disso, também é possível observar que a média de todos esses caracteres foi maior nas progênes RC_1F_3 do que nas progênes $F_{2:4}$, o que era esperado, exatamente pelo fato de que o genitor para o qual foi feito o retrocruzamento (P_1) apresentou média superior para essas características.

Analisando-se os valores extremos de médias dos dois tipos de progênes ($\bar{F}_{2:4(i)}$, $\bar{F}_{2:4(s)}$, $\overline{RC_1F_{3(i)}}$ e $\overline{RC_1F_{3(s)}}$), observa-se que as progênes $F_{2:4}$ apresentaram os valores mais baixos de AF, DM, AM e AC (médias inferiores), enquanto as progênes RC_1F_3 apresentaram os valores mais altos em PG, DF, AF e AM (médias superiores). Considerando o caráter PG, de maior interesse, a média da progênie RC_1F_3 superior ($\overline{RC_1F_{3(s)}}$) foi de $534,7 g.m^{-2}$, que é um valor bastante elevado e com

grande potencial para ser explorado no melhoramento, sendo quase 10% superior à progênie $F_{2:4}$ mais produtiva (489,7 g.m⁻²).

Com relação às amplitudes de variação das médias ($\Delta \overline{F}_{2:4}$ e $\Delta \overline{RC_1F_3}$), o caráter PG foi o único que apresentou um valor bem maior nas progênies RC_1F_3 do que nas progênies $F_{2:4}$. Para DF, houve um aumento muito discreto, enquanto para AF, DM, AM e AC ocorreram quedas mais pronunciadas. Esse comportamento também refletiu nas estimativas de variância genética, conforme será visto mais adiante.

2.3.3.1 Histogramas

Na Figura 3 estão apresentados os histogramas para cada tipo de progênie e também de forma sobreposta, para o caráter produção de grãos (PG), com as médias das progênies dos dois tipos ($F_{2:4}$ e RC_1F_3), além dos valores das médias dos genitores e a quantidade de progênies transgressivas (superiores ao genitor mais produtivo) em cada caso.

Observando-se os histogramas, é possível visualizar que a distribuição das progênies RC_1F_3 possui média superior à das progênies $F_{2:4}$, o que se evidencia nas classes superiores na cor azul. Consequentemente, ao observar a média do genitor superior (P_1 : EMGOPA-315), que foi de 465,7 g.m⁻², nota-se que apenas 5 progênies $F_{2:4}$ foram superiores a esse valor, contra 18 progênies RC_1F_3 . Assim, o retrocruzamento gerou mais progênies transgressivas superiores ao melhor genitor, indicando que o procedimento é adequado para a obtenção de genótipos promissores. Esse resultado concorda com o trabalho de Kenworthy e Brim (1979), que também obtiveram progênies superiores ao melhor genitor em um programa de retrocruzamento seguido de seleção recorrente em soja. Bernardo (2010) relata que populações derivadas de retrocruzamento para o genitor superior têm maior probabilidade de gerar genótipos promissores, especialmente quando um dos genitores tem desempenho superior ao outro. Isso ocorre devido à maior probabilidade de fixação dos alelos favoráveis nos chamados segregantes transgressivos, principalmente em caracteres controlados por muitos locos, como é o caso da PG.

Figura 3 - Histogramas do caráter produção de grãos (PG), em $g.m^{-2}$: a) apenas as progêneses $F_{2,4}$, com a respectiva média; b) apenas as progêneses RC_1F_3 , com a respectiva média; c) os dois tipos de progêneses juntos, mostrando a média dos genitores EMGOPA-315 (P_1) e BRS-134 (P_2) e a quantidade de progêneses transgressivas (superiores ao genitor mais produtivo - P_1), derivadas das duas populações

2.3.4 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

2.3.4.1 Estimativas da variância genética

As estimativas de variâncias genéticas são úteis para o planejamento dos programas de melhoramento, auxiliando no cálculo de resposta esperada com a seleção, no desenvolvimento de índices de seleção, na predição do desempenho de híbridos e na alocação de recursos do programa de forma mais eficiente (BERNARDO, 2010).

Na Tabela 10 estão apresentadas as estimativas das variâncias genéticas entre progênies ($\hat{\sigma}_p^2$) com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos com progênies $F_{2:4}$ e com progênies RC_1F_3 , obtidas a partir das análises de variância conjuntas de todos os caracteres avaliados.

Para o caráter PG, verifica-se que a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de $703,7 (g.m^{-2})^2$, enquanto para progênies RC_1F_3 foi de $1.898,0 (g.m^{-2})^2$, que representa um valor 2,7 vezes superior ao primeiro. Observando-se os intervalos de confiança associados às estimativas, pode-se observar que, embora haja uma pequena sobreposição desses intervalos, essa diferença é considerável, e o limite superior da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ não inclui a estimativa da variância entre as progênies RC_1F_3 , da mesma forma que o limite inferior deste não inclui a estimativa da primeira.

Já para o caráter DF, observa-se que a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de $17,88 \text{ dias}^2$, enquanto para progênies RC_1F_3 foi de $19,84 \text{ dias}^2$, que é um valor 11% superior ao primeiro. Esse aumento discreto, quando analisado conjuntamente com os intervalos de confiança, mostra-se não significativo. Portanto, pode-se considerar que, para o caráter DF, as estimativas de variância genética entre os dois tipos de progênies foram semelhantes.

Para AF, ocorreu algo semelhante ao caráter PG: a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de $45,97 \text{ cm}^2$ e entre progênies RC_1F_3 foi de $68,82 \text{ cm}^2$, que representa um valor aproximadamente 50% superior ao primeiro. Observando-se os intervalos de confiança, assim como para PG, o limite superior da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ não inclui a estimativa da variância entre as

progênies RC_1F_3 , da mesma forma que o limite inferior deste não inclui a estimativa da primeira. Apesar da sobreposição, isso indica que há uma diferença considerável entre os valores.

Tabela 10 - Estimativas da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{\sigma}_p^2$) das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		$F_{2:4}$	RC_1F_3
PG	LS	1.615,8	3.113,9
	$\hat{\sigma}_p^2$	703,7	1.898,0
	LI	421,8	1.324,1
DF	LS	25,28	27,82
	$\hat{\sigma}_p^2$	17,88	19,84
	LI	13,60	14,91
AF	LS	66,23	98,96
	$\hat{\sigma}_p^2$	45,97	68,82
	LI	33,99	50,78
DM	LS	32,36	11,66
	$\hat{\sigma}_p^2$	22,36	7,79
	LI	16,44	5,67
AM	LS	129,25	72,88
	$\hat{\sigma}_p^2$	93,44	51,85
	LI	71,59	39,37
AC	LS	0,02752	0,01323
	$\hat{\sigma}_p^2$	0,01912	0,00855
	LI	0,01426	0,00613

PG: produção de grãos [(g.m⁻²)²]; DF: número de dias para o florescimento (dias²); AF: altura das plantas no florescimento (cm²); DM: número de dias para a maturação (dias²); AM: altura das plantas na maturação (cm²); AC: acamamento [notas 1-5, transformado em $(\sqrt{x+1})^2$].

Já para o caráter DM, houve uma inversão da tendência de aumento da variância, pois a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de 22,36 dias², enquanto para progênies RC_1F_3 foi de 7,79 dias², que é 65% inferior ao primeiro valor. A análise dos intervalos de confiança também permite a conclusão de que as estimativas realmente sejam diferentes, já que os dois intervalos são totalmente independentes, ou seja, o limite inferior da estimativa da variância

genética entre progênies $F_{2:4}$ é maior do que o limite superior daquela referente às progênies RC_1F_3 .

Algo semelhante ocorreu para o caráter AM, em que a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de 93,44 cm^2 , enquanto para progênies RC_1F_3 foi de 51,85 cm^2 , ou seja, um valor 45% inferior ao primeiro. Os intervalos de confiança dessas estimativas também indicam a ocorrência de uma diferença considerável, já que ocorre uma sobreposição muito pequena, ou seja, o limite inferior da estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ (71,59) é quase igual ao limite superior daquela referente às progênies RC_1F_3 (72,88).

Da mesma forma, para o caráter AC, a tendência de redução com o retrocruzamento se manteve: a estimativa da variância genética entre progênies $F_{2:4}$ foi de 0,01912, enquanto para progênies RC_1F_3 foi de 0,00855, que representa um valor 55% inferior ao primeiro. Assim como foi observado para DM, os intervalos foram totalmente independentes, o que leva a uma conclusão mais segura de que essa diferença entre as estimativas é significativa.

A Figura 4 mostra, lado a lado, para cada caráter avaliado, a variação entre as médias e as variâncias genéticas de um tipo de progênie para o outro, permitindo a comparação visual mais imediata do comportamento de cada uma, incluindo os intervalos de confiança.

Dentre esses resultados, foram surpreendentes os comportamentos das variâncias genéticas dos caracteres PG e AF, nos quais as progênies derivadas de retrocruzamentos apresentaram valores bem superiores aos das progênies derivadas de F_2 , contrariando o comportamento esperado, com base no modelo simplificado de um loco com dois alelos (KEARSEY; POONI, 1996), que seria a redução da variância. Entretanto, conforme já foi apresentado, existem trabalhos que também observaram comportamentos semelhantes a este, em genótipos oriundos de retrocruzamento, como o de Cox e Frey (1984).

Existem diferentes explicações possíveis para estes comportamentos das variâncias genéticas. Cox (1984) ressalta a possibilidade de haver um aumento da variância genética com o retrocruzamento devido à oportunidade adicional de ocorrência de recombinação na meiose em plantas RC_1F_1 . Gaut et al. (2007) também ressaltam que a recombinação é mais importante e decisiva na genética de plantas do que se costuma considerar. Outra possibilidade seria o processo de

Figura 4 - Gráficos de comparação das médias e das variâncias genéticas entre as progênies F_{2:4} e RC₁F₃, para todos os caracteres avaliados, e respectivos intervalos de confiança ($\alpha = 0,05$)

fixação de alelos no retrocruzamento, semelhante a populações que sofreram o efeito de “gargalo” (*bottleneck*) ou subdivisão, o que pode ocasionar uma conversão da variância genética epistática em aditiva e aumentar a variância genética entre as progênes (GOODNIGHT, 1988). Essa possibilidade também é enfatizada por Rasmusson e Phillips (1997), que levantaram a hipótese de que a epistasia seja uma das razões do contínuo sucesso dos ciclos avançados de seleção nos programas de melhoramento atuais, já que a maioria deles utiliza, basicamente, combinações entre genótipos-elite. Como o retrocruzamento tem um efeito endogâmico por cruzar um genótipo com seu genitor, é possível que isso esteja ocorrendo nessa população.

O fato de ocorrer aumento mais pronunciado da variância no caráter PG pode ser devido à maior complexidade deste caráter, que é controlado por um número bem maior de locos quando comparado aos demais, o que o torna mais sujeito a eventos de ocorrência de recombinação, epistasia ou fixação de alelos. Já para o caráter AF, que também apresentou aumento de variância, os intervalos de confiança foram mais amplos e podem indicar que as estimativas não sejam muito diferentes. Ainda assim, também é um caráter de alta complexidade, sujeito a muitos fatores, entre eles o fotoperíodo, através do controle genético da duração do período juvenil (DESTRO et al., 2001), o que poderia aumentar a probabilidade de ocorrência daqueles mesmos eventos que aumentam a variância genética.

Com relação às médias, a Figura 4 permite observar que as progênes RC_1F_3 foram superiores às $F_{2:4}$ em todos os caracteres, mesmo considerando os intervalos de confiança, sendo DM a única exceção. Nesse caso, conforme já foi comentado, a pequena variação provavelmente ocorreu devido à segregação ocorrida dentro das parcelas, que exigiu avaliação fracionada e utilização de médias nas análises, o que poderia ter nivelado os valores de forma generalizada.

A Figura 5 mostra o comportamento das médias dos dois genitores, em todos os caracteres, considerando os três ambientes com quatro repetições cada, e os dois tipos de experimentos (progênes) de forma conjunta. Esses dados evidenciam o comportamento que já era esperado, ou seja, o cultivar EMGOPA-315 foi significativamente superior ao BRS-134 em todas as características avaliadas. Como já foi discutido anteriormente, ressalta-se que a baixa precisão dessas estimativas, especialmente para o caráter PG, deve-se ao fato de que as parcelas dos genitores foram alocadas nos experimentos três vezes por repetição (início, meio e fim de cada uma) e, portanto, com um número de observações muito menor do que o total

das progênies. Isso pode explicar o fato de as estimativas de médias dos genitores para PG (413,8 e 465,7 g.m⁻²) terem sido superiores às médias dos dois tipos de progênies (390,1 e 407,0 g.m⁻²).

Figura 5 - Gráficos de comparação das médias dos genitores e das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , para todos os caracteres avaliados, com os respectivos intervalos de confiança ($\alpha = 0,05$)

É interessante notar que a média do genitor P_1 (EMGOPA-315) foi superior à de P_2 (BRS-134) em todos os caracteres, e que também foram maiores do que as médias das progênies RC_1F_3 em PG, DF, AF e AM (Figura 4). Em contrapartida, as médias das progênies RC_1F_3 foram maiores, inclusive ao genitor superior (P_1), apenas em DM e AC, enquanto o genitor P_2 apresentou as menores médias de DF, AF, DM, AM e AC. Somente para o caráter PG, as progênies $F_{2:4}$ apresentaram a média mais baixa, sendo inferior inclusive ao P_2 . De forma geral, era esperado que as médias das progênies derivadas de retrocruzamento tendessem aos valores do genitor recorrente (P_1), e foi exatamente o que ocorreu. As exceções podem ser causadas pela menor precisão das estimativas dos genitores, conforme já foi discutido, e também à elevada interação $P \times A$, que foi significativa em todos os caracteres.

2.3.4.2 Estimativas da variância do erro

Na Tabela 11 estão apresentadas as estimativas das variâncias do erro entre parcelas ($\hat{\sigma}^2$) com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos com progênies $F_{2:4}$ e com progênies RC_1F_3 , obtidas a partir das análises de variância conjuntas de todos os caracteres avaliados.

Tabela 11 - Estimativas da variância do erro ($\hat{\sigma}^2$) das análises conjuntas de três ambientes envolvendo as progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		$F_{2:4}$	RC_1F_3
PG	LS	6.649,7	6.938,6
	$\hat{\sigma}^2$	6.000,3	6.261,9
	LI	5.442,0	5.679,9
DF	LS	2,30	3,09
	$\hat{\sigma}^2$	2,07	2,79
	LI	1,88	2,53
AF	LS	25,45	25,61
	$\hat{\sigma}^2$	22,97	23,12
	LI	20,84	20,98
DM	LS	15,74	13,84
	$\hat{\sigma}^2$	14,21	12,50
	LI	12,89	11,34
AM	LS	39,17	45,03
	$\hat{\sigma}^2$	35,36	40,67
	LI	32,08	36,92
AC	LS	0,0263	0,0255
	$\hat{\sigma}^2$	0,0238	0,0230
	LI	0,0216	0,0209

PG: produção de grãos [$(g.m^{-2})^2$]; DF: número de dias para o florescimento ($dias^2$); AF: altura das plantas no florescimento (cm^2); DM: número de dias para a maturação ($dias^2$); AM: altura das plantas na maturação (cm^2); AC: acamamento [notas 1-5, transformado em $(\sqrt{x} + 1)^2$].

Conforme pode ser observado nesta tabela, os valores de variâncias do erro foram sempre próximos para os dois tipos de progênies. Os intervalos de confiança comprovam que eles realmente não diferiram nos caracteres PG, AF, DM, AM e AC,

o que é favorável e indica que a precisão dos experimentos para os diferentes tipos de progênies foi semelhante, garantindo boa confiabilidade para as demais estimativas. O único caso em que os intervalos de confiança foram mutuamente exclusivos foi para o caráter DF, em que a estimativa foi de 2,07 dias² nas progênies F_{2:4} e 2,79 dias² nas progênies RC₁F₃. Por isso, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade obtidas para esse caráter devem ser observadas com cautela.

2.3.4.3 Estimativas da variância fenotípica

Na Tabela 12 estão apresentadas as estimativas das variâncias fenotípicas entre médias de progênies ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$) com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos com progênies F_{2:4} e com progênies RC₁F₃, obtidas a partir das análises de variância conjuntas de todos os caracteres avaliados.

Conforme se pode observar, as estimativas das variâncias fenotípicas apresentaram as mesmas tendências das estimativas das variâncias genéticas comentadas anteriormente, ou seja, foram superiores nas progênies RC₁F₃ comparadas às progênies F_{2:4} para os caracteres PG e AF, enquanto para DM, AM e AC foram valores inferiores nas primeiras; já para DF, os valores foram bastante próximos. Isso se deve ao fato de que, de forma geral, a influência ambiental foi similar nos dois tipos de progênies, conforme já foi comprovado pelas homogeneidades das estimativas das variâncias dos erros.

2.3.4.4 Estimativas da variância da interação P x A

Na Tabela 13 estão apresentadas as estimativas das variâncias da interação P x A ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos com progênies F_{2:4} e com progênies RC₁F₃, obtidas a partir das análises de variância conjuntas de todos os caracteres avaliados.

Com relação à magnitude das estimativas, observa-se que a maioria dos valores de $\hat{\sigma}_{pa}^2$ foram inferiores aos de $\hat{\sigma}_p^2$ (Tabela 10), sendo a única exceção dada pelo valor obtido para progênies F_{2:4} no caráter PG. Porém, considerando-se os

intervalos de confiança das estimativas, não se pode afirmar que essas variâncias realmente sejam superiores ou inferiores umas às outras, mas claramente a interação foi mais pronunciada para a produção de grãos.

Tabela 12 - Estimativas da variância fenotípica entre médias de progênie $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$) das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		$F_{2:4}$	RC_1F_3
PG	LS	2.033,8	3.751,3
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	1.507,1	2.779,8
	LI	1.161,8	2.143,0
DF	LS	26,47	29,70
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	19,62	22,00
	LI	15,12	16,96
AF	LS	73,23	109,72
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	54,26	81,31
	LI	41,83	62,68
DM	LS	36,12	13,30
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	26,76	9,86
	LI	20,63	7,60
AM	LS	132,46	76,42
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	98,15	56,63
	LI	75,67	43,65
AC	LS	0,0300	0,0154
	$\hat{\sigma}_{\bar{F}}^2$	0,0222	0,0114
	LI	0,0171	0,0088

PG: produção de grãos [(g.m⁻²)²]; DF: número de dias para o florescimento (dias²); AF: altura das plantas no florescimento (cm²); DM: número de dias para a maturação (dias²); AM: altura das plantas na maturação (cm²); AC: acamamento [notas 1-5, transformado em $(\sqrt{x+1})^2$].

De forma geral, para todos os caracteres, com exceção de AF e DM, não houve diferença significativa entre as estimativas de variância da interação PxA para progênie $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , conforme pode ser visualizado pelos intervalos de confiança. Para o caráter AF, a estimativa obtida para progênie $F_{2:4}$ foi de 19,13 cm² e para progênie RC_1F_3 foi de 31,67 cm², ou seja, houve um aumento de 65,5%, sendo que os intervalos de confiança são mutuamente excludentes. Portanto, a

variação causada pela interação P x A no caráter AF foi maior nas progênes RC₁F₃ do que nas progênes F_{2:4}. Já para o caráter DM ocorreu o inverso: a estimativa obtida para progênes F_{2:4} foi de 9,66 dias² e para progênes RC₁F₃ foi de 3,06 dias², ou seja, houve uma redução de 68,3%, sendo que os intervalos de confiança também são mutuamente excludentes. Assim, a variação devida à interação P x A no caráter DM foi maior nas progênes F_{2:4} do que nas progênes RC₁F₃, e a diferença é significativa.

Tabela 13 - Estimativas da variância da interação P x A ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) das análises conjuntas de três ambientes envolvendo as progênes F_{2:4} e RC₁F₃, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		F _{2:4}	RC ₁ F ₃
PG	LS	1.780,3	1.946,3
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	910,1	1.079,9
	LI	574,6	695,6
DF	LS	5,89	7,33
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	4,67	5,79
	LI	3,80	4,70
AF	LS	25,34	40,84
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	19,13	31,67
	LI	15,08	25,52
DM	LS	13,08	4,92
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	9,66	3,06
	LI	7,55	2,13
AM	LS	10,16	10,95
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	5,29	4,16
	LI	3,28	2,36
AC	LS	0,00671	0,00623
	$\hat{\sigma}_{pa}^2$	0,00336	0,00285
	LI	0,00206	0,00169

PG: produção de grãos [(g.m⁻²)²]; DF: número de dias para o florescimento (dias²); AF: altura das plantas no florescimento (cm²); DM: número de dias para a maturação (dias²); AM: altura das plantas na maturação (cm²); AC: acamamento [notas 1-5, transformado em $(\sqrt{x+1})^2$].

Comparando esses valores com aqueles obtidos nas estimativas das variâncias genéticas entre progênes ($\hat{\sigma}_p^2$), observa-se que o caráter PG foi o único

em que a variância da interação ($\hat{\sigma}_{pa}^2$) teve grande magnitude, sendo inclusive maior, no caso das progênes $F_{2:4}$. Isso se deve à maior complexidade do caráter PG, que é controlado por um grande número de locos e altamente suscetível a variações ambientais, que podem ter elevado a interação.

2.3.4.5 Estimativas do coeficiente de herdabilidade

Uma das principais finalidades de se estimar a herdabilidade e os parâmetros genéticos que a compõem é de se comparar os ganhos esperados com a seleção baseados em diferentes estratégias (HOLLAND; NYQUIST; CERVANTES-MARTÍNEZ, 2003).

Na Tabela 14 estão apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade entre médias de progênes, no sentido amplo, em porcentagem ($\hat{h}_x^2\%$), com seus respectivos intervalos de confiança, para os experimentos com progênes $F_{2:4}$ e com progênes RC_1F_3 , obtidas a partir das análises de variância conjuntas de todos os caracteres avaliados.

Conforme pode ser observado nos componentes da variância genética das progênes avaliadas, através das equações 34 e 35 (Apêndice A), as variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_p^2$) para os dois tipos de progênes são compostas por apenas $(1/16)\hat{\sigma}_D^2$ que pode ser considerado insignificante frente ao componente aditivo ($1\hat{\sigma}_A^2$ e $1/2\hat{\sigma}_A^2$), que tem importância na resposta à seleção esperada na homozigose. No caso das progênes RC_1F_3 , há também a presença do componente aditivo-dominante (ad), porém com coeficiente de apenas $-1/8$. Esse componente é uma parte da variância genética total referente à covariância genética entre os efeitos médios (aditivos) dos alelos e os efeitos de dominância dos homozigotos, também denominado como o termo D_1 (SOUZA JÚNIOR, 1989). Assim, as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, nesses casos, podem ser consideradas muito próximas daquelas no sentido restrito.

Conforme apresentado na tabela, todas as estimativas dos seis caracteres foram significativamente diferentes de zero ($P \leq 0,05$) nos dois tipos de progênes. Observa-se que os valores não diferiram estatisticamente entre os dois tipos para os caracteres DF, AF e DM. Já para AM e AC, os valores foram inferiores nas

progênes RC_1F_3 . Por outro lado, no caráter PG a tendência foi oposta, isto é, a estimativa da herdabilidade foi maior nas progênes RC_1F_3 . Todos esses comportamentos refletem as tendências apresentadas anteriormente para as variâncias genéticas entre as progênes ($\hat{\sigma}_p^2$) sendo, portanto, já esperadas.

Tabela 14 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidade, no sentido amplo, entre médias de progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 ($\hat{h}_x^2$), em percentagem (%), das análises conjuntas de três ambientes, com os respectivos limites superiores (LS) e inferiores (LI) dos intervalos de confiança associados às estimativas, para todos os caracteres avaliados

Caráter		$F_{2:4}$	RC_1F_3
PG	LS	61,8	77,3
	$\hat{h}_x^2$	46,7	68,3
	LI	24,2	54,9
DF	LS	93,7	93,0
	$\hat{h}_x^2$	91,2	90,2
	LI	87,5	86,0
AF	LS	89,1	89,0
	$\hat{h}_x^2$	84,7	84,6
	LI	78,3	78,2
DM	LS	88,2	85,0
	$\hat{h}_x^2$	83,5	79,1
	LI	76,6	70,2
AM	LS	96,6	94,0
	$\hat{h}_x^2$	95,2	91,6
	LI	93,2	88,0
AC	LS	90,0	82,0
	$\hat{h}_x^2$	86,1	74,9
	LI	80,2	64,3

PG: produção de grãos; DF: número de dias para o florescimento; AF: altura das plantas no florescimento; DM: número de dias para a maturação; AM: altura das plantas na maturação; AC: acamamento.

As estimativas do coeficiente de herdabilidade para o caráter produção de grãos (PG) foram de 46,7% em progênes $F_{2:4}$ e 68,3% em progênes RC_1F_3 , que podem ser consideradas altas. A produção é um caráter quantitativo, controlado por um grande número de locos, e isso faz com que o efeito do ambiente seja mais pronunciado e, conseqüentemente, a herdabilidade seja baixa. Entretanto, no

presente trabalho foram utilizados três ambientes com quatro repetições cada, o que causa uma redução das variâncias fenotípicas entre médias de progênies e explica as magnitudes mais elevadas das estimativas de herdabilidade. Diversos trabalhos na literatura apresentam estimativas de herdabilidade mais baixas para PG, entre eles os trabalhos de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963) e de Kwon e Torrie (1964), que obtiveram valores abaixo de 35%, assim como Toledo et al. (2000), que obtiveram estimativas entre 19 e 33%. Já outros autores relatam valores próximos aos apresentados aqui, como Azevedo Filho, Vello e Gomes (1998), de zero a 63%; Backes et al. (2002), de 16 a 70%; Brim (1973), de 3 a 58%; Farias Neto e Vello (2001), de 53%; e Reis et al. (2002), de 31 a 77%. Entretanto, vale ressaltar que nenhum deles utilizou progênies exatamente na mesma geração que o presente trabalho. Já Carvalho et al. (2009), também avaliando progênies $F_{2:4}$ com o mesmo tipo de parcela (1 m^2) e em diferentes ambientes, obtiveram estimativas de 52,8%, que é um valor próximo ao apresentado aqui (46,7%).

Para o caráter número de dias para o florescimento (DF), as estimativas de herdabilidade foram de 91,2% para progênies $F_{2:4}$ e de 90,2% para progênies RC_1F_3 , valores considerados altos e que não diferem estatisticamente entre si. A maioria dos trabalhos apresenta estimativas elevadas de herdabilidade para este caráter, geralmente em torno de 90%, como por exemplo Backes et al. (2002), de 70 a 96%; Brim (1973), de 65 a 91% e Reis et al. (2002), de 82 a 98%. Entre os estudos realizados nos mesmos ambientes e com o mesmo tipo de parcela deste trabalho, Carvalho (2008) também avaliou progênies $F_{2:4}$ e obteve estimativas de 85% para DF, enquanto Colombari Filho (2009) obteve estimativas variando de 62 a 98% em progênies $F_{2:3}$.

De forma semelhante, para o caráter altura de plantas no florescimento (AF), as estimativas de herdabilidade foram quase idênticas: de 84,7% para progênies $F_{2:4}$ e de 84,6% para progênies RC_1F_3 , que podem ser consideradas altas e que, obviamente, não diferem estatisticamente entre si. A maior parte dos trabalhos na literatura também apresenta estimativas elevadas de herdabilidade para AF, geralmente acima de 80%, como por exemplo Backes et al. (2002), de 73 a 96%, e Reis et al. (2002), de 80 a 90%. Considerando os trabalhos realizados nos mesmos ambientes e com o mesmo tipo de parcela do presente trabalho, Carvalho (2008) obteve estimativas de 78% para AF, enquanto Colombari Filho (2009) obteve estimativas variando de 56 a 90%.

Com relação ao caráter número de dias para a maturação (DM), as estimativas de herdabilidade mais uma vez foram bastante elevadas: 83,5% para progênies $F_{2:4}$ e 79,1% para progênies RC_1F_3 , não diferindo estatisticamente entre si, novamente. Outros trabalhos com soja também apresentam estimativas elevadas de herdabilidade para DM, como Backes et al. (2002), de 47 a 80% e Reis et al. (2002), de 86 a 98%. Já entre os estudos com ambientes e parcelas semelhantes ao presente trabalho, Carvalho (2008) obteve estimativas de 75% para DM em progênies $F_{2:4}$, enquanto Colombari Filho (2009) obteve estimativas variando de 49 a 93% em progênies $F_{2:3}$.

Para o caráter altura das plantas na maturação (AM), as estimativas de herdabilidade foram ainda maiores do que as demais: 95,2% para progênies $F_{2:4}$ e 91,6% para progênies RC_1F_3 , concordando novamente com a maioria dos trabalhos de soja semelhantes, como Backes et al. (2002), com valores de 59 a 92% e Reis et al. (2002), de 86 a 98%. Entre os trabalhos mais parecidos com o atual, Carvalho (2008) obteve estimativas de 86% para AM em progênies $F_{2:4}$, enquanto Colombari Filho (2009) e Alvarez Parra (2011), trabalhando com progênies $F_{2:3}$, obtiveram estimativas variando de 30 a 84% e de 58 a 88%, respectivamente.

Finalmente, para o caráter acamamento (AC), as estimativas de herdabilidade foram de 86,1% para progênies $F_{2:4}$ e de 74,9% para progênies RC_1F_3 , também consideradas altas, porém, inferior na última, o que reflete a diferença das variâncias genéticas ($\hat{\sigma}_p^2$) entre elas. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade para acamamento variam muito entre diferentes trabalhos. Isso se deve à forma subjetiva da avaliação (por meio de notas), além da dependência de condições ambientais que provoquem a manifestação do caráter de forma diferenciada nos genótipos (por exemplo: fertilidade do solo e incidência de ventos ou chuvas fortes). Brim (1973) apresentou estimativas variando de 43 a 75% em diversos trabalhos, enquanto Farias Neto e Vello (2001) obtiveram valores de 45 e 52%. Colombari Filho (2009) obteve estimativas ainda mais baixas, variando de 0 a 58%, em progênies $F_{2:3}$ avaliadas no mesmo ambiente e com parcelas iguais às deste estudo. Já Bárbaro et al. (2007) obtiveram estimativas de 81%, portanto, mais altas e próximas às apresentadas aqui.

2.3.5 Resposta à seleção

Foi simulada uma porcentagem de seleção no caráter PG de 20%, isto é, a seleção das vinte progênies superiores, e calculadas as respostas à seleção utilizando as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo. Como já foi discutido, esses valores podem ser considerados muito próximos das herdabilidade no sentido restrito. Assim, os resultados podem ser considerados aproximações das respostas esperadas na homozigose completa.

Na Tabela 15 estão apresentadas as vinte progênies $F_{2:4}$ superiores para o caráter PG, em ordem decrescente, com suas respectivas médias para os demais caracteres, além das médias das progênies selecionadas ($\bar{x}_s$), das médias de todas as progênies $F_{2:4}$ ($\bar{x}_o$), os diferenciais de seleção (ds), as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para cada caráter ($\hat{h}_x^2\%$), as respostas à seleção em valor absoluto (Rs) e percentual (Rs%), além das estimativas de médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$).

A Tabela 15 também indica as progênies que apresentaram média de PG superior ao melhor genitor, sendo, dessa forma, designadas como transgressivas (T). Conforme foi discutido anteriormente (no item 2.3.3.1), entre as progênies $F_{2:4}$ ocorreram apenas 5 progênies transgressivas.

O mesmo princípio foi aplicado às progênies RC_1F_3 . Na Tabela 16, são apresentadas as médias e os resultados, considerando uma porcentagem de seleção de 20%.

Observando-se as progênies RC_1F_3 , fica evidente a superioridade dos valores de PG, quando comparados às progênies $F_{2:4}$, pois as médias das 20 melhores progênies foram, respectivamente, de 485,3 g.m⁻² contra 453,3 g.m⁻², ou seja, uma diferença de 32 g.m⁻² ou 7%. Além da grande diferença no número de segregantes transgressivas para PG (dezoito contra cinco), pode-se observar que, dentro dessas dezoito progênies RC_1F_3 transgressivas, cinco apresentaram PG maior do que 500 g.m⁻², que é um valor bastante elevado (equivalente a 5 t.ha⁻¹). Portanto, são genótipos com grande potencial para gerar materiais muito produtivos e possíveis cultivares.

Tabela 15 - Lista das 20 progênies $F_{2:4}$ com os maiores valores de PG (ordem decrescente), com suas respectivas médias dos demais caracteres (DF, AF, DM, AM e AC), estimativas das médias das 20 progênies ($\bar{x}_s$), das médias originais das progênies $F_{2:4}$ ($\bar{x}_o$), das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$), diferencial de seleção (ds), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies ($\hat{h}_x^2\%$), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%)

Progenie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
6 ^T	489,7	66,6	76,3	151,2	93,8	2,61
41 ^T	489,1	54,6	53,8	151,8	71,7	2,23
10 ^T	484,6	60,9	56,8	145,0	68,4	2,42
44 ^T	469,8	63,0	70,3	153,8	84,3	2,51
64 ^T	468,8	62,9	70,7	144,5	81,1	3,02
4	460,6	54,6	51,0	147,1	74,4	2,18
21	458,6	53,4	53,2	138,2	62,8	1,68
11	457,9	67,3	64,9	153,3	81,6	2,49
80	455,6	61,1	60,6	149,9	71,9	2,14
29	454,7	53,5	51,5	143,4	70,7	2,59
66	448,7	55,0	54,9	148,0	75,6	2,78
89	446,6	50,4	50,5	142,9	65,2	1,81
74	444,4	51,4	48,8	145,4	73,8	2,15
35	442,9	60,8	65,4	146,0	76,1	2,32
45	439,8	53,5	48,6	143,0	67,1	1,95
12	435,3	50,3	50,0	137,5	62,0	1,31
56	432,9	60,0	50,6	145,3	64,2	2,51
92	431,0	51,8	51,1	143,5	66,6	2,43
1	427,8	54,0	46,8	138,6	55,9	1,50
50	426,2	53,1	48,5	145,1	66,7	2,00
$\bar{x}_s$	453,3	56,9	56,2	145,7	71,7	2,23
$\bar{x}_o$	390,9	54,5	51,1	145,0	67,2	2,09
d _s	62,4	2,4	5,2	0,7	4,5	0,14
$\hat{h}_x^2\%$	46,7	91,2	84,7	83,5	95,2	86,1
Rs	29,1	2,2	4,4	0,6	4,2	0,12
Rs%	7,5	4,1	8,6	0,4	6,3	5,7
$\hat{\bar{x}}_m$	420,0	56,7	55,4	145,6	71,5	2,21

PG: produção de grãos ($g.m^{-2}$); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).

^T Progênies transgressivas para o caráter PG (superiores ao melhor genitor).

Tabela 16 - Lista das 20 progênies RC₁F₃ com os maiores valores de PG (ordem decrescente), com suas respectivas médias dos demais caracteres (DF, AF, DM, AM e AC), estimativas das médias das 20 progênies ($\bar{x}_s$), das médias originais das progênies RC₁F₃ ($\bar{x}_o$), das médias da população melhorada ($\hat{\bar{x}}_m$), diferencial de seleção (ds), estimativas do coeficiente de herdabilidade entre médias de progênies ($\hat{h}_x^2\%$), resposta esperada com a seleção (Rs) e resposta percentual (Rs%)

Progênie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
5 ^T	534,7	62,4	71,3	146,2	86,7	2,83
62 ^T	528,7	62,9	66,7	138,7	79,8	2,31
17 ^T	526,1	58,6	62,3	142,7	75,3	2,22
70 ^T	510,4	63,5	74,2	148,3	89,0	2,58
27 ^T	501,4	60,5	69,8	142,9	87,6	2,43
78 ^T	499,6	61,7	71,0	148,3	85,2	2,51
83 ^T	488,4	63,5	69,8	144,8	83,4	2,22
97 ^T	485,5	59,7	64,9	144,3	83,6	1,98
57 ^T	483,4	60,2	68,3	145,2	82,9	2,25
2 ^T	479,1	60,5	63,7	141,8	77,3	2,40
88 ^T	476,8	60,9	69,6	148,8	87,2	2,37
18 ^T	475,0	62,8	70,4	144,0	84,2	2,58
4 ^T	468,8	51,4	51,6	141,5	78,3	2,21
14 ^T	468,2	61,1	62,9	141,9	76,8	2,94
79 ^T	467,4	60,6	64,2	138,7	77,1	2,06
3 ^T	466,8	60,9	61,6	148,3	80,6	2,45
38 ^T	466,5	59,1	66,1	137,6	75,0	2,05
89 ^T	463,8	59,4	60,8	149,9	75,8	2,67
65	457,9	57,9	59,4	141,8	70,5	2,08
43	456,5	60,4	67,4	143,9	80,8	2,51
$\bar{x}_s$	485,3	60,4	65,8	144,0	80,9	2,38
$\bar{x}_o$	407,4	57,3	59,1	145,3	76,5	2,34
d _s	77,9	3,1	6,7	-1,3	4,4	0,04
$\hat{h}_x^2\%$	68,3	90,2	84,7	79,1	91,6	74,9
Rs	53,2	2,8	5,7	-1,0	4,0	0,03
Rs%	13,1	4,9	9,7	-0,7	5,2	1,2
$\hat{\bar{x}}_m$	460,6	60,1	64,8	144,3	80,5	2,37

PG: produção de grãos (g.m⁻²); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).

^T Progênies transgressivas para o caráter PG (superiores ao melhor genitor).

Comparando-se os valores absolutos e relativos de resposta à seleção dos dois tipos de progênies, observa-se que a superioridade das progênies RC₁F₃ em relação às progênies F_{2:4} é notável. Com porcentagem de seleção de 20%, a Rs

obtida com as progênies $F_{2:4}$ para PG foi de $29,1 \text{ g.m}^{-2}$ (7,5%) contra $53,2 \text{ g.m}^{-2}$ (13,1%) com RC_1F_3 , que representa uma superioridade de 82,8%. Em termos práticos, um aumento de $53,2 \text{ g.m}^{-2}$ equivale a um aumento de $0,532 \text{ t.ha}^{-1}$ na produtividade. A análise da produtividade média de soja no Brasil nos últimos 15 anos mostra que houve um aumento de cerca de 1 t.ha^{-1} (CONAB, 2012). Já o trabalho de Wilcox (2001) apresenta os avanços de produtividade dos cultivares liberados nos Estados Unidos e Canadá num período de 60 anos, indicando que o aumento médio anual fica na faixa de 20 a 30 kg.ha^{-1} (2 a 3 g.m^{-2}), ou 1% ao ano. Carvalho et al. (2009) também trabalharam com progênies $F_{2:4}$ de soja e simularam porcentagens de seleção mais brandas (40 e 50%), obtendo respostas esperadas próximas a 6%, portanto inferiores às obtidas aqui. Essas informações demonstram que os resultados obtidos no presente trabalho são significativos frente a outros ganhos já observados.

A análise dos outros caracteres apresentados nas tabelas também permite algumas observações interessantes. Com relação à DF e DM, as variações foram de baixa magnitude, o que indica poucas consequências da seleção em produção no ciclo. Já sobre a altura das plantas (AF e AM), a resposta percentual (Rs%) mais elevada ocorreu em progênies RC_1F_3 , em que houve aumento de 9,7% em AF, ou seja, 5,7 cm, contra 8,6% de aumento nas progênies $F_{2:4}$. Entretanto, esse aumento não se repetiu em AM, que é um caráter de maior importância prática para o melhoramento, juntamente com AC. Esses caracteres apresentaram aumentos de, respectivamente, 6,3% e 5,7% nas progênies $F_{2:4}$, e de 5,2% e 1,2% nas progênies RC_1F_3 . Alturas e notas elevadas de acamamento podem significar uma desvantagem no melhoramento, já que os genótipos de soja muito altos ou muito acamados são indesejáveis por aumentar as perdas na colheita.

As progênies mais interessantes devem reunir características como alta produção, menor altura e menor acamamento. Observando-se apenas as progênies transgressivas para PG, é possível identificar algumas progênies com médias de AM menores do que P_1 (76,7 cm), o que seria vantajoso. Entre as progênies RC_1F_3 , três transgressivas para PG apresentaram AM inferior a esse valor (progênies 17, 38 e 89), enquanto, entre as $F_{2:4}$, foram encontradas duas (progênies 41 e 10). Portanto, é possível encontrar genótipos que reúnam as características de interesse e que são promissoras ao melhoramento da soja.

Além disso, é preciso analisar as estimativas das médias esperadas das populações melhoradas ($\hat{x}_m$), já que os dois tipos de progênies partem de médias originais diferentes ($\overline{F}_{2:4} = 390,1 \text{ g.m}^{-2}$ e $\overline{RC_1F_3} = 407,0 \text{ g.m}^{-2}$), ou seja, já superiores naquelas derivadas de retrocruzamento. Conforme os resultados apresentados nas Tabelas 15 e 16, pode-se observar que a média esperada da população melhorada com a seleção das 20 progênies RC_1F_3 superiores em PG foi de $460,6 \text{ g.m}^{-2}$ enquanto a média esperada com a seleção das 20 progênies $F_{2:4}$ superiores foi de $420,0 \text{ g.m}^{-2}$, ou seja, a população melhorada derivada do retrocruzamento teria uma produção 9,7% superior à população melhorada derivada de F_2 . Resultados semelhantes já foram obtidos em trabalhos como o de Concibido et al. (2003), que alcançou 9% de aumento na produção em soja através de seleção de QTLs assistida por marcadores.

A comparação entre os dois tipos de progênie relacionada ao caráter PG e aos outros caracteres selecionados indiretamente estão resumidas na Tabela 17.

Tabela 17 - Superioridade percentual da estimativa da média da população melhorada obtida com a seleção nas progênies RC_1F_3 em relação à média obtida com as progênies $F_{2:4}$, para o caráter PG e os demais caracteres selecionados indiretamente, considerando a porcentagem de seleção de 20%

PG	DF	AF	DM	AM	AC
9,7	6,0	16,9	- 0,9	12,6	7,2

Pode-se observar, portanto, que a superioridade da média esperada na população melhorada oriunda das progênies RC_1F_3 fica próxima de 10% no caráter PG, e um pouco maior para as alturas (AF e AM). Isso significa que a seleção das progênies superiores em produção acarreta uma resposta correlacionada na altura das plantas, o que não é desejável.

A resposta indireta de altura (AF e AM) devida à seleção em produção (PG) era esperada, pois é de amplo conhecimento que as plantas mais altas também costumam ser mais produtivas, devido às correlações positivas entre estes caracteres. Diversos trabalhos já demonstraram que existe uma elevada correlação genética entre esses caracteres, desde publicações antigas e tradicionais como as de Johnson, Robinson e Comstock (1955), Anand e Torrie (1963) e de Kwon e Torrie

(1964), até outras mais recentes, como as de Backes et al. (2002) e de Farias (2008).

Entretanto, a magnitude do aumento de altura na maturação nas progêneses RC₁F₃ foi de apenas 4 cm, frente a 53,2 g.m⁻² de aumento na produção, enquanto nas progêneses F_{2:4} o aumento em AM foi de 4,2 cm e apenas 29,1 g.m⁻² em PG. Geralmente, a altura mínima das plantas de soja deve ser de 50 a 60 cm, sendo o tamanho ideal entre 70 e 80 cm, enquanto alturas superiores a 100 cm já provocam maior acamamento e perdas na colheita (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005). Unêda-Trevisoli et al. (2010) avaliaram 19 cultivares comerciais de soja no Estado de São Paulo e obtiveram uma média de altura na maturação de 88 cm. Portanto, uma altura de 80,5 cm ainda pode ser considerada adequada, especialmente quando se leva em conta a produção de 460,6 g.m⁻², que equivale a 4,6 t.ha⁻¹ ou 77 sc.ha⁻¹. Esse valor é bastante superior à média nacional de produtividade (3,1 t.ha⁻¹), bem como às médias do Estado de São Paulo (2,8 t.ha⁻¹) e do Paraná (3,4 t.ha⁻¹), que é a maior do Brasil, segundo dados da CONAB referentes à safra 2010/11. Também é superior aos valores apresentados por Unêda-Trevisoli et al. (2010), cuja produtividade média dos 19 cultivares foi de 3,1 t.ha⁻¹ e a máxima de 3,9 t.ha⁻¹. Além disso, ficou próximo ao valor recorde de produtividade de soja obtido na região Sudeste na safra 2011/12, que foi de 83,9 sc.ha⁻¹ (Desafio Nacional de Máxima Produtividade – CESB, 2012).

Ainda assim, visando reduzir o impacto do aumento da produção de forma indesejável em caracteres como altura e acamamento, é possível simular uma seleção baseada no desempenho das progêneses nessas características. Existem algumas metodologias que permitem a seleção simultânea de diversos caracteres através de índices de seleção, conforme relatam os trabalhos de Garcia (1998) e de Santos (2005). Porém, a maioria desses índices é específica para a aplicação em programas de seleção recorrente ou seleção de genótipos fixados, um pouco diferente do que se tem no presente trabalho. Portanto, uma alternativa possível é o estabelecimento de limites de seleção para os caracteres secundários e proceder com os cálculos de resposta à seleção semelhantes aos que já foram apresentados.

Considerando que os caracteres mais importantes dentro de um programa de melhoramento de soja são DM, AM, AC e PG, os caracteres relacionados ao florescimento serão desconsiderados. Assim, tomando-se como base as médias obtidas no genitor superior EMGOPA-315 (P₁), que é um cultivar comercial, têm-se

os valores de 465,7 g.m⁻² de produção, 142,4 dias para maturação, 76,7 cm de altura e uma nota de acamamento de 2,19. Conforme já foi discutido, o maior problema relacionado às alturas muito elevadas das plantas de soja se deve ao maior acamamento, que aumenta as perdas na colheita. Portanto, a seleção de genótipos com notas menores de acamamento se mostra mais importante do que, necessariamente, os mais baixos. Assim, para definir os limites de seleção, estabeleceu-se uma tolerância de apenas 5% para AC em torno da média de P₁, o que resulta numa nota máxima em torno de 2,30. Para AM, a tolerância foi definida como 10%, resultando no máximo em torno de 85 cm. Já para o caráter DM, observa-se que a variação nas médias dentro das 20 melhores progênes de cada tipo foi pequena, não ultrapassando os 10%. Portanto, esse caráter será desconsiderado nessa seleção.

Assim, utilizando-se os critérios apresentados, e selecionando-se as cinco melhores progênes de cada tipo que melhor se encaixaram dentro dos limites propostos, seriam obtidos os seguintes valores, apresentados na Tabela 18.

Tabela 18 - Desempenho das cinco progênes selecionadas com base nos caracteres PG, DM, AM, e AC, médias das progênes selecionadas ($\bar{x}_s$), resposta esperada com a seleção (Rs), resposta percentual (Rs%) e média esperada da população melhorada ($\hat{x}_m$) para todos os caracteres

Progênie F _{2:4}	PG	DM	AM	AC	Progênie RC ₁ F ₃	PG	DM	AM	AC
41	489,1	151,8	71,7	2,23	62	528,7	138,7	79,8	2,31
4	460,6	147,1	74,4	2,18	17	526,1	142,7	75,3	2,22
21	458,6	138,2	62,8	1,68	83	488,4	144,8	83,4	2,22
80	455,6	149,9	71,9	2,14	97	485,5	144,3	83,6	1,98
89	446,6	142,9	65,2	1,81	57	483,4	145,2	82,9	2,25
$\bar{x}_s$	462,1	146,0	69,2	2,01	$\bar{x}_s$	502,4	143,1	81,0	2,20
Rs	33,3	0,8	1,9	-0,07	Rs	64,9	-1,7	4,1	-0,11
Rs%	8,5	0,6	2,8	-3,4	Rs%	15,9	-1,2	5,4	-4,6
$\hat{x}_m$	424,2	145,8	69,1	2,02	$\hat{x}_m$	472,3	143,6	80,6	2,23

PG: produção de grãos (g.m⁻²); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Os resultados dessa seleção direcionada para as características de maior interesse podem ser comparados com os anteriores (Tabelas 15 e 16). Pode-se notar que as médias esperadas das populações melhoradas foram semelhantes ou ligeiramente superiores na seleção direcionada, para os dois tipos de progênies, ou seja, valores maiores de PG, muito próximos de DM e AM, e mais baixos de AC, exatamente conforme o desejado.

Comparando-se os resultados da Tabela 18 entre os dois tipos de progênies, é possível concluir que as progênies RC_1F_3 continuam mostrando mais vantagens na média esperada da população melhorada em relação às $F_{2:4}$, já que se mostraram cerca de 11,3% mais produtivas e sem problemas relacionados ao ciclo (cerca de 145 dias) e às alturas na maturação, que se mantiveram abaixo de 80 cm, além do acamamento em níveis razoáveis. Apesar de as progênies RC_1F_3 selecionadas terem gerado uma população com nota de acamamento 10,5% maior do que as progênies $F_{2:4}$, o valor obtido (2,23) ainda é considerado tolerável, já que indica plantas mais eretas do que prostradas (considerando que as notas vão de 1 a 5). Além disso, a vantagem obtida com a produção é considerável, já que uma média de $472,3 \text{ g.m}^{-2}$ supera inclusive a média obtida com P_1 ($465,7 \text{ g.m}^{-2}$), que é o melhor cultivar utilizado no trabalho. Esse fato reforça a possibilidade de obtenção de novos materiais que superam o genitor superior a partir da população retrocruzada.

Outro fato interessante é que, entre as melhores progênies RC_1F_3 selecionadas, duas tiveram PG superior a 520 g.m^{-2} (progênies 62 e 17), que são valores bastante elevados, enquanto a progênie $F_{2:4}$ superior produziu $489,1 \text{ g.m}^{-2}$. Além disso, pode-se destacar a progênie 97, que possui nível de PG semelhante à melhor progênie $F_{2:4}$, porém com nota de acamamento mais baixa, de apenas 1,98, indicando que pode ser um genótipo com grande potencial, aliando alta produção com acamamento reduzido.

2.3.6 Considerações finais

Os resultados apresentados indicam que o retrocruzamento gerou um número maior de progênies com potencial de originar linhagens superiores de soja, pois, conforme foi mostrado por meio dos histogramas, ocorreram 18 progênies RC_1F_3 transgressivas (superiores ao P_1 : EMGOPA-315), contra apenas cinco progênies $F_{2:4}$.

Esse fato pode ser explicado pelo comportamento da variância genética, que foi superior entre as progênes RC_1F_3 . Isso contrariou a expectativa teórica, baseada no modelo simplificado de um loco com dois alelos. Entretanto, conforme foi discutido, existem diversos fatores que podem causar desvios nesse tipo de modelo, como a ocorrência de recombinação e de epistasia, ou seja, a interação entre alelos de locos diferentes. No caso de caracteres quantitativos como PG, a probabilidade de ocorrência desses fatores se torna muito maior, já que há um número bem maior de locos envolvidos no controle do caráter.

Diversos trabalhos em soja já indicaram a importância dos efeitos epistáticos em caracteres quantitativos, especialmente a produção de grãos (ARAÚJO, 2006; BARONA; COLOMBARI FILHO; GERALDI, 2009; MARTIN et al., 2009), inclusive trabalhos de mapeamento de QTLs que têm detectado efeitos epistáticos significativos para esse caráter (GUZMAN et al., 2007; LARK et al., 1995; PALOMEQUE et al., 2009; SAINT MARTIN, 2009; WANG et al., 2009). Assim, esses efeitos podem ocasionar desvios nos resultados teóricos esperados, como, por exemplo, aumento de variabilidade (RASMUSSEN; PHILLIPS, 1997). Além disso, o retrocruzamento pode ter funcionado como um efeito de “gargalo” na população em estudo, o que poderia estar convertendo a variância epistática aditiva x aditiva em variância aditiva, aumentando os resultados de resposta à seleção (GOODNIGHT, 1988).

Uma consideração importante a se fazer é que, devido ao fato de as gerações utilizadas neste trabalho terem sido conduzidas em *bulk*, ao atingirem a homozigose em gerações futuras (como $F_{2:6}$ e RC_1F_5 , por exemplo), ainda será possível realizar seleção dentro das progênes, pois ainda haverá variabilidade entre as plantas (linhas puras). Isso pode permitir a obtenção de genótipos ainda mais vantajosos, já que essa variabilidade “dentro” ainda não foi explorada no esquema proposto até aqui. Nas equações 38 e 39 (Apêndice A) estão apresentadas as variâncias genéticas dentro das progênes avaliadas.

A simulação de possíveis formas de se realizar a seleção nas populações obtidas revelou o grande potencial das progênes derivadas de retrocruzamento em gerar genótipos promissores em produção de grãos, que é a característica de maior interesse no melhoramento. Porém, a seleção baseada no desempenho de outros caracteres também demonstrou a possibilidade de agregar outras vantagens nesses genótipos, como a redução de ciclo, altura e acamamento.

Também vale ressaltar que as estimativas de resposta à seleção obtidas devem ser consideradas como aproximações. Isso porque, para calculá-las, foi considerada apenas as herdabilidades no sentido amplo, já que elas podem ser consideradas boas aproximações daquelas no sentido restrito, afinal, os coeficientes da variância aditiva para as gerações utilizadas são bem maiores do que os demais. Em compensação, como os experimentos foram instalados em três ambientes, foi eliminado o componente da interação $P \times A$, o que aumenta a confiabilidade das estimativas de herdabilidade.

Em resumo, os resultados indicam que, partindo-se de genitores contrastantes, um retrocruzamento para o genitor superior pode produzir um número maior de segregantes transgressivos e com maiores potenciais produtivos, o que deverá redundar em um número maior de linhagens superiores no final do processo de endogamia. Esses resultados têm suporte da literatura, conforme relata Bailey (1977) que concluiu, com base em estudos de simulação, que a vantagem de um retrocruzamento é tanto maior quanto mais complexo for o caráter, isto é, quanto maior o número de locos envolvidos, que é o caso da produção de grãos (PG). Conclusões semelhantes foram apresentadas por Kenworthy e Brim (1979) em soja, que obtiveram muitas linhas puras superiores e transgressivas, a partir de diversos cruzamentos biparentais seguidos de um retrocruzamento para o genitor mais produtivo. Na mesma linha de raciocínio, outros autores também conseguiram sucesso nesse tipo de programa, como Lambert e Leng (1965) em milho e Lawrence e Frey (1975) em aveia, ambos para produção de grãos. Outros exemplos de sucesso, porém com a transferência da alta concentração de proteína em soja, são os trabalhos de Wehrmann et al. (1987) e Wilcox e Cavins (1995).

Sendo assim, a estratégia de realizar um retrocruzamento para o genitor superior antes da seleção, além de aumentar a média da população, pode acarretar também um aumento da variabilidade e, conseqüentemente, a obtenção de mais progênies transgressivas para produção, o que pode favorecer a obtenção de linhagens promissoras para os programas de melhoramento de soja.

3 CONCLUSÃO

Os resultados obtidos no presente trabalho permitem concluir que um retrocruzamento para o genitor mais produtivo antes do início da seleção, em um programa de melhoramento genético de soja, é uma boa estratégia para aumentar a frequência de genótipos mais produtivos e, portanto, aumentar a eficiência da seleção.

REFERÊNCIAS

- ACEVEDO BARONA, M.A. **Epistasia e interação por locais para a produção de grãos em soja**. 2007. 81 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2007.
- AINSWORTH, E.A.; YENDREK, C.R.; SKONECZKA, J.A.; LONG, S.P. Accelerating yield potential in soybean: potential targets for biotechnological improvement. **Plant, Cell and Environment**, Nottingham, v. 35, n. 1, p. 38-52, Jan. 2012.
- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1999. 254 p.
- ALVAREZ PARRA, R.M. **Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos em soja**. 2011. 99 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.
- ANAND, S.C.; TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison, v. 3, n. 6, p. 508-511, Nov. 1963.
- ARAÚJO, P.A. **Deteção da epistasia para produção de grãos e caracteres agrônômicos em soja**. 2006. 78 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.
- AZEVEDO FILHO, J.A.; VELLO, N.A.; GOMES, R.L.F. Estimativas de parâmetros genéticos de populações de soja em solos contrastantes na saturação de alumínio. **Bragantia**, Campinas, v. 57, n. 2, p. 227-239, ago.1998.
- BACKES, R.L.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D.; TEIXEIRA, R.C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 49, n. 282, p. 201-216, fev. 2002.
- BAILEY, T.B. Jr. Selection limits in self-fertilizing populations following the cross of homozygous lines. In: INTERNATIONAL CONFERENCE ON QUANTITATIVE GENETICS, 1976, Ames. **Proceedings...** Ames: Iowa State University Press, 1977. p. 399-412.
- BALDONI, A.B.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.F.B. Allele frequency and selection efficiency in cross populations of Andean x Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L. Fabales, Fabaceae). **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 31, n. 4, p. 914–919, Dec. 2008.
- BÁRBARO, I.M.; CENTURION, M.A.P.C.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F₅ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 313, p. 250-261, maio 2007.

BARONA, M.A.A.; COLOMBARI FILHO, J.M.; GERALDI, I.O. Epistasia para a produção de grãos em soja. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 2, p. 313-318, abr. 2009.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2nd ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 390 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005. 525 p.

BRIGGS, F.N. The use of the backcross in crop improvement. **The American Naturalist**, Chicago, v. 72, n. 740, p. 285-292, May 1938.

BRIGGS, F.N.; ALLARD R.W. The current status of the backcross method of plant breeding. **Agronomy Journal**, Madison, v. 45, n. 4, p.131-138, Apr. 1953.

BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding in soybeans. In: CALDWELL, B.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, 1973. chap. 5, p. 155-186.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: Editora UFLA, 2006. 319 p.

BURDICK, R.K.; GRAYBILL, F.A. **Confidence intervals on variance components**. New York: Marcel Decker, 1992. 211 p.

CARLBORG, O; HALEY, C.S. Epistasis: too often neglected in complex trait studies? **Nature Reviews Genetics**, London, v. 5, p. 618-624, Aug. 2004.

CARPENTER, J.A.; FEHR, W.R. Genetic variability for desirable agronomic traits in populations containing *Glycine soja* germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 26, n. 4, p. 681-686, July 1986.

CARVALHO, A.D.F. **Avaliação da eficiência do teste precoce no melhoramento genético de soja**. 2008. 102 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

CARVALHO, A.D.F.; GERALDI, I.O.; SANTOS, V.S. Avaliação de progênies F_{2:4} e F_{4:6} da soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 4, p. 857-861, nov. 2009.

CASAO, M.C.; IGARTUA, E.; KARSAL, I.; BHAT, P.R.; CUADRADO, N.; GRACIA, M.P.; LASA, J.M.; CASAS, A.M. Introgression of an intermediate VRNH1 allele in barley (*Hordeum vulgare* L.) leads to reduced vernalization requirement without affecting freezing tolerance. **Molecular Breeding**, Berlim, v. 28, n. 4, p. 475-484, Dec. 2011.

CAUSSE, M.; CHAÏB, J.; LECOMTE, L.; BURET, M.; HOSPITAL, F. Both additivity and epistasis control the genetic variation for fruit quality traits in tomato. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 115, n. 3, p. 429-442, June 2007.

CIANZIO, S.R. Soybean breeding achievements and challenges. In: KANG, M.S.; PRIYADARSHAN, P.M. (Ed.) **Breeding major food staples**. Ames: Blackwell Publishing, 2007. chap. 9, p. 245-273.

CHUNG, G.; SINGH, R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Amsterdam, v. 27, n. 5, p. 295-341, Sept. 2008.

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, Jan. 2000.

COCHRAN, W.G.; COX, G.M. **Experimental design**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1966. 611 p.

COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Madison: National Academy of Science, 1963. p. 53-94.

COLLARD, B.C.Y.; MACKILL, D.J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London**. Series B, Biological Sciences, v. 363, n. 1491, p. 557-572, Feb. 2008.

COLLARD, B.C.Y.; JAHUFER, M.Z.Z.; BROUWER, J.B.; PANG, E.C.K. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. **Euphytica**, Wageningen, v. 142, n. 1, p. 169-196, Jan. 2005.

COLOMBARI FILHO, J.M. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. 2009. 97 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

COLOMBARI FILHO, J.M.; GERALDI, I.O.; BARONA, M.A.A. Heterose e distâncias genéticas moleculares para a produção de grãos em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 940-945, jul. 2010.

COMITÊ ESTRATÉGICO SOJA BRASIL. **Resultados do desafio nacional de máxima produtividade, safra 2011/2012**: ganhadores nacionais de soja não irrigada. Disponível em: <<http://www.desafiosoja.com.br/ganhadores2012.aspx>> Acesso em: 25 out. 2012.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/12_01_12_16_18_25_sojaseriehist.xls> Acesso em: 24 jan. 2012.

CONCIBIDO, V.C.; LA VALLEE, B.; MCLAIRD, P.; PINEDA, N.; MEYER, J.; HUMMEL, L.; YANG, J.; WU, K.; DELANNAY, X. Introgression of a quantitative trait locus for yield from *Glycine soja* into commercial soybean cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 106, n. 4, p. 575-582, Feb. 2003.

COX, T.S. Expectations of means and genetic variances in backcross populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 68, n. 1/2, p. 35-41, May 1984.

COX, T.S.; FREY, K.J. Genetic variation for grain yield and related traits in sorghum introgression populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 68, n. 1/2, p. 145-153, May 1984.

DESTRO, D.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; KIIHL, R.A.S.; ALMEIDA, L.A. Photoperiodism and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 1, p. 72-92, Jan. 2001.

DUDLEY, J.W. Theory of transfer of alleles. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 3, p. 631-636, May 1982.

_____. Quantitative genetics and plant breeding. **Advances in Agronomy**, San Diego, v. 19, p. 1-20, 1997.

ETA-NDU, J.T.; OPENSHAW, S.J. Epistasis for grain yield in two F_2 populations of maize. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 346-352, Mar. 1999.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FARIAS, G.J. **Avaliação de progênies $F_{2:4}$ de uma população de soja e perspectivas de melhoramento**. 2008. 61 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

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, jul. 2001.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: MacMillan, 1987. 536 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E.; BURMOOD, D.T.; PENNINGTON, J.S. Stages of development descriptions for soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 6, p. 929-931, Nov. 1971.

FRIEBE, B.; QI, L.L.; LIU, C.; LIU, W.X.; GILL, B.S. Registration of a hard red winter wheat genetic stock homozygous for ph1b for facilitating alien introgression for crop improvement. **Journal of Plant Registrations**, Madison, v. 6, n. 1, p. 121-123, Jan. 2012.

FRISCH, M.; BOHN, M.; MELCHINGER, A.E. Comparison of selection strategies for marker-assisted backcrossing of a gene. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 5, p. 1295-1301, Sept. 1999.

FRONZA, V.; ARANTES, N.E.; MELO, C.L.P.; ZITO, R.K.; ZANETTI, A.L. Extensão de indicação da cultivar de soja BRS Favorita RR para os Estados de São Paulo (região norte) e de Mato Grosso do Sul. In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 32., 2011, São Pedro. **Resumos...** Londrina: Embrapa Soja, 2011. Resumo 84.

GARCIA, A.A.F. **Índice para a seleção de cultivares**. 1998. 112 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

GAUT, B.S.; WRIGHT, S.I.; RIZZON, C.; DVORAK, J.; ANDERSON, L.K. Recombination: an underappreciated factor in the evolution of plant genomes. **Nature Reviews Genetics**, London, v. 8, n. 1, p. 77-84, Jan. 2007.

GEPTS, P.; HANCOCK, J. The future of plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 4, p. 1630-1634, July 2006.

GOODNIGHT, C. Epistasis and the effect of founder events on the additive genetic variance. **Evolution**, Cambridge, v. 42, n. 3, p. 441-454, 1988.

GUIMARÃES, C.T.; SCHUSTER, I.; MAGALHÃES, J.V.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Marcadores moleculares no melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Ed.) **Marcadores moleculares**. 2. ed. Viçosa: Folha de Viçosa, 2009. cap. 4, p. 129-175.

GUZMAN, P.S.; DIERS, B.W.; NEECE, D.J.; SAINT-MARTIN, S.K.; LEROY, A.R.; GRAU, C.R.; HUGHES, T.J.; NELSON, R.L. QTL associated with yield in three backcross-derived populations of soybean. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 1, p. 111-122, Jan. 2007.

HANSON, W.D. Early generation analysis of lengths of heterozygous chromosome segments around a locus held heterozygous with backcrossing or selfing. **Genetics**, Bethesda, v. 44, n. 5, p. 833-837, Sept. 1959.

HALLAUER, A.R. Evolution of plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 11, n. 3, p. 197-206, Sept. 2011.

HARLAN, H.V.; POPE, M.N. The use and value of back-crosses in small-grain breeding. **Journal of Heredity**, Washington, v. 13, n. 7, p. 319-322, July 1922.

HELMS, T.C., ORF, J.H., SCOTT, R.A. Predicted and actual yield advance in a biparental and backcross-derived soybean population. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 74, n. 1, p. 15-18, Jan. 1994.

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 295-306, June 1986.

HOCKETT, E.A.; ESLICK, R.F. Registration of Erbet barley. **Crop Science**, Madison, v. 12, n. 5, p. 712-713, Sept. 1972.

HOLLAND, J.B.; NYQUIST, W.E.; CERVANTES-MARTÍNEZ, C.T. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. In: JANICK, J. (Ed.) **Plant breeding reviews**. Hoboken: John Wiley, 2003. v. 22, chap. 2, p. 9-112.

HOSPITAL, F.; CHARCOSSET, A. Marker-assisted introgression of quantitative trait loci. **Genetics**, Bethesda, v. 147, n. 3, p. 1469-1485, Nov. 1997.

HYTEN D.L.; HARTMAN, G.L.; NELSON, R.L.; FREDERICK, R.D.; CONCIBIDO, V.C.; NARVEL, J.M.; CREGAN, P.B. Map location of the *Rpp1* locus that confers resistance to soybean rust in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 47, n. 2, p. 837-838, Mar. 2007.

ININDA, J.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R.; SCHNEBLY, S.R. Genetic gain in soybean populations with different percentages of plant introduction parentage. **Crop Science**, Madison, v. 36, n. 6, p. 1470-1472, Nov. 1996.

ISLEIB, T.G. Recovery of superior homozygous progeny from biparental crosses and backcrosses. **Crop Science**, Madison, v. 39, n. 2, p. 558-563, Mar. 1999.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy Journal**, Madison, v. 47, n. 10, p. 477-483, Oct. 1955.

JOHNSON, W.C.; GEPTS, P. The role of epistasis in controlling seed yield and other agronomic traits in an Andean× Mesoamerican cross of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 125, n. 1, p. 69-79, Jan. 2002.

KANG, M.S.; SUBUNDHI, P.K.; BAISAKH, N.; PRIYADARSHAN, P.M. Crop breeding methodologies: classic and modern. In: KANG, M.S.; PRIYADARSHAN, P.M. (Ed.). **Breeding major food staples**. Ames: Blackwell, 2007. chap. 1, p. 5-40.

KEARSEY, M.J.; POONI, H.S. **The genetical analysis of quantitative traits**. London: Chapman & Hall, 1996. 381 p.

KENWORTHY, W.J.; BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 3, p. 315-318, May 1979.

KIM, K.S.; DIERS, B.W.; HYTEN, D.L.; ROUF MIAN, M.A.; SHANNON, J.G.; NELSON, R.L. Identification of positive yield QTL alleles from exotic soybean germplasm in two backcross populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 125, n. 6, p. 1353-1369, Oct. 2012.

KNOTT, D.R.; TALUKDAR, B. Increasing seed weight in wheat and its effect on yield, yield components, and quality. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 2, p. 280-283, Mar. 1971.

KWON, S.H.; TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 2, p. 196-198, Mar. 1964.

LAMBERT, R.J.; LENG, E.R. Backcross response of two mature plant traits for certain corn-teosinte hybrids. **Crop Science**, Madison, v. 5, n. 3, p. 239-241, May 1965.

LARK, K.G.; CHASE, K.; ADEL, F.; MANSUR, L.M.; ORF, J.H. Interactions between quantitative trait loci in soybean in which trait variation at one locus is conditional upon a specific allele at another. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, Washington, v. 92, n. 10, p. 4656-4660, May 1995.

LAWRENCE, P.K.; FREY, W.R. Backcross variability for grain yield in oat species crosses (*Avena sativa* L. x *A. sterilis* L.). **Euphytica**, Wageningen, v. 24, n. 1, p. 77-85, Jan. 1975.

LI, Z.K.; LUO, L.J.; MEI, H.W.; WANG, D.L.; SHU, Q.Y.; TABIEN, R.; ZHONG, D.B.; YING, C.S.; STANSEL, J.W.; KHUSH, G.S.; PATERSON, A.H. Overdominant epistatic loci are the primary genetic basis of inbreeding depression and heterosis in rice. I. Biomass and grain yield. **Genetics**, Bethesda, v. 158, n. 4, p. 1737-1753, Aug. 2001.

LORENCETTI, C.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; VALÉRIO, I.P.; HARTWIG, I.; MARCHIORO, V.S.; VIEIRA, E.A. Retrocruzamento como uma estratégia de identificar genótipos e desenvolver populações segregantes promissoras em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 36, n. 4, p. 1118-1125, ago. 2006.

MATHER, K.; JINKS, J.L. **Biometrical genetics**. 3rd ed. London: Chapman and Hall, 1982. 396 p.

MIAN, M.A.R.; COOPER, R.L.; DORRANCE, A.E. Registration of stout-Rps1k soybean germplasm line. **Journal of Plant Registrations**, Madison, v. 2, n. 3, p. 255-257, Sept. 2008.

MIKEL, M.A.; DIERS, B.W.; NELSON, R.L.; SMITH, H.H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soybean germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1219-1229, July 2010.

McELROY, D. Moving agbiotech downstream. **Nature Biotechnology**, New York, v. 17, n. 11, p. 1071-1074, Nov. 1999.

MOOSE, S.P.; MUMM, R.H. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. **Plant Physiology**, Rockville, v. 147, p. 969-977, July 2008.

NANDA, G.S.; SINGH, G.; CHAND, K. Detection of components of genetic variation and prediction of the frequencies of transgressive segregants in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). **Journal of Genetics & Breeding**, Rome, v. 44, n. 1, p. 63-66, Jan. 1990.

OCHANDA, N.; YUA, J.; BRAMEL, P.J.; MENKIR, A.; TUINSTRA, M.R.; WITT, M.D. Selection before backcross during exotic germplasm introgression. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 112, n. 1, p. 37-42, Apr. 2009.

ORF, J.H.; DIERS, B.W.; BOERMA H.R. Genetic improvement: Conventional and molecular-based strategies. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production, and uses**. 3rd ed. Madison: ASA; CSSA; SSSA, 2004. chap. 9, p. 417–450.

PALOMEQUE, L.; LI-JUN, L.; LI, W.; HEDGES, B.; COBER, E.R.; RAJCAN, I. QTL in mega-environments: I. Universal and specific seed yield QTL detected in a population derived from a cross of high-yielding adapted × high-yielding exotic soybean lines. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 119, n. 3, p. 417-427, Aug. 2009.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451 p.

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, 309 p.

POEHLMAN, J.M. **Breeding field crops**. 3rd ed. New York: Van Nostrand Reinhold, 1987. 724 p.

RAMALHO, M.A.P.; LAMBERT, E.S. Biometria e o melhoramento de plantas na era da genômica. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 3, n. 2, p. 228-249, maio 2004.

RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA, D.F.; OLIVEIRA, A.C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. 2. ed. Lavras: UFLA, 2005. 300 p.

RAMALHO, M.A.P.; PIROLA, L.H.; ABREU, A.F.B. Alternativas na seleção de plantas de feijoeiro com porte ereto e grão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, n. 12, p. 1989-1994, dez. 1998.

RASMUSSEN, D.C.; PHILLIPS, R.L. Plant breeding progress and genetic diversity from de novo variation and elevated epistasis. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 2, p. 303-310, Mar. 1997.

REIS, E.F.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 4, p. 749-761, jul. 2002.

ROSAL, C.J.S.; RAMALHO, M.A.P.; GONÇALVES, M.A. ABREU, A.F.B. Seleção precoce para a produtividade de grãos no feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 189-195, ago. 2000.

SAINT MARTIN, S.K.; XIE, F.T.; ZHANG, H.J.; ZHANG, W.; SONG, X.J. Epistasis for quantitative traits in crosses between soybean lines from China and the United States. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 1, p. 20-28, Jan. 2009.

SANTOS, V.S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. 2005. 104 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2005.

SAS INSTITUTE. **SAS/STAT® 9.2: user's guide**. Cary, 2008.

SATTERTHWAITE, R.E. An approximate distribution of estimates of variance components. **Biometrics**, Washington, v. 2, n. 6, p. 110-114, Dec. 1946.

SCHLEGEL, R.H.J. **Dictionary of plant breeding**. 2nd ed. Boca Raton: CRC Press, 2010. 571 p.

SCHOENER, C.S.; FEHR, W.R. Utilization of plant introductions in soybean breeding populations. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 2, p. 185-188, Mar. 1979.

SEBASTIAN, S.A.; STREIT, L.G.; STEPHENS, P.A.; THOMPSON, J.A.; HEDGES, B.R.; FABRIZIUS, M.A.; SOPER, J.F.; SCHMIDT, D.H.; KALLEM, R.L.; HINDS, M.A.; FENG, L.; HOECK, J.A. Context-specific marker-assisted selection for improved grain yield in elite soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1196-1206, July 2010.

SEDCOLE, J.R. Number of plants necessary to recover a trait. **Crop Science**, Madison, v. 17, n. 4, p. 667-668, July 1977.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-603.

SIMONS, M.D. Transfer of field resistance to *Puccinia coronata* from *Avena sterilis* to cultivated oats by backcrossing. **Phytopathology**, Lancaster, v. 75, n. 3, p. 314-317, Mar. 1985.

SINGH, S.P. Broadening the genetic base of common bean cultivars: a review. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1659-1675, Nov. 2001.

SINGH, S.P.; SCHWARTZ, H.F. Breeding common bean for resistance to diseases: a review. **Crop science**, Madison, v. 50, n. 6, p. 2199-2223, Nov. 2010.

_____. Review: breeding common bean for resistance to insect pests and nematodes. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 91, n. 2, p. 239-250, Mar. 2011.

SOUZA JÚNIOR, C.L. **Componentes da variância genética e suas implicações no melhoramento vegetal**. Piracicaba: FEALQ, 1989. 134 p.

_____. Melhoramento de espécies alógamas. In: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. **Recursos genéticos e melhoramento: plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 159-199.

STAM, P.; ZEVEN, A.C. The theoretical proportion of the donor genome in near-isogenic lines of self-fertilizers bred by backcrossing. **Euphytica**, Wageningen, v. 30, n. 2, p. 227-238, June 1981.

TANKSLEY, S.D.; NELSON, J.C. Advanced backcross QTL analysis: a method for the simultaneous discovery and transfer of valuable QTLs from unadapted germplasm into elite breeding lines. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 92, n. 2, p. 191-203, Feb. 1996.

TOLEDO, J.F.F.; ARIAS, C.A.A.; OLIVEIRA, M.F.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z.F.S. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 9, p. 1783-1796, Sept. 2000.

UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; CARDOSO, G.K.R.; DI MAURO, A.O.; BLAT, S.F.; BÁRBARO, I.M.; PINHEIRO, J.B.; NASCIMENTO, A.F. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia: FATEC/JP**, São Paulo, v. 1, n. 1, p. 50-57, dez. 2010.

VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.B. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introduction. **Crop Science**, Madison, v. 24, n. 3, p. 511-514, May 1984.

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

VISARADA, K.B.R.S.; MEENA, K.; ARUNA, C.; SRUJANA, S.; SAIKISHORE, N.; SE ETHARAMA, N. Transgenic breeding: perspectives and prospects. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 5, p. 1555-1563, Sept. 2009.

VISSCHER, P.M.; HALEY, C.S.; THOMPSON, R. Marker-assisted introgression in backcross breeding programs. **Genetics**, Bethesda, v. 144, n. 4, p. 1923-1932, Dec. 1996.

WANG, B.; CHEE, P.W. Application of advanced backcross quantitative trait locus (QTL) analysis in crop improvement. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, Sapele, v. 2, n. 8, p. 221-232, Aug. 2010.

WANG, J.; SINGH, R.P.; BRAUN, H.J.; PFEIFFER, W.H. Investigating the efficiency of the single backcrossing breeding strategy through computer simulation. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 118, n. 4, p. 683-694, Feb. 2009.

WEHRMANN, V.K.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R. Analysis of strategies for transfer of an allele for resistance to *Phytophthora* rot in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 28, n. 2, p. 248-250, Mar. 1988.

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, Sept. 1987.

WILCOX, J.R. Sixty years of improvement in publicly developed elite soybean lines. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 6, p. 1711-1716, Nov. 2001.

WILCOX, J.R.; CAVINS, J.F. Backcrossing high seed protein to a soybean cultivar. **Crop Science**, Madison, v. 35, n. 5, p. 1036-1041, July 1995.

WILCOX, J.R.; PROBST, A.H.; ATHOW, K.L.; LAVIOLETTE, F.A. Recovery of the recurrent parent phenotype during backcrossing in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 4, p. 502-507, July 1971.

WOLF, D.P.; HALLAUER, R. Triple testcross analysis to detect epistasis in maize. **Crop Science**, Madison, v. 37, n. 3, p. 763-770, May 1997.

YOUNG, N.D.; TANKSLEY, S.D. RFLP analysis of the size of chromosomal segments retained around the Tm2 locus of tomato during backcross breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 77, n. 3, p. 353-359, Mar. 1989.

ZEVEN, A.C.; KNOTT, D.R.; JOHNSON, R. Investigation of linkage drag in near isogenic lines of wheat by testing for seedling reaction to races of stem rust, leaf rust and yellow rust. **Euphytica**, Wageningen, v. 32, n. 2, p. 319-327, June 1983.

APÊNDICE

Apêndice A - Dedução das médias e variâncias referentes às progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3

Seguindo procedimentos semelhantes aos apresentados por Cockerham (1963), Mather e Jinks (1982) e Falconer e Mackay (1996), foram deduzidos os componentes das médias e das variâncias genéticas, considerando o modelo de um loco com dois alelos, sendo B o alelo favorável. Os efeitos foram determinados pela diferença genotípica entre os homozigotos (BB e bb) medida pelo valor de a ; e pela diferença genotípica entre o heterozigoto (Bb) em relação à média dos homozigotos (m), medida pelo valor de d . Além disso, σ_A^2 e σ_D^2 correspondem, respectivamente, às variâncias genéticas aditiva e dominante da população-base, e ad é o componente aditivo-dominante.

Vale ressaltar que, no presente trabalho, foi realizado o retrocruzamento apenas para o genitor superior (P_1) e, por isso, as progênes designadas no texto como RC_1F_3 correspondem, na realidade, às progênes $RC_{1.1}F_3$, ou seja, derivadas do retrocruzamento apenas para P_1 .

Para as deduções, serão consideradas as seguintes relações, de acordo com Mather e Jinks (1982): $\sigma_A^2 = \frac{1}{2}a^2$ e $\sigma_D^2 = \frac{1}{4}d^2$.

Na Tabela 19 estão apresentadas as informações de frequências genotípicas, valores genotípicos e desvios em relação à média das progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , visando o cálculo dos componentes da variância genética total das progênes.

Tabela 19 - Frequência genotípica, valor genotípico e desvio em relação à média das progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para cálculo da variância genética total das progênes

Progênes	Frequência Genotípica	Valor Genotípico	Desvio *
$F_{2:4}$	$\frac{7}{16} BB$	$m + a$	$a - \frac{1}{8}d$
	$\frac{1}{8} Bb$	$m + d$	$\frac{7}{8}d$
	$\frac{7}{16} bb$	$m - a$	$-a - \frac{1}{8}d$
RC_1F_3	$\frac{11}{16} BB$	$m + a$	$\frac{1}{2}a - \frac{1}{8}d$
	$\frac{1}{8} Bb$	$m + d$	$-\frac{1}{2}a + \frac{7}{8}d$
	$\frac{3}{16} bb$	$m - a$	$-\frac{3}{2}a - \frac{1}{8}d$

* Considerando $\overline{F_{2:4}} = m + \frac{1}{8}d$ e $\overline{RC_1F_3} = m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{8}d$.

Para progênies $F_{2:4}$, a variância genética total (eq. 30) é:

$$\begin{aligned}\sigma_{G_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{7}{16} \left[a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{4} ad \right] + \frac{1}{8} \left[\frac{49}{64} d^2 \right] + \frac{7}{16} \left[a^2 + \frac{1}{64} d^2 + \frac{1}{4} ad \right] \\ \sigma_{G_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{7}{8} a^2 + \frac{7}{64} d^2 \\ \sigma_{G_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{7}{4} \sigma_A^2 + \frac{7}{16} \sigma_D^2\end{aligned}\quad (30)$$

Da mesma forma, para progênies RC_1F_3 , a variância genética total (eq. 31) é:

$$\begin{aligned}\sigma_{G_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{11}{16} \left[\frac{1}{4} a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{8} ad \right] + \frac{1}{8} \left[\frac{1}{4} a^2 + \frac{49}{64} d^2 - \frac{7}{8} ad \right] + \frac{3}{16} \left[\frac{9}{4} a^2 + \frac{1}{64} d^2 + \frac{3}{8} ad \right] \\ \sigma_{G_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{5}{8} a^2 + \frac{7}{64} d^2 - \frac{1}{8} ad \\ \sigma_{G_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{5}{4} \sigma_A^2 + \frac{7}{16} \sigma_D^2 - \frac{1}{8} ad\end{aligned}\quad (31)$$

De forma análoga, podem ser obtidas as estimativas relativas ao outro retrocruzamento ($RC_{1,2}$), (eq. 32).

$$\sigma_{G_{RC_{1,2}F_3}}^2 = \frac{5}{4} \sigma_A^2 + \frac{7}{16} \sigma_D^2 + \frac{1}{8} ad \quad (32)$$

Essas duas expressões anteriores somadas resultam na variância total de RC_1F_3 (eq. 33):

$$\sigma_{G_{RC_1F_3}}^2 = \frac{5}{4} \sigma_A^2 + \frac{7}{16} \sigma_D^2 \quad (33)$$

Na Tabela 20 estão apresentadas as informações de frequência genotípica, valor genotípico e desvio em relação à média das progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , visando o cálculo dos componentes da variância genética entre as progênies.

Tabela 20 - Frequência genotípica, valor genotípico e desvio em relação à média das progêneses $F_{2:4}$ e RC_1F_3 para cálculo da variância genética entre as progêneses

Progêneses	Frequência Genotípica	Valor Genotípico	Desvio *
$F_{2:4}$	$\frac{1}{4} BB$	$m + a$	$a - \frac{1}{8} d$
	$\frac{1}{2} [\frac{3}{8} BB + \frac{1}{4} Bb + \frac{3}{8} bb]$	$m + \frac{1}{4} d$	$\frac{7}{8} d$
	$\frac{1}{4} bb$	$m - a$	$-a - \frac{1}{8} d$
RC_1F_3	$\frac{1}{2} BB$	$m + a$	$\frac{1}{2} a - \frac{1}{8} d$
	$\frac{1}{2} [\frac{3}{8} BB + \frac{1}{4} Bb + \frac{3}{8} bb]$	$m + \frac{1}{4} d$	$-\frac{1}{2} a + \frac{1}{8} d$

* Considerando $\bar{F}_{2:4} = m + \frac{1}{8} d$ e $\overline{RC_1F_3} = m + \frac{1}{2} a + \frac{1}{8} d$.

O mesmo raciocínio foi utilizado para o cálculo da variância genética entre progêneses, conforme apresentado a seguir, para progêneses $F_{2:4}$ (eq. 34):

$$\begin{aligned}
 \sigma_{p_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{1}{4} \left[a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{4} ad \right] + \frac{1}{2} \left[\frac{1}{64} d^2 \right] + \frac{1}{4} \left[a^2 + \frac{1}{64} d^2 + \frac{1}{4} ad \right] \\
 \sigma_{p_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{1}{2} a^2 + \frac{1}{64} d^2 \\
 \sigma_{p_{F_{2:4}}}^2 &= 1\sigma_A^2 + \frac{1}{16} \sigma_D^2
 \end{aligned} \tag{34}$$

Da mesma forma, para progêneses RC_1F_3 , tem-se (eq. 35):

$$\begin{aligned}
 \sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{1}{2} \left[\frac{1}{4} a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{8} ad \right] + \frac{1}{2} \left[\frac{1}{4} a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{8} ad \right] \\
 \sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{1}{4} a^2 + \frac{1}{64} d^2 - \frac{1}{8} ad \\
 \sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 &= \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{16} \sigma_D^2 - \frac{1}{8} ad
 \end{aligned} \tag{35}$$

De forma análoga, podem ser obtidas as estimativas relativas ao outro retrocruzamento ($RC_{1,2}$), (eq. 36).

$$\sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2 + \frac{1}{8}ad \quad (36)$$

Os dois termos anteriores somados resultam na variância entre de RC_1F_3 apresentada a seguir (eq. 37):

$$\sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 = \frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2 \quad (37)$$

A variância existente dentro das progênes de cada tipo é obtida pela diferença entre a variância total e a entre, ou seja:

dentro de progênes $F_{2:4}$ (eq. 38):

$$\begin{aligned} \sigma_{dp_{F_{2:4}}}^2 &= \sigma_{G_{F_{2:4}}}^2 - \sigma_{p_{F_{2:4}}}^2 = \left(\frac{7}{4}\sigma_A^2 + \frac{7}{16}\sigma_D^2 \right) - \left(\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2 \right) \\ \sigma_{dp_{F_{2:4}}}^2 &= \frac{3}{4}\sigma_A^2 + \frac{3}{8}\sigma_D^2 \end{aligned} \quad (38)$$

dentro de progênes RC_1F_3 (eq. 39):

$$\begin{aligned} \sigma_{dp_{RC_1F_2}}^2 &= \sigma_{G_{RC_1F_3}}^2 - \sigma_{p_{RC_1F_3}}^2 = \left(\frac{5}{4}\sigma_A^2 + \frac{7}{16}\sigma_D^2 \right) - \left(\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{16}\sigma_D^2 \right) \\ \sigma_{dp_{RC_1F_2}}^2 &= \frac{3}{4}\sigma_A^2 + \frac{3}{8}\sigma_D^2 \end{aligned} \quad (39)$$

Um resumo das principais expressões obtidas anteriormente está apresentado na Tabela 21.

Tabela 21 - Resumo das expressões das médias ($\bar{x}$) e dos componentes da variância genética total (σ_G^2), da variância genética entre progênies (σ_p^2) e da variância genética dentro de progênies (σ_{dp}^2) referentes às progênies $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , incluindo os retrocruzamentos para ambos os genitores ($RC_{1.1}F_3$ e $RC_{1.2}F_3$)

Progênies	$\bar{x}$	σ_G^2	σ_p^2	σ_{dp}^2
$F_{2:4}$	$m + \frac{1}{8}d$	$\left(\frac{7}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{7}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2$	$\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2$	$\left(\frac{3}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{3}{8}\right)\hat{\sigma}_D^2$
$RC_{1.1}F_3$	$m + \frac{1}{2}a + \frac{1}{8}d$	$\left(\frac{5}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{7}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2 - \left(\frac{1}{8}\right)ad$	$\left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2 - \left(\frac{1}{8}\right)ad$	$\left(\frac{3}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{3}{8}\right)\hat{\sigma}_D^2$
$RC_{1.2}F_3^*$	$m - \frac{1}{2}a + \frac{1}{8}d$	$\left(\frac{5}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{7}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2 + \left(\frac{1}{8}\right)ad$	$\left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2 + \left(\frac{1}{8}\right)ad$	$\left(\frac{3}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{3}{8}\right)\hat{\sigma}_D^2$
RC_1F_3	$m + \frac{1}{8}d$	$\left(\frac{5}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{7}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2$	$\left(\frac{1}{2}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{1}{16}\right)\hat{\sigma}_D^2$	$\left(\frac{3}{4}\right)\hat{\sigma}_A^2 + \left(\frac{3}{8}\right)\hat{\sigma}_D^2$

* Geração não avaliada no presente trabalho.

Porém, conforme já foi exposto, no presente trabalho não foi realizado o retrocruzamento para o outro genitor (P_2) e, portanto, não foi obtida a geração $RC_{1.2}F_3$ e nem a verdadeira RC_1F_3 .

ANEXOS

Anexo A - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter produção de grãos (PG), em g.m⁻², referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	11.826,1 ^{ns}	5.365,6 ^{ns}
Blocos / R	36	6.611,9 [*]	9.764,3 ^{**}
Progênies	99	9.924,8 ^{**}	20.311,2 ^{**}
Erro Intrablocos	258	4.260,3	4.955,2
CV%	-	24,0	22,7
Média das Progênies	-	272,2	310,0
EMGOPA-315 (P ₁)	-	362,5	344,4
BRS-134 (P ₂)	-	353,4	359,4
Amplitude	-	233,3	385,0
Intervalo de Variação	-	170,6 – 403,9	155,4 – 540,3

^{**}, ^{*} e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente.

Anexo B - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para o florescimento (DF), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	65,42 ^{**}	43,55 ^{**}
Blocos / R	36	4,48 [*]	3,34 ^{**}
Progênies	99	24,27 ^{**}	18,95 ^{**}
Erro Intrablocos	259 / 246 ⁽¹⁾	2,63	1,15
CV%	-	2,96	1,93
Média das Progênies	-	54,80	55,38
EMGOPA-315 (P ₁)	-	56,50	56,33
BRS-134 (P ₂)	-	53,50	52,33
Amplitude	-	11,65	10,58
Intervalo de Variação	-	51,20 – 62,85	51,47 – 62,06

^{**} e ^{*}: Teste F significativo a 1%, 5%, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimentos das Progênies F_{2:4} e RC₁F₃, respectivamente.

Anexo C - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas no florescimento (AF), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes F _{2:4}	Progênes RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	736,33 **	69,02 **
Blocos / R	36	67,14 *	97,69 **
Progênes	99	101,37 **	74,48 **
Erro Intrablocos	259 / 260 ⁽¹⁾	20,51	21,66
CV%	-	8,46	7,81
Média das Progênes	-	53,56	59,56
EMGOPA-315 (P ₁)	-	61,33	59,17
BRS-134 (P ₂)	-	47,58	46,67
Amplitude	-	28,50	21,30
Intervalo de Variação	-	40,23 – 68,73	48,55 – 69,85

** e * : Teste F significativo a 1%, 5%, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimentos das Progênes F_{2:4} e RC₁F₃, respectivamente.

Anexo D - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes F _{2:4}	Progênes RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	106,41 *	25,72 ^{ns}
Blocos / R	36	28,01 **	32,02 **
Progênes	99	147,07 **	49,00 **
Erro Intrablocos	254 / 258 ⁽¹⁾	13,60	13,22
CV%	-	2,66	2,63
Média das Progênes	-	138,73	138,37
EMGOPA-315 (P ₁)	-	138,54	136,91
BRS-134 (P ₂)	-	123,08	123,25
Amplitude	-	37,97	19,11
Intervalo de Variação	-	123,73 – 161,69	130,16 – 149,28

** , * e ^{ns} : Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimentos das Progênes F_{2:4} e RC₁F₃, respectivamente.

Anexo E - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes $F_{2:4}$	Progênes RC_1F_3
Repetições (R)	3	127,65 ^{ns}	338,33 ^{ns}
Blocos / R	36	89,32 ^{**}	150,10 ^{**}
Progênes	99	530,71 ^{**}	249,08 ^{**}
Erro Intrablocos	257 / 261 ⁽¹⁾	38,71	42,92
CV%	-	9,78	8,94
Média das Progênes	-	63,60	73,31
EMGOPA-315 (P_1)	-	72,33	69,67
BRS-134 (P_2)	-	44,08	44,00
Amplitude	-	52,50	42,45
Intervalo de Variação	-	39,00 – 91,50	53,95 – 96,40

^{**} e ^{ns}: Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimentos das Progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , respectivamente.

Anexo F - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter acamamento (AC), avaliado em notas de 1 a 5 e transformado em $\sqrt{x+1}$, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes $F_{2:4}$	Progênes RC_1F_3
Repetições (R)	3	0,1380 ^{**}	0,4510 ^{**}
Blocos / R	36	0,0218 ^{ns}	0,0738 ^{**}
Progênes	99	0,1128 ^{**}	0,0683 ^{**}
Erro Intrablocos	256 / 260 ⁽¹⁾	0,0195	0,0238
CV%	-	8,37	8,77
Média das Progênes [‡]	-	1,83	2,14
EMGOPA-315 (P_1) [‡]	-	2,25	1,91
BRS-134 (P_2) [‡]	-	1,00	1,00
Amplitude	-	2,49	2,43
Intervalo de Variação	-	0,83 – 3,31	1,15 – 3,58

^{**} e ^{ns}: Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimentos das Progênes $F_{2:4}$ e RC_1F_3 , respectivamente;

[‡]: Médias não transformadas.

Anexo G - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter produção de grãos (PG), em g.m⁻², referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede (Depto. de Genética ESALQ/USP) no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	117.517,0 **	60.838,5 **
Blocos / R	36	7.416,1 ^{ns}	11.300,7 **
Progênies	99	11.545,0 **	12.704,6 **
Erro Intrablocos	254 ⁽¹⁾ / 257 ⁽²⁾	5.700,4	6.455,3
CV%	-	20,3	21,2
Média das progênies	-	372,5	379,6
EMGOPA-315 (P ₁)	-	479,5	406,9
BRS-134 (P ₂)	-	376,4	403,9
Amplitude	-	274,2	303,5
Intervalo de Variação	-	232,6 – 506,8	258,9 – 562,4

** e ^{ns} : Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies F_{2:4}; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC₁F₃;

Anexo H - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para o florescimento (DF), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede (Depto. de Genética ESALQ/USP) no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	11,60 **	26,13 **
Blocos / R	36	1,27 ^{ns}	5,14 **
Progênies	99	115,54 **	140,69 **
Erro Intrablocos	252 ⁽¹⁾ / 259 ⁽²⁾	1,09	2,77
CV%	-	1,95	2,88
Média das Progênies	-	53,39	57,75
EMGOPA-315 (P ₁)	-	61,92	62,25
BRS-134 (P ₂)	-	49,92	50,08
Amplitude	-	22,11	21,77
Intervalo de Variação	-	48,00 – 70,11	47,65 – 69,42

** e ^{ns} : Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies F_{2:4}; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC₁F₃;

Anexo I - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter altura das plantas no florescimento (AF), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede (Depto. de Genética ESALQ/USP) no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	69,02 **	836,15 ^{ns}
Blocos / R	36	97,69 **	69,14 **
Progênies	99	74,48 **	317,85 **
Erro Intrablocos	260 ⁽¹⁾ / 252 ⁽²⁾	21,66	20,62
CV%	-	7,81	8,91
Média das Progênies	-	59,56	50,97
EMGOPA-315 (P ₁)	-	71,25	69,08
BRS-134 (P ₂)	-	46,17	44,92
Amplitude	-	42,77	43,77
Intervalo de Variação	-	40,23 – 68,73	48,55 – 69,85

** e ^{ns} : Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies F_{2:4}; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC₁F₃;

Anexo J - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede (Depto. de Genética ESALQ/USP) no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	369,50 **	588,02 **
Blocos / R	36	30,27 *	34,94 **
Progênies	99	238,97 **	89,90 **
Erro Intrablocos	261	18,59	16,75
CV%	-	2,96	2,77
Média das Progênies	-	145,66	147,54
EMGOPA-315 (P ₁)	-	143,42	143,58
BRS-134 (P ₂)	-	131,08	131,25
Amplitude	-	34,40	20,96
Intervalo de Variação	-	129,54 – 163,94	135,86 – 156,83

** e * : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente;

Anexo K - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede (Depto. de Genética ESALQ/USP) no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes $F_{2;4}$	Progênes RC_1F_3
Repetições (R)	3	2.141,85 **	522,15 *
Blocos / R	36	109,24 **	185,93 **
Progênes	99	440,77 **	316,24 **
Erro Intrablocos	258 ⁽¹⁾ / 260 ⁽²⁾	41,90	48,06
CV%	-	9,05	8,56
Média das Progênes	-	71,54	80,94
EMGOPA-315 (P ₁)	-	83,08	79,00
BRS-134 (P ₂)	-	53,50	53,42
Amplitude	-	52,62	44,87
Intervalo de Variação	-	49,44 – 102,06	59,25 – 104,13

** e * : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimento das Progênes $F_{2;4}$; ⁽²⁾: Experimento das Progênes RC_1F_3 ;

Anexo L - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter acamamento (AC), em notas de 1 a 5 e transformado em $\sqrt{x+1}$, referentes aos experimentos avaliados na Estação Sede no ano agrícola de 2009/10

FV	GL	QM	
		Progênes $F_{2;4}$	Progênes RC_1F_3
Repetições (R)	3	0,2595 **	0,3942 **
Blocos / R	36	0,0382 **	0,0396 **
Progênes	99	0,1315 **	0,0634 **
Erro Intrablocos	261 ⁽¹⁾ / 258 ⁽²⁾	0,0205	0,0199
CV%	-	8,04	7,77
Média das Progênes †	-	2,22	2,34
EMGOPA-315 (P ₁) †	-	2,67	2,17
BRS-134 (P ₂) †	-	1,33	1,33
Amplitude	-	3,33	2,35
Intervalo de Variação	-	0,95 – 4,28	1,08 – 3,43

⁽¹⁾: Experimento das Progênes $F_{2;4}$;

⁽²⁾: Experimentos das Progênes RC_1F_3 ;

† : Médias não transformadas.

Anexo M - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter produção de grãos (PG), em g.m⁻², referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	119.858,5 **	59.190,3 **
Blocos / R	36	12.492,9 *	12.649,5 **
Progênies	99	16.009,3 **	21.536,1 **
Erro Intrablocos	252 ⁽¹⁾ / 248 ⁽²⁾	8.096,0	6.707,7
CV%	-	17,1	15,4
Média das Progênies	-	527,6	532,2
EMGOPA-315 (P ₁)	-	566,0	631,9
BRS-134 (P ₂)	-	472,1	501,0
Amplitude	-	342,9	333,9
Intervalo de Variação	-	349,3 – 692,1	356,5 – 690,4

** e * : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies F_{2:4}; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC₁F₃;

Anexo N - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para o florescimento (DF), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênies F _{2:4}	Progênies RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	6,24 ^{ns}	2,29 ^{ns}
Blocos / R	36	5,32 **	6,22 *
Progênies	99	137,32 **	155,77 **
Erro Intrablocos	258 ⁽¹⁾ / 257 ⁽²⁾	2,49	3,72
CV%	-	2,87	3,29
Média das Progênies	-	55,01	58,60
EMGOPA-315 (P ₁)	-	63,08	60,67
BRS-134 (P ₂)	-	52,00	51,33
Amplitude	-	25,11	24,95
Intervalo de Variação	-	46,26 – 71,36	46,15 – 71,10

** , * e ^{ns} : Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies F_{2:4}; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC₁F₃;

Anexo O - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter altura das plantas no florescimento (AF), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2;4}$	Progênies RC_1F_3
Repetições (R)	3	101,47 ^{ns}	766,75 ^{**}
Blocos / R	36	80,33 ^{**}	73,24 ^{**}
Progênies	99	425,41 ^{**}	649,56 ^{**}
Erro Intrablocos	259 ⁽¹⁾ / 258 ⁽²⁾	27,71	23,70
CV%	-	10,93	8,59
Média das Progênies	-	48,17	56,69
EMGOPA-315 (P ₁)	-	63,42	63,17
BRS-134 (P ₂)	-	40,58	37,25
Amplitude	-	47,38	48,86
Intervalo de Variação	-	32,57 – 79,95	34,46 – 83,32

^{**} e ^{ns} : Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies $F_{2;4}$; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC_1F_3 ;

Anexo P - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênies e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênies para o caráter número de dias para a maturação (DM), em dias, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênies $F_{2;4}$	Progênies RC_1F_3
Repetições (R)	3	65,41 [*]	82,87 ^{**}
Blocos / R	36	22,98 ^{**}	18,99 ^{**}
Progênies	99	43,20 ^{**}	29,84 ^{**}
Erro Intrablocos	256 ⁽¹⁾ / 258 ⁽²⁾	10,34	7,48
CV%	-	2,14	1,82
Média das Progênies	-	150,37	149,99
EMGOPA-315 (P ₁)	-	147,33	144,71
BRS-134 (P ₂)	-	143,67	145,00
Amplitude	-	17,55	14,58
Intervalo de Variação	-	141,22 – 158,77	141,45 – 156,03

^{**} e ^{*} : Teste F significativo a 1% e 5%, respectivamente;

⁽¹⁾ : Experimento das Progênies $F_{2;4}$; ⁽²⁾ : Experimento das Progênies RC_1F_3 ;

Anexo Q - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter altura das plantas na maturação (AM), em cm, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênes F _{2:4}	Progênes RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	73,52 ^{ns}	884,86 ^{**}
Blocos / R	36	60,88 ^{**}	101,59 ^{**}
Progênes	99	319,00 ^{**}	229,83 ^{**}
Erro Intrablocos	258 ⁽¹⁾ / 260 ⁽²⁾	25,49	31,02
CV%	-	7,60	7,40
Média das Progênes	-	66,40	75,23
EMGOPA-315 (P ₁)	-	76,00	79,83
BRS-134 (P ₂)	-	48,67	50,92
Amplitude	-	40,92	36,08
Intervalo de Variação	-	47,54 – 88,46	54,75 – 90,83

^{**} e ^{ns}: Teste F significativo a 1% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimento das Progênes F_{2:4}; ⁽²⁾: Experimento das Progênes RC₁F₃;

Anexo R - Análises de variância individuais, coeficientes de variação experimental (CV%), médias das progênes e dos genitores, amplitude e intervalo de variação das médias individuais das progênes para o caráter acamamento (AC), em notas de 1 a 5 e transformado em $\sqrt{x+1}$, referentes aos experimentos avaliados na Estação Experimental Anhumas no ano agrícola de 2010/11

FV	GL	QM	
		Progênes F _{2:4}	Progênes RC ₁ F ₃
Repetições (R)	3	0,0413 ^{ns}	0,0609 ^{ns}
Blocos / R	36	0,0608 ^{**}	0,0337 ^{ns}
Progênes	99	0,0961 ^{**}	0,0741 ^{**}
Erro Intrablocos	257 ⁽¹⁾ / 261 ⁽²⁾	0,0314	0,0253
CV%	-	9,95	8,49
Média das Progênes [‡]	-	2,22	2,55
EMGOPA-315 (P ₁) [‡]	-	2,08	2,08
BRS-134 (P ₂) [‡]	-	1,33	1,08
Amplitude	-	3,07	3,18
Intervalo de Variação	-	0,87 – 3,94	1,03 – 4,20

^{**}, ^{*} e ^{ns}: Teste F significativo a 1%, 5% e não significativo, respectivamente;

⁽¹⁾: Experimento das Progênes F_{2:4}; ⁽²⁾: Experimento das Progênes RC₁F₃;

[‡]: Médias não transformadas.

Anexo S - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das progênes F_{2:4} para todos os caracteres (PG, DF, AF, AM e AC) referentes às análises conjuntas de três ambientes

(continua)

Progênie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
6	489,7	66,6	76,3	151,2	93,8	2,61
41	489,1	54,6	53,8	151,8	71,7	2,23
10	484,6	60,9	56,8	145,0	68,4	2,42
44	469,8	63,0	70,3	153,8	84,3	2,51
64	468,8	62,9	70,7	144,5	81,1	3,02
4	460,6	54,7	51,0	147,1	74,4	2,18
21	458,6	53,4	53,2	138,2	62,8	1,68
11	457,9	67,3	64,9	153,3	81,6	2,49
80	455,6	61,1	60,6	149,9	71,9	2,14
29	454,7	53,5	51,5	143,4	70,7	2,59
66	448,7	55,0	54,9	148,0	75,6	2,78
89	446,6	50,4	50,5	142,9	65,2	1,81
74	444,4	51,4	48,8	145,4	73,8	2,15
35	442,9	60,8	65,4	146,0	76,1	2,32
45	439,8	53,5	48,6	143,0	67,1	1,95
12	435,3	50,3	50,0	137,5	62,0	1,31
56	432,9	60,0	50,6	145,3	64,2	2,51
92	431,0	51,8	51,1	143,5	66,6	2,43
1	427,8	54,0	46,8	138,6	55,9	1,50
50	426,2	53,1	48,6	145,1	66,7	2,00
31	426,0	49,5	44,0	140,8	60,4	1,20
69	424,5	54,5	53,9	147,5	78,5	2,48
65	423,8	60,0	69,2	156,2	88,1	2,68
5	420,5	54,0	50,6	151,2	80,6	2,63
78	420,4	51,4	47,5	143,3	71,4	1,96
91	419,1	61,3	62,8	148,4	77,3	2,44
71	416,9	51,5	41,3	143,6	60,8	1,97
77	416,8	52,4	49,3	143,2	69,1	2,09
3	416,0	53,1	49,1	145,2	69,0	2,05
39	413,6	54,4	52,2	147,0	72,5	2,17
58	412,6	54,6	47,2	148,8	67,6	2,56
49	412,1	50,1	44,4	142,6	65,6	2,05
84	410,3	53,7	46,9	147,0	65,4	2,19
52	407,4	66,9	62,5	151,9	79,2	3,40
40	406,3	51,8	46,7	135,1	51,9	1,15
28	404,9	50,9	44,3	135,5	51,9	1,36
32	401,6	52,9	50,4	150,3	74,4	2,19
9	400,7	53,1	46,9	146,6	71,8	2,31
14	395,9	51,5	49,6	142,0	64,0	2,08
2	395,9	53,5	44,5	144,6	64,1	1,74
20	395,7	53,7	43,8	146,1	61,2	1,99
99	395,3	52,3	45,5	138,0	55,9	1,42
42	394,8	53,0	49,9	147,4	68,7	1,90
51	392,8	51,6	46,8	143,8	59,7	2,30
18	391,7	55,7	59,2	151,8	78,1	2,73
67	390,6	56,0	64,1	150,7	81,6	2,80
97	390,3	52,0	52,2	145,5	77,7	2,40
48	390,1	53,6	51,1	147,3	70,1	2,48
95	388,9	52,2	44,0	140,4	62,8	1,73
22	387,5	50,6	48,9	146,5	66,6	1,76
61	385,8	52,2	46,3	147,0	65,2	2,51

Anexo S - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das progênes $F_{2:4}$ para todos os caracteres (PG, DF, AF, AM e AC) referentes às análises conjuntas de três ambientes (conclusão)

Progênie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
19	385,5	52,6	45,8	142,8	55,1	1,63
16	385,2	54,4	50,6	148,6	69,9	2,68
100	384,9	54,3	50,8	152,2	75,9	2,11
98	384,8	54,1	52,8	150,0	80,5	2,27
37	384,7	53,4	52,4	149,0	70,0	2,24
60	382,6	53,1	53,8	148,5	81,2	2,33
85	381,1	53,9	48,8	139,7	59,5	1,05
72	380,6	53,2	50,2	144,6	70,1	2,04
93	380,5	51,8	42,8	140,3	57,3	1,57
55	379,5	65,9	63,8	146,8	81,3	2,87
33	379,4	48,9	43,3	136,3	49,7	1,08
73	378,6	51,9	43,7	142,3	61,9	1,60
53	378,2	51,5	41,6	135,8	53,2	1,29
25	377,8	49,6	45,3	137,3	53,3	1,24
81	375,9	65,8	67,2	156,2	79,0	2,88
7	374,8	53,2	49,2	146,8	69,7	2,21
59	373,4	53,1	52,4	146,2	71,2	2,55
88	371,0	49,6	45,0	134,6	52,2	1,75
36	370,8	53,1	47,0	135,5	57,0	1,39
23	366,6	50,5	46,3	137,6	53,1	1,50
70	365,1	55,2	47,3	145,6	64,6	2,93
46	358,9	64,6	65,0	157,4	85,5	3,02
62	358,7	60,9	58,0	152,2	72,4	2,50
34	358,0	53,2	47,8	145,9	63,1	2,54
83	357,3	53,2	48,8	144,0	65,4	1,97
82	357,1	52,0	42,4	144,6	57,8	1,74
47	356,5	53,3	52,7	148,9	76,1	2,95
79	356,0	67,0	67,6	153,5	84,0	2,86
8	355,5	50,0	45,4	139,6	55,3	1,33
90	353,8	49,8	41,4	136,0	46,6	1,09
24	351,3	49,7	45,4	139,2	53,4	1,22
30	350,7	64,8	64,0	153,6	79,1	2,70
17	346,1	49,3	47,8	139,5	53,0	1,36
26	345,8	55,6	59,5	146,8	79,2	2,47
87	344,8	50,9	47,1	142,9	60,6	1,96
15	343,0	53,9	47,0	150,0	70,8	2,36
13	342,8	51,7	43,0	144,6	61,1	1,87
75	338,2	53,2	46,9	147,5	66,0	2,20
86	335,0	51,3	42,5	135,4	50,5	1,28
54	334,5	52,1	50,2	144,7	68,6	2,51
43	334,5	52,7	46,3	147,4	61,4	2,04
76	331,4	67,4	65,6	153,5	87,2	2,99
27	331,1	53,8	53,0	151,5	77,5	2,74
68	325,7	51,6	41,9	136,4	52,1	1,16
63	324,6	52,2	41,8	133,3	46,4	1,22
38	323,9	51,4	47,5	143,0	62,1	1,94
94	312,3	49,4	38,8	138,4	46,5	1,13
57	309,7	53,0	47,6	143,8	62,8	2,45
96	293,4	49,0	41,0	136,9	48,0	1,13

PG: produção de grãos (g.m^{-2}); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).

Anexo T - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das progênes RC₁F₃ para todos os caracteres (PG, DF, AF, AM e AC) referentes às análises conjuntas de três ambientes

(continua)

Progênie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
5	534,7	62,4	71,3	146,2	86,7	2,83
62	528,7	62,9	66,7	138,7	79,8	2,31
17	526,1	58,6	62,3	142,7	75,3	2,22
70	510,4	63,5	74,2	148,3	89,0	2,58
27	501,4	60,5	69,8	142,9	87,7	2,43
78	499,6	61,7	71,0	148,3	85,2	2,51
83	488,4	63,6	69,8	144,8	83,4	2,22
97	485,5	59,7	64,9	144,3	83,6	1,98
57	483,4	60,2	68,3	145,2	82,9	2,25
2	479,1	60,5	63,7	141,8	77,3	2,40
88	476,8	60,9	69,6	148,8	87,2	2,37
18	475,0	62,8	70,4	144,0	84,2	2,58
4	468,8	51,4	51,6	141,5	78,3	2,21
14	468,2	61,1	62,9	141,9	76,8	2,94
79	467,4	60,6	64,2	138,7	77,1	2,06
3	466,8	60,9	61,6	148,3	80,6	2,45
38	466,5	59,1	66,1	137,6	75,0	2,05
89	463,8	59,4	60,9	149,9	75,8	2,67
65	457,9	57,9	59,4	141,8	70,5	2,08
43	456,5	60,4	67,4	143,9	80,8	2,51
45	451,5	61,5	71,5	148,8	86,8	2,81
9	451,4	59,3	67,0	148,1	76,9	2,32
67	451,3	62,7	66,6	149,9	85,2	2,81
77	449,7	59,1	60,1	143,7	74,1	1,48
64	448,9	58,1	61,0	144,1	75,8	1,95
74	446,5	64,4	71,0	144,9	85,0	3,28
61	446,5	60,2	63,3	142,7	79,1	2,24
1	445,3	59,3	61,8	144,2	72,6	2,33
32	444,2	62,0	68,8	145,3	87,7	2,52
39	443,1	59,2	64,1	143,7	80,5	1,94
96	442,2	60,2	71,0	145,8	82,3	2,25
52	442,0	61,5	69,8	149,0	87,4	2,92
46	441,9	66,9	77,1	144,2	96,0	3,06
26	438,9	61,4	65,4	147,2	82,5	2,45
47	436,2	59,3	61,4	142,1	75,5	2,29
95	433,8	62,1	67,8	148,6	84,8	2,67
6	429,7	65,6	74,9	150,6	89,3	3,08
82	428,5	59,5	65,2	147,1	76,2	2,00
91	428,4	52,7	50,9	144,6	73,7	3,08
59	425,2	60,9	65,9	139,6	78,7	2,58
80	424,7	60,8	68,7	145,4	84,0	2,08
50	424,0	60,9	62,6	141,6	79,8	2,64
58	423,9	51,2	48,3	142,1	68,4	2,02
11	422,1	60,3	65,2	146,2	79,3	2,23
36	420,8	57,7	61,4	144,5	72,9	1,95
90	420,7	63,1	71,8	148,7	86,4	2,35
60	419,4	67,7	75,4	151,8	95,7	3,35
49	418,3	57,6	58,0	137,7	67,6	1,46
75	417,5	57,8	64,4	146,2	79,1	2,41
87	414,9	61,3	62,0	149,6	78,8	2,50
69	414,0	52,5	51,6	146,8	76,7	2,64

Anexo T - Médias ajustadas em ordem decrescente de PG das progênes RC₁F₃ para todos os caracteres (PG, DF, AF, AM e AC) referentes às análises conjuntas de três ambientes (conclusão)

Progênie	PG	DF	AF	DM	AM	AC
7	409,8	52,4	51,7	145,5	77,4	2,15
84	406,2	60,7	63,3	146,7	76,4	3,09
100	405,6	64,9	70,1	146,8	87,2	3,33
99	404,8	61,6	63,1	146,0	75,5	2,57
24	404,5	52,1	49,5	144,9	68,9	2,41
81	402,9	61,2	59,8	141,7	75,1	2,60
29	392,7	52,6	48,5	145,1	67,8	1,85
56	391,8	51,2	48,5	142,4	66,7	2,18
51	390,1	61,8	70,5	149,5	86,6	2,85
8	386,5	52,8	52,8	145,2	79,3	2,02
86	385,8	60,0	63,9	151,6	87,4	2,85
76	385,4	61,5	64,8	149,0	76,8	1,99
68	383,7	62,5	66,4	152,4	78,8	2,76
53	374,7	59,1	62,7	145,9	77,5	2,88
40	374,5	64,2	72,9	150,6	91,1	2,54
44	374,3	54,3	49,9	142,6	69,3	2,26
25	373,6	49,1	45,3	140,1	58,0	1,62
15	373,5	52,7	51,2	144,7	76,9	2,15
42	370,7	59,4	66,0	148,2	79,8	2,29
85	370,6	49,5	45,8	144,1	67,3	1,69
37	368,6	50,9	43,2	140,5	67,1	1,77
98	368,2	54,1	54,5	147,8	70,8	2,60
33	366,4	53,3	48,9	145,2	66,9	2,30
34	365,0	50,6	52,8	146,0	75,1	1,82
54	364,1	52,9	49,1	141,0	72,4	2,81
92	362,5	53,0	51,1	146,0	68,8	2,23
66	361,0	62,3	61,4	149,8	75,6	2,74
31	360,6	49,3	47,7	142,4	74,3	2,20
12	347,9	51,7	49,2	148,1	77,2	2,05
13	343,5	51,2	45,7	145,7	66,7	1,93
72	342,8	52,1	52,0	143,4	73,4	1,89
35	342,0	51,9	45,6	144,1	65,8	2,04
48	342,0	61,7	63,6	152,7	81,9	2,49
22	340,4	49,6	45,9	141,2	69,0	1,77
16	340,0	53,1	49,7	148,2	74,2	2,15
10	336,8	53,3	48,8	151,0	73,2	2,33
41	335,8	50,6	47,2	144,4	71,5	2,81
21	335,2	50,1	44,4	144,0	69,7	2,03
19	334,6	49,6	44,4	144,8	57,0	2,13
73	329,0	49,9	45,3	145,6	67,9	1,94
20	328,5	52,7	45,2	148,8	67,6	2,39
55	327,3	50,6	45,8	138,3	64,3	1,60
63	326,4	51,3	47,1	146,1	71,5	2,02
71	326,1	52,4	44,4	145,6	61,9	2,16
94	318,3	49,9	45,5	145,4	62,4	2,29
30	316,4	51,9	49,3	146,4	65,4	2,45
93	313,2	48,9	48,3	138,9	60,9	1,78
23	304,0	51,6	48,8	146,1	74,5	2,65
28	278,8	50,6	45,5	144,7	63,4	1,47

PG: produção de grãos (g.m⁻²); DF: número de dias para o florescimento (dias); AF: altura das plantas no florescimento (cm); DM: número de dias para a maturação (dias); AM: altura das plantas na maturação (cm); AC: acamamento (notas 1-5, não transformadas).