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

**Relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das
raízes em soja**

Inocencio Junior de Oliveira

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

**Piracicaba
2011**

Inocencio Junior de Oliveira
Engenheiro Agrônomo

Relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das raízes em soja

Orientador:
Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

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

Piracicaba
2011

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

Oliveira, Inocencio Junior de

Relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das raízes em
soja / Inocencio Junior de Oliveira. - - Piracicaba, 2011.
167 p. : il.

Tese (Doutorado) - - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", 2011.

1. Biodiesel 2. Correlação genética 3. Fusarium 4. Glycine max 5. Herdabilidade
6. Óleo de soja - Teor 7. Melhoramento genético vegetal 8. Resistência genética vegetal
I.Título

CDD 633.34
O48r

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

Aos meus pais Inocencio e Glória, e aos meus irmãos
Stanley (*In memorian*), Weber e Wilian, pela infinita amizade,
pelo amor, confiança, apoio e incentivo a minha formação.
Obrigado por tudo!

DEDICO

AGRADECIMENTOS

A DEUS por iluminar e abençoar todos os meus passos.

À todos os meus familiares, em especial as minhas cunhadas Fabiana, Michele e Francíola, as quais considero minhas irmãs, aos meus sobrinhos Aniele, Gabriel, Rafaela, Eduarda, Felipe, Melissa e Bruno e aos afilhados Augusto e Nicolý para que eles tenham muita saúde, felicidade em vossas vidas e para que levem o estudo como algo importantíssimo na vida.

Ao meu orientador Prof. Dr. Natal Antonio Vello pela oportunidade, ensinamentos, orientação e amizade.

À Universidade de São Paulo, por meio da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, pela oportunidade para que eu realizasse o doutorado.

Ao Prof. Dr. José Baldin Pinheiro pelo apoio pessoal, acadêmico e estrutural do Laboratório de Melhoramento e Diversidade Genética coordenado por ele. Ao Prof. Dr. Roland Vencovsky e a todos os professores do Departamento de Genética da ESALQ pelos ensinamentos e orientação.

À FAPESP e ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos e pelo financiamento de minha pesquisa, imprescindíveis para a realização deste trabalho.

A todos os funcionários do Departamento de Genética pela ajuda indispensável para realização deste trabalho, Eng. Agrônomo Dr. Cláudio Segatelli e equipe de campo, Berdan, Léia, Fernando, Sr. Natálio, Valdir e Macedônio.

Em especial aos amigos e funcionários do laboratório do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas Marcos Custódio Nekatschalow, Claudinei Antonio Didoné e Antonio Roberto Cogo pelo apoio indispensável para execução deste trabalho.

À Embrapa Instrumentação Agropecuária em São Carlos – SP pela disponibilidade e auxílio na execução da leitura do teor de óleo em soja e à Embrapa Soja em Londrina – PR pelo envio do isolado do fungo *Fusarium solani* f.sp. *glycines*.

À Clínica Fitopatológica, em especial a Dra. Liliane Teixeira pelo auxílio imprescindível na área fitopatológica.

Aos amigos do laboratório Flávia Amorim, Dr. Paulo Vieira, Dr. Luis Stabile, Dr. Walter Bernardi, Dr. Gilberto Yokomizo, Aliandra Medeiros, Milena Araújo, Dra. Regina Priolli, Philip Wysmierski e Marcelo Marques pela ajuda na realização dos experimentos, da redação da tese e pela grande amizade. E aos estagiários Felipe Nazato, Bruna Leopoldino, Natália Stabellini e José Diego pela imensa contribuição.

Aos amigos pós-graduandos do Departamento de Genética Diego Passatempo, Dr. Sanzio Barrios, Dr. Mateus dos Santos, Roberto Fritsche Neto, Gustavo Moro, Pedro Garcia, Rubem, Alexandre Morais, Luciana Chaves, Dr. Vitor Hugo, Rosa Garcia, Larissa Castro, Guilherme Farias, Lidinalva Gomes, Thiago Leite, Paula Martins, Marcelo Braga, Fátima Bosseti e Michele Santos pelo auxílio, agradável convívio e amizade durante o doutorado. E aos amigos Alexsandro Santos, Milton Moraes, Neisvaldo Barbosa, Tiago Japa, Otávio Aguiar e Célia Ito pelo companheirismo.

Aos amigos de república em Piracicaba Jerônimo dos Santos, Dr. Bruno Pereira e Diego Cavalcante pelos bons momentos de convivência, incentivo, amizade e por tentar suprir a distância da família.

A todos que direta ou indiretamente participaram deste trabalho e de minha formação, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

RESUMO	9
ABSTRACT	11
1 INTRODUÇÃO	13
2 DESENVOLVIMENTO	15
2.1 Revisão de Literatura	15
2.1.1 Melhoramento para teor de óleo em soja	15
2.1.2 Podridão vermelhas das raízes em soja (PVR): aspectos gerais	18
2.1.3 Correlações entre caracteres	23
2.1.4 Uso de marcadores moleculares	25
2.2 Material e Métodos	28
2.2.1 Material genético	28
2.2.2 Obtenção das sementes F_1 e F_2	28
2.2.3 Geração F_2	29
2.2.3.1 Análises estatístico-genéticas da geração F_2	30
2.2.3.1.1 Herdabilidade e comparação de médias	32
2.2.3.1.2 Análises dialélicas	33
2.2.3.1.2.1 Análise da capacidade combinatória	33
2.2.3.1.2.2 Análise dialélica de Jinks e Hayman	34
2.2.4 Geração $F_{2:3}$	37
2.2.4.1 Análises estatístico-genéticas da geração $F_{2:3}$	39
2.2.4.1.1 Análise de variância	39
2.2.5 Coeficientes de correlação	40
2.2.5.1 Associação entre as gerações F_2 e $F_{2:3}$	40
2.2.5.2 Coeficientes de correlação fenotípica e genética	41
2.2.6 Avaliação da podridão vermelha das raízes (PVR)	42
2.2.6.1 Avaliação fenotípica da reação a PVR em casa de vegetação	42
2.2.6.1.1 Obtenção e repicagem do isolado do patógeno	42
2.2.6.1.2 Preparo do inóculo e inoculação	43

2.2.6.1.3 Instalação e condução do experimento em casa de vegetação	44
2.2.7 Seleção Simultânea	44
2.2.8 Uso de marcadores moleculares.....	45
2.2.8.1 Material vegetal.....	45
2.2.8.2 Seleção de <i>primers</i> e condições de PCR.....	46
2.2.8.3 Genética de associação.....	47
2.3 Resultados e Discussões.....	48
2.3.1 Geração F_2	48
2.3.1.1 Análise de variância	48
2.3.1.2 Coeficiente de herdabilidade.....	50
2.3.1.3 Comparações entre médias.....	52
2.3.1.4 Análise dialélica	53
2.3.1.4.1 Análise da capacidade combinatória.....	53
2.3.1.4.2 Análise dialélica de Jinks e Hayman.....	59
2.3.2 Geração $F_{2:3}$	64
2.3.2.1 Análise de variância	64
2.3.2.2 Comportamento dos genitores e das progênies e comparações entre médias.....	66
2.3.3 Avaliação das progênies $F_{2:4}$ em casa de vegetação	71
2.3.4 Coeficientes de correlação	73
2.3.4.1 Associação entre as gerações F_2 e $F_{2:3}$	73
2.3.4.2 Correlações das capacidades de combinação entre plantas F_2 e progênies $F_{2:3}$	74
2.3.4.3 Correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres	75
2.3.5 Seleção simultânea	78
2.3.6 Uso de marcadores moleculares.....	79
2.3.6.1 Polimorfismo dos locos SSR e estrutura das populações	79
2.3.6.2 Genética de associação.....	80
3 CONCLUSÕES	85
REFERÊNCIAS.....	87
ANEXOS	97

RESUMO

Relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das raízes em soja

A demanda por óleos vegetais tem sido crescente, principalmente para utilização como fonte de energia renovável na forma de biodiesel. Somando-se a isso, a podridão vermelha das raízes da soja (PVR), ou síndrome da morte súbita, causada pelo fungo *Fusarium solani* f.sp. *glycines*, tornou-se uma doença preocupante para os sojicultores, técnicos e pesquisadores, sendo uma estratégia recomendada a adoção de um sistema de controle integrado em que a utilização de cultivares tolerantes é um componente indispensável. Assim, este trabalho teve por objetivo verificar a possibilidade de se reunir em uma mesma planta de soja genes para alta produtividade de óleo e para tolerância a PVR. O sistema genético compreendeu um dialelo parcial 7x7, envolvendo sete genitores com alta produtividade de óleo e sete genitores tolerantes a PVR. A maioria dos genitores compreendeu linhagens experimentais desenvolvidas no Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas (ESALQ/USP). Os experimentos envolveram as plantas F₂, na safra 2008/2009 e progênies F_{2:3}, na safra 2009/2010, para avaliação de caracteres agrônômicos, do teor de óleo e produtividade de óleo em campo experimental; já a avaliação da reação a PVR foi realizada em progênies F_{2:4}, em casa de vegetação com inoculação artificial do patógeno, por meio de uma escala de notas para a severidade dos sintomas radiculares. Além disso, por meio de marcadores microssatélites fez-se um estudo de genética de associação entre os marcadores e os caracteres reação a PVR e teor de óleo em três populações. Os resultados evidenciaram a existência de variabilidade nos genitores e nas progênies para todos os caracteres avaliados. O genitor com a maior capacidade geral de combinação e média de teor de óleo foi a cultivar A 7002; por outro lado, os menores valores foram verificados em PI 520733 e IAC 100. Os cruzamentos mais produtivos em óleo foram aqueles que envolveram o genitor A 7002, exceto quando este foi cruzado com IAC 100. Dez cruzamentos (USP 70004 com USP 14-10-38, USP 14-01-20, USP 14-13-16 e M-Soy 8001; USP 14-10-38 com USP 70057 e USP 70080; M-Soy 8001 com USP 70006, USP 70080 e USP 70123; e USP 14-01-20 x USP 70006) destacaram-se por originar a maioria de suas progênies com as melhores características em todos os caracteres, ou seja, apresentaram ciclo precoce ou semi-precoce, altura média, plantas eretas e com valor agrônômico bom ou médio, alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo e tolerância a PVR. Nenhum cruzamento originou a maioria de suas progênies com as piores características em todos os caracteres. Teor de óleo apresentou baixa correlação genética com altura da planta na maturidade, acamamento, valor agrônômico, produtividade de grãos e reação a PVR. PVR apresentou baixa correlação genética com acamamento, produtividade de grãos, teor de óleo, produtividade de óleo; entretanto, foi possível obter progênies com alta produtividade de grãos e de óleo e tolerantes a PVR. Os marcadores microssatélites mostraram-se polimórficos e, foram associados dois locos SSR ao caráter teor de óleo e outros dois locos ao caráter reação a PVR.

Palavras-chave: *Glycine max*; Teor de óleo; *Fusarium solani* f.sp. *glycines*; Tolerância a PVR; Correlações genéticas entre caracteres; Biodiesel

ABSTRACT

Genetic relations between oil yield and sudden death syndrome (SDS) in soybean

The demand for vegetable oils has increased, mainly because of its use as a renewable energy source like biodiesel. Moreover, the sudden death syndrome (SDS) in soybean, caused by the fungus *Fusarium solani* f.sp. *glycines*, has become a worrying disease for soybean producers, technicians and researchers, and the adoption of an integrated control system using tolerant cultivars as an essential component has been a recommended strategy. This work aimed to verify the possibility of gathering genes for high oil yield and tolerance to SDS in the same soybean plant. The genetic system comprised a partial diallel 7x7 involving seven parents with high oil yield and seven parents tolerant to SDS. Most of the parents were experimental lines developed at the Sector of Genetics Applied to Self-Pollinated Species (ESALQ/USP). The 2008/2009 trials involved the F₂ plants, and the 2009/2010 trials involved the evaluation of F_{2:3} progenies traits, such as agronomic characters, oil content and oil yield in the experimental field; whereas the analysis of the SDS reaction was tested in F_{2:4} progenies, in a greenhouse with artificial inoculation of the pathogen through a rating scale for severity of radicular symptoms. Moreover, a study of genetic association among microsatellite markers and the characters reaction to SDS and oil content in three populations was performed. The results showed the existence of variability in parents and progenies for all characters. The parent who had the highest general combining ability and average oil content was the cultivar A 7002; on the other hand, the lowest values were found in PI 520733 and IAC 100. The crosses that originated the best oil content progenies have involved the parent A 7002, except when it was crossed with IAC 100. Ten crosses (USP 70004 with USP 14-10-38, USP 14-01-20, USP 14-13-16 and M-Soy 8001; USP 14-10-38 with USP 70057 and USP 70080; M-Soy 8001 with USP 70006, USP 70080 and USP 70123; USP 14-01-20 x USP 70006) distinguished from the others by originating the majority of their progenies with the best features in all traits, in other words, showed early and semi-early maturity, medium height, upright plants, good or average agronomic value, high grain and oil yield, high oil content and tolerance to SDS. None of the crosses originated the majority of their progeny with the worst characteristics in all traits. Oil content showed low genetic correlation with plant height at maturity, lodging, agronomic value, yield and reaction to SDS. SDS showed a low genetic correlation with lodging, grain yield, oil content, oil yield. However, it was possible to obtain progenies with high grain and oil yield and tolerance to SDS. The microsatellite markers were polymorphic and, moreover, two SSR loci were associated with the character oil content and other two loci to the character SDS reaction.

Keywords: *Glycine max*; Oil content; *Fusarium solani* f.sp. *glycines*; SDS tolerance, Genetic correlations among characters; Biodiesel

1 INTRODUÇÃO

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, é a planta oleaginosa que ocupa a maior área cultivada no mundo e representa 60% da produção das oleaginosas (SUDARIC et al., 2008). O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, com uma área cultivada de aproximadamente 23,47 milhões de hectares e uma produção estimada em 68,69 milhões de toneladas de grãos na safra 2009/2010, o que representa 46,1% do total de grãos produzidos no país nesta safra (PORTO et al, 2010). O sucesso do cultivo da soja é atribuído principalmente à combinação de altos teores de proteína (cerca de 40%) e de óleo (cerca de 20%), juntamente com níveis adequados de produtividade de grãos (em média 3.000 kg.ha⁻¹ no Brasil) nos mais diversos tipos de ambientes; outro fator que também contribui para seu sucesso é a fixação simbiótica de nitrogênio nas raízes, fato que dispensa o uso de adubo nitrogenado. Isso faz da soja uma das leguminosas cultivadas mais importantes em todo o mundo.

A soja é uma das mais importantes fontes de óleo vegetal do mundo, no entanto, seu nível de qualidade e quantidade aumentou somente 0,23% por ano durante o período de 1934 -1992 (MORRISON et al., 2000). Dessa forma, torna-se relevante o empenho do melhoramento genético em atuar nesta área, uma vez que existe a necessidade crescente da obtenção de fontes renováveis de energia como o biodiesel, obtido a partir de óleos vegetais. No entanto, fatores limitantes à obtenção de elevadas produtividades, como a ocorrência de doenças, abrangendo aquelas provocadas por fungos, bactérias, vírus e nematóides, dificultam aumentos expressivos na produtividade da soja.

A podridão vermelha das raízes da soja (PVR), ou síndrome da morte súbita (“sudden death syndrome” ou SDS), causada pelo fungo *Fusarium solani* f. sp. *glycines*, é uma dessas doenças e, embora já ocorresse em algumas áreas do Brasil desde os anos 80, somente a partir dos anos 90 passou a causar prejuízos maiores, sendo o uso de cultivares resistentes um componente fundamental no controle integrado da PVR e convivência com o patógeno causador da doença. Pela provável natureza poligênica do controle genético da resistência a esta doença e pela grande influência do ambiente na intensidade da manifestação dos sintomas, aliado ao fato da inexistência de um método de controle químico ou cultural eficiente, a PVR tornou-se uma grande preocupação para os sojicultores, técnicos e pesquisadores nas regiões onde sua ocorrência já foi constatada (FRONZA et al., 2004; BERNARDI et al., 2007).

Em função da demanda por parte da indústria oleoquímica e, mais recentemente, com a possibilidade de uso do óleo de soja como biocombustível, tornou-se fundamental o desenvolvimento de novos materiais genéticos com alto potencial de produção de óleo e com resistência às principais doenças radiculares.

O presente trabalho foi desenvolvido com o objetivo geral de estudar as relações genéticas entre produtividade de óleo e podridão vermelha das raízes em soja. Além disso, foram considerados os seguintes objetivos específicos: a) avaliar o teor e a produtividade de óleo em genótipos de soja oriundos de um dialelo parcial 7x7; b) estudar a reação dos genótipos de soja oriundos de um dialelo parcial 7x7 ao *Fusarium solani* f.sp. *glycines*, causador da podridão vermelha das raízes (PVR); c) testar a possibilidade de se unir em uma mesma planta de soja genes para alta produtividade de óleo com genes para resistência/tolerância a PVR; d) estimar parâmetros genéticos úteis aos programas de melhoramento; e) predizer cruzamentos mais promissores para extração de linhagens superiores em produtividade de óleo e tolerância a PVR.

2 DESENVOLVIMENTO

2.1 Revisão de Literatura

2.1.1 Melhoramento para teor de óleo em soja

As cultivares comerciais de soja apresentam teores médios de óleo em torno de 20% e composição protéica próxima de 40%, possuindo um excelente balanço de aminoácidos essenciais, além de sais minerais, fibras e glicídios. Todas estas propriedades elevam os seus valores nutritivos para a alimentação humana e sua utilidade como matéria-prima para fabricação industrial de vários produtos, como o biodiesel, tornando, conseqüentemente, grande a demanda por esta leguminosa no mercado mundial.

O Brasil se destaca pela sua grande diversidade e produtividade de grãos que podem ser utilizados na fabricação de óleos vegetais, apresentando neste sentido, uma grande abertura para uma nova alternativa energética, substituindo o diesel por biocombustíveis. Dentre as cinco culturas oleaginosas com maior potencial para a produção de biodiesel (dendê, canola, mamona, amendoim e soja), a curto prazo, a soja apresenta a melhor perspectiva, por ter produtividade de cerca de 0,6 t.ha⁻¹ de óleo (num prazo de quatro meses de colheita) e por já possuir logística e rede industrial, armazenadora e distribuidora, além da utilização de outro produto extraído no processo de esmagamento do grão, o farelo, que por sua vez, é a principal fonte protéica para a ração animal (BRIEU e PARENTE, 2009).

A Lei nº 11.097 de 13 de janeiro de 2005 estabelece a obrigatoriedade da adição de um percentual mínimo de biodiesel ao óleo diesel comercializado, sendo 2% a partir de 2008 e 5% a partir de 2013 em qualquer parte do território nacional. Essa meta já foi antecipado e hoje em dia já se utiliza 5% de biodiesel adicionado ao óleo diesel. E, estima-se em 800 milhões de litros de biodiesel/ano a demanda no Brasil, com a mistura de 2% de biodiesel ao diesel de petróleo.

Quanto aos parâmetros químicos e físicos, o biodiesel derivado do óleo de soja se apresenta com qualidade de acordo com os limites estabelecidos pela Agência Nacional do Petróleo (ANP) para o óleo diesel comercial e possui predominância de ésteres etílicos de ácidos graxos insaturados (destaque para ácido oléico ou 18:1) em sua composição. A qualidade do óleo de soja é favorável em viscosidade e cetanagem (ou índice de cetano), podendo ser melhorado

principalmente em relação a esta última característica, a qual mede a capacidade de explosão do biodiesel, de maneira correspondente a octanagem para explosão da gasolina. O cetano é derivado diretamente do ácido graxo oléico (18:1) e varia de 17,7% a 26,0% do óleo produzido pelas cultivares atuais de soja. Além da maior cetanagem, os valores altos de ácido oléico também conferem a vantagem de reduzir as mudanças oxidativas no óleo durante o refinamento, estocagem e fritura (no caso de óleo comestível). Quando testado em gerador de energia elétrica em mistura com óleo diesel comercial, numa proporção de até 20% de biodiesel, houve diminuição do consumo de combustível (FERRARI et al., 2005).

O desenvolvimento de cultivares de soja com alto teor de óleo é uma das maneiras de suprir essa necessidade energética, sem elevar muito a abertura de novas áreas agrícolas, e melhorar a rentabilidade neste setor agroindustrial. Num futuro próximo, provavelmente haverá recompensa no preço do grão de soja em cultivares que contenham alto teor de óleo, fato que incentivará os produtores a optar por cultivares superiores para este caráter. Nos bancos de germoplasma, a variabilidade fenotípica é grande para o teor de óleo, ou seja, de 6% a 27%. Já as cultivares brasileiras apresentam grãos com 18 a 25% de óleo com média em torno de 20%. Portanto, é possível a obtenção, via cruzamentos e seleção, de novos genótipos de soja com maior teor de óleo nas sementes (ROCHA et al., 2006).

Em soja, a preocupação em se estimar os componentes da variação genética para vários caracteres, inclusive para o teor de óleo, iniciou-se nos Estados Unidos com o estudo de Horner e Weber (1956), que isolaram os componentes da variação genética em gerações segregantes de cruzamentos entre duas linhagens homozigóticas. As estimativas obtidas mostraram que a maior parte da variância genética é aditiva. Isso também foi verificado por Farias Neto e Vello (2001). A predominância de variância genética aditiva indica a possibilidade de se obter segregantes transgressivos para o caráter teor de óleo.

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito para teor de óleo variam de 1 a 86%, com valores médios apresentando intervalo de variação de 43,0 a 76,6%, ou seja, valores médios a altos e superiores aos encontrados para a produtividade de grãos, permitindo antever as perspectivas reais de se obter progresso com a seleção (PHUL e SHARMA, 1993).

Zimback (1992) estudando cruzamentos em cadeia entre genótipos adaptados e exóticos de soja com ênfase na produtividade de óleo verificou a ocorrência de correlações genéticas positivas entre os caracteres produtividade de óleo, produtividade de grãos, valor agrônomo,

altura da planta na maturidade e número de dias para a maturidade. Em termos gerais, é possível a obtenção de cultivares produtivas com alto teor de óleo, como também foi verificado por Hamawaki et al. (2000). Por outro lado, Tajuddin et al. (2003) relatam que a correlação entre teor de óleo e de proteína é sempre negativa e relativamente alta, fato que conduz ao desenvolvimento de cultivares especiais para alta produtividade de óleo ou para alta produtividade de proteína.

Variação genética entre cultivares de soja tem sido detectada quanto ao teor de óleo e produtividade de grãos (SUDARIC et al., 2008). Este fato, associado com a tendência de correlação positiva (e de baixa magnitude) entre os dois caracteres abrem possibilidades de sucesso na seleção para aumentar a produtividade de óleo em soja. Nas condições brasileiras, estudos realizados com diversos genótipos adaptados e exóticos de soja evidenciaram linhagens experimentais desenvolvidas na ESALQ/USP com grande potencial para utilização em programas de melhoramento, visando-se aumentar o teor e a produtividade de óleo como verificado por Hamawaki et al. (2000) ao estudar progênies $F_{4:3[8]}$ e $F_{5:3[8]}$ oriundas de cruzamentos óctuplos e por Rocha et al. (2006) ao estudar correlações entre caracteres agrônomicos e a adaptabilidade e a estabilidade da produtividade de óleo em 93 linhagens soja.

Com o objetivo de estudar as contribuições agrônômicas e fisiológicas do melhoramento de soja, Jin et al. (2010) avaliaram aproximadamente 600 cultivares lançadas entre 1950 – 2006 no nordeste da China e verificaram que em 56 anos de melhoramento genético e seleção houve um incremento de 32,5% na produtividade de grãos ou 0,58% ao ano. Considerando o mesmo período, as variações de concentração nos teores de proteína e óleo foram de 37,0% para 45,5% e de 16,7% para 22,0%, respectivamente.

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

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

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

Alguns métodos indiretos para a determinação dos teores de proteína e de óleo têm sido utilizados em muitas pesquisas onde a quantidade de amostras a ser analisada é grande. Um deles é o método de infravermelho próximo (NIR) que tem sido amplamente utilizado para a determinação simultânea dos teores de proteína, de óleo e de umidade em grãos intactos de soja (TAJUDDIN et al., 2002). Para a determinação do teor de óleo, também em grãos intactos de soja, outro método que tem sido muito utilizado é o de ressonância magnética nuclear (NMR) (WEIR et al., 2005).

2.1.2 Podridão vermelha das raízes em soja (PVR): aspectos gerais

A PVR ou síndrome da morte súbita, causada pelo fungo *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. f. sp. *glycines* (ROY, 1997), é uma das mais importantes doenças da soja, devido aos prejuízos provocados e a sua dificuldade de controle (YORINORI, 2000).

No Brasil, a doença foi observada pela primeira vez em São Gotardo – MG, na safra de 1981/82, e já se espalhou por todas as regiões produtoras de soja do país (EMBRAPA, 1999). A PVR é encontrada desde o Rio Grande do Sul até o Maranhão, sendo o Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, Mato Grosso, Mato Grosso do Sul, Goiás e Minas Gerais os estados mais afetados (EMBRAPA, 2001). A doença é mais severa na região Sul e no Cerrado, em locais com mais de 700m de altitude. Além da soja, lavouras de feijão, irrigadas com pivô central em Patos de Minas e Coromandel (MG) e em Luziânia (GO), já foram seriamente afetadas pela PVR.

Os conídios de *F. solani* f. sp. *glycines* são disseminados pela água, e sobrevivem por pouco tempo no solo. Os conídios no solo são convertidos em clamidósporos em poucos dias. Estruturas de resistência na forma de clamidósporos, localizadas no solo ou em restos culturais,

constituem o inóculo primário da doença. O modo de penetração do fungo nas raízes ainda não foi bem esclarecido mas, provavelmente, seja de forma direta, isto é, a penetração ocorreria durante a germinação de clamidósporos ou de macroconídios que entram em contato com o sistema radicular das plantas (FRONZA et al., 2004).

O fungo *Fusarium solani* f. sp. *glycines* cresce vagarosamente em meio de batata-dextrose-água (BDA), produzindo uma massa azulada de micélio, com grande quantidade de macroconídios com 3 a 5 septos e pouca ou nenhuma presença de microconídios. Como exemplo, têm-se que colônias em placa de petri com meio BDA aumentaram 24mm de diâmetro após 7 dias a 25°C (ROY, 1997).

Condições de alta umidade do solo e temperaturas amenas são favoráveis ao desenvolvimento da doença, sendo que temperaturas em torno de 15°C favoreceram o desenvolvimento dos sintomas nas raízes e, entre 22 a 24°C, na parte aérea (SCHERM e YANG, 1996). Assim, áreas irrigadas ou com maior altitude parecem estar mais sujeitas à incidência da doença.

Sendo uma doença vascular, a PVR manifesta sintomas foliares típicos de folha carijó, com manchas cloróticas e necróticas internervais, com a região das nervuras permanecendo com coloração verde normal (ALMEIDA et al., 1997). O sintoma de infecção nas raízes inicia-se com uma mancha avermelhada, mais visível na raiz principal e geralmente localizada um a dois centímetros abaixo do nível do solo. Com o progresso da infecção é observada uma expansão da lesão, que passa a circundar a raiz, assumindo coloração castanho-avermelhada. A necrose situa-se no tecido cortical, enquanto o lenho da raiz adquire uma coloração castanho-clara, estendendo-se pelo tecido lenhoso da haste a vários centímetros acima do nível do solo. Na lesão também pode ser observada uma massa azulada de esporos do patógeno. Os sintomas foliares da PVR iniciam de duas a três semanas antes do florescimento estendendo-se até o período de granação (enchimento dos grãos), quando normalmente é observada a morte da planta; e em plantas severamente afetadas, a desfolha ocorre prematuramente causando abortamento de vagens (RUPE et al., 1999).

O dano devido a PVR varia entre 20 e 80%, dependendo da cultivar e do estágio de desenvolvimento da cultura no momento da infecção (RUPE et al., 1999). Yorinori (2002) estimou perdas de 760.000 toneladas de grãos de soja, entre as safras 1996/1997 e 1999/2000, decorrentes dessa doença. Em levantamento feito na safra 1999/2000, estimaram-se perdas de

US\$ 52,9 milhões em uma área afetada de mais de dois milhões de hectares em 99 municípios brasileiros (YORINORI, 2002). Segundo Gásperi (2000), comparando-se parcelas experimentais de plantas sintomáticas com assintomáticas em quatro lavouras comerciais, as perdas na produtividade de grãos variaram de 29 a 51%; já o peso de mil sementes (tamanho das sementes) sofreu reduções de 6 a 19%.

Freitas et al. (2004) estudaram o dano devido a PVR e concluíram que o patógeno causa redução na produtividade devido à infecção e danos ao sistema radicular das plantas. Havendo condições para um processo infeccioso rápido, a doença atinge um nível de dano elevado ainda no período de florescimento, sendo observada uma interferência no processo de formação de vagens e de grãos. Por outro lado, se a infecção ocorrer de forma lenta ou tardia, atingindo seu máximo no período de granação (enchimento de grãos), é observada redução no número de vagens por planta, número de grãos por vagem e peso de mil grãos. Práticas de controle que retardem a infecção inicial da PVR são importantes para uma redução de seu impacto sobre os componentes da produtividade da soja.

Existem métodos que são empregados para a inoculação do fungo *F. solani* f.sp. *glycines*, visando a avaliação da resistência em casa de vegetação. Dentre os mais utilizados, destaca-se o que usa grãos de sorgo colonizados (HARTMAN et al., 2000). Também são utilizados métodos de inoculação com areia e farinha de milho infectados, grãos de aveia colonizados (NJITI et al., 2001) e palitos de dente colonizados (KLINGELFUSS et al., 2001).

Klingelfuss et al. (2007) demonstraram que a inoculação com grãos de sorgo e milho pode ser indicada para avaliações da reação de genótipos de soja a PVR, em casa de vegetação, pois foi capaz de caracterizar a reação das cultivares quanto à resistência.

A determinação da reação a PVR é dificultada por ser considerada do tipo incompleta (parcial), de natureza poligênica e por ser muito influenciada pelo ambiente. A resistência para podridão vermelha das raízes em soja tem-se mostrado parcial, pois todos os genótipos analisados até então têm apresentado algum sintoma da doença (NJITI et al., 2002).

No entanto, em um dos primeiros estudos da herança da resistência a PVR, utilizando-se populações segregantes F_2 e $F_{2,3}$, do cruzamento recíproco entre as cultivares de soja 'Ripley' e 'Spencer', em casa de vegetação, foi observado que a capacidade de resistir à manifestação dos sintomas foliares da doença em 'Ripley', era condicionada por um único gene nuclear dominante, o qual foi denominado Rfs (STEPHENS et al., 1993).

Posteriormente, Fronza et. al (2004) detectaram grande influência do ambiente sobre a reação da soja a PVR, a qual foi controlada quantitativamente, com um número mínimo de três genes de resistência, os quais obedeceram a um modelo aditivo-dominante, com maior importância de efeitos dominantes, assim como também verificou Bernardi (2008); além disso, os marcadores moleculares microssatélites evidenciaram a presença de multialelismo e de cinco genes de resistência no dialelo: quatro genes presentes na cultivar de soja 'Forrest' e um gene nas cultivares 'Conquista' e 'Cristalina'. Njiti et al. (2002) relataram que a resistência a PVR foi condicionada por um mínimo de seis loci na população oriunda do cruzamento entre 'Forrest x Essex'.

A utilização de marcadores moleculares torna-se bastante promissora, não só para aumentar a eficiência de seleção de genótipos resistentes a PVR, mas também para auxiliar na escolha de genitores com maior grau de resistência ou apresentando diferentes genes de resistência, visando a incorporação destes em seus descendentes.

Prabhu et al. (1999), relataram a existência de um "cluster" de genes de resistência a doenças no grupo de ligação G, incluindo os genes rhg1 (resistência à raça 3 do NCS) e Rfs1 (resistência a PVR), associado ao marcador Satt038, mostrando que a seleção para resistência a PVR, teve alta correspondência com o fenótipo. Meksem et al. (1999) também fizeram referência a esta associação de genes de resistência (rhg1 e Rfs1) no grupo de ligação G.

Em trabalho mais recente foram relatados seis QTLs responsáveis pela resistência a PVR, sendo cinco associados aos marcadores moleculares microssatélites Satt214, Satt309, Satt570 (todos do grupo de ligação G), Satt371 (grupo de ligação C2) e Satt354 (grupo de ligação I), e um ao marcador RAPD OE021000 (também do grupo de ligação G), os quais explicaram 91% da variação fenotípica para incidência foliar da PVR entre RILs do cruzamento 'Forrest' x 'Essex' (Iqbal et al., 2001). Segundo os autores, pelos resultados obtidos foi demonstrado somente a presença de ação gênica aditiva, o que pode permitir o desenvolvimento de cultivares com resistência durável a PVR via piramidamento de genes. Além disso, outra conclusão importante deste trabalho é que os QTLs associados aos marcadores Satt354 e Satt371 corresponderam aos alelos de resistência derivados do genitor suscetível ('Essex') e, juntamente, explicaram cerca de 40% da variação fenotípica na incidência da PVR. Njiti et al. (2002), trabalhando com marcadores moleculares RFLP, RAPD, microssatélites e AFLP, em outro cruzamento ('Pyramid' x 'Douglas'), fazem referência a três QTLs, os quais explicaram cerca de 60% da variação

fenotípica total da resistência a PVR. Destes, um foi localizado no grupo de ligação G (Satt163), próximo a Satt309 e Satt038, os quais foram fracamente ligados com a resistência a PVR, outro no grupo de ligação C2 (Satt307), e outro no grupo de ligação N (Satt080), próximo de Satt387, o qual também demonstrou forte ligação ao QTL da PVR. De fato, segundo Triwitayakorn et al. (2002), existiriam pelo menos sete genes condicionando resistência a PVR, sendo que estes relataram o sequenciamento de três genes do grupo de ligação G (Rfs1, Rfs2 e Rfs6), sendo os próximos a serem sequenciados os dos grupos de ligação C2 e I respectivamente, Rfs4 e Rfs5.

Farias Neto et. al. (2007) mapearam QTL que confere resistência a SDS em populações desenvolvidas a partir do cruzamento Ripley x Spencer (R x S-1) e PI 567.374 x Omaha (P x O-1). Ambos, Ripley e PI 567.374 têm resistência parcial a PVR e Spencer e Omaha são suscetíveis. Três QTLs associados à resistência a PVR foram mapeados na população R x S-1 e dois QTLs na população P x O-1. Foi mapeado um QTL no mesmo grupo de ligação D2 em ambas as populações. Como nenhum dos QTLs de resistência a PVR identificados em populações de R x S-1 ou P x O-1 foram relatados anteriormente, esses novos QTLs devem ser úteis como fontes de resistência a SDS para os produtores de soja.

Não há ações completamente eficientes de controle dessa doença. O uso de cultivares tolerantes ou com resistência é o método mais efetivo para o controle da PVR em soja (FARIAS NETO et al., 2007). Por isso, testes em casa de vegetação ou observações realizadas em campo, necessitam ser avaliados sob condições ótimas de ocorrência da doença.

A reação das cultivares à podridão vermelha das raízes em soja tem sido avaliada em campo naturalmente infestado, no entanto, esse tipo de avaliação não tem se mostrado eficiente pois o inóculo não ocorre de forma uniforme e homogênea na área avaliada, ademais, é necessário arrancar as plantas para visualizar as raízes infectadas e assim proceder a avaliação através de notas de sintomas visuais e, ao arrancar as plantas, algumas raízes podem vir a quebrar. A reação a doença também pode ser avaliada em casa de vegetação, onde se tem um maior controle ambiental, por meio de inoculação artificial; as avaliações podem ser feitas através de notas visuais de sintomas radiculares, peso seco e volume da raiz (BERNARDI, 2008).

Alguns estudos avaliaram genótipos buscando fontes de resistência para incrementar o nível de resistência da soja a PVR (HARTMAN et al.; 2000; BERNARDI et al., 2007). São citados como fontes de resistência parcial as cultivares as cultivares Forrest, Ripley e Jack, além da PI 520733 (NJITI et al., 2001; KLINGELFUSS et al., 2002); no entanto, não se encontrou

nenhuma informação sobre cultivares com alto teor de óleo que também sejam resistentes a PVR.

Em estudo envolvendo mais de 800 genótipos e inoculação artificial com grãos de sorgo colonizados, entre 728 novas introduções provenientes da China, apenas cinco (PI 567.315, 567.374, 567.441C, 567.650B e 567.664) apresentaram severidade dos sintomas foliares da PVR significativamente inferior à testemunha resistente PI 520733; entre os demais genótipos, os com a menor taxa de severidade dos sintomas foliares foram as cultivares Ripley, Forrest, Hartz 6686, BSR 101, Bass e Jack (HARTMAN et al., 1997).

Em três experimentos conduzidos a campo num mesmo local, envolvendo 91 genótipos, principalmente linhagens experimentais, Farias Neto et al. (2001) observaram que as cultivares EMGOPA 302, EMGOPA 316, Milena e Conquista destacaram-se pela resistência, havendo também linhagens superiores que poderiam servir como fontes de resistência a PVR.

Fronza et. al (2004) estudou a genética da reação da soja a *F. solani* f. sp. *glycines* por meio de inoculação artificial em casa de vegetação e concluiu que as cultivares Forrest e Conquista comportaram-se sempre como resistentes, Cristalina e Estrela como suscetíveis, enquanto IAC-4 apresentou comportamento instável. Bernardi (2008) avaliou 70 cultivares brasileiras quanto à reação a PVR por meio de sintomas radiculares em campo naturalmente infestado em São Gotardo – MG e verificou que as cultivares UFVS 2002, BRS Pétala, CD 213 RR, Monarca e M-Soy 8001 se destacaram em campo infestado por apresentarem alto grau de resistência.

2.1.3 Correlações entre caracteres

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados com a seleção) tem grande importância em programas de melhoramento genético, pois possibilita a tomada de decisões relacionadas à escolha do método de melhoramento mais apropriado; aos caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento e ao peso atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (CRUZ, 2005).

O coeficiente de correlação entre caracteres é um parâmetro que possibilita verificar a magnitude e o tipo de associação (direta ou inversa) existente entre pares de caracteres. Quando a correlação é positiva, os caracteres apresentam associação direta, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica no aumento da média também do outro caráter. Quando a correlação é negativa, os caracteres apresentam associação inversa, ou seja, o aumento na média de um dos caracteres implica na redução da média do outro caráter. Estas informações são muito úteis aos programas de melhoramento genético, pois permitem avaliar estratégias alternativas baseadas na seleção simultânea de caracteres (SILVA, 2008).

As correlações genéticas são devidas, principalmente, ao pleiotropismo e às ligações gênicas em situações de desequilíbrios. O pleiotropismo é o fenômeno pelo qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características, de forma que, se estiver segregando, causará variação simultânea nas características envolvidas. Alguns efeitos pleiotrópicos podem ocorrer no sentido de aumentar as características, enquanto outros podem diminuí-las. O desequilíbrio de ligação gênica é causa transitória da correlação e poderá ser alterado em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas (CRUZ, 2005).

Para verificar o potencial produtivo de grãos e de óleo em soja, Farias Neto e Vello (2001) avaliaram progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ obtidos de vários cruzamentos em cadeia em Piracicaba-SP. Os autores descreveram alta variabilidade genética remanescente após a seleção e detectaram correlações genéticas altas e significativas entre dias para maturação, altura de plantas na maturação, produção de grãos e teor de óleo.

Lopes et al. (2002) estudaram a variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja e verificaram que as correlações genéticas foram maiores que as fenotípicas e de ambiente, indicando que o fenótipo refletiu satisfatoriamente o genótipo. Os autores obtiveram valores de correlações fenotípicas e genéticas altas e positivas entre o caráter produtividade de grãos com os caracteres altura de plantas na maturidade, valor agrônomo e produtividade de óleo e obtiveram correlação praticamente nula entre os caracteres produtividade de grãos e teor de óleo.

Com o objetivo de verificar a herança e relações genéticas entre densidade de semente, teor de proteína, teor de óleo e produtividade de grãos em soja, Silva (2008) avaliou o coeficiente de correlação fenotípica em plantas F_2 oriundas de quatro cruzamentos biparentais e obteve baixa magnitude dos coeficientes de correlação nos quatro cruzamentos estudados entre o caráter teor

de óleo com os caracteres número de dias para a maturidade, altura de plantas, produtividade de grãos e de óleo, bem como o caráter produtividade de grãos que só obteve alta correlação com a produtividade de óleo.

Iqbal et al. (2010) avaliaram a correlação fenotípica entre 139 genótipos de soja e observaram que produtividade de grãos foi correlacionada positiva e significativamente com os caracteres número de dias na maturidade, peso de 100 sementes e teor de óleo, enquanto o caráter teor de óleo apresentou correlação baixa e negativa com os caracteres altura de plantas e número de dias na maturidade.

É importante ressaltar que o grau de associação entre os caracteres varia muito de uma população para outra. Esse fato evidencia que as correlações devem ser estimadas dentro de cada população sob melhoramento, para que o melhorista obtenha maior eficiência no processo de seleção.

2.1.4 Uso de marcadores moleculares

Genótipos superiores selecionados com o auxílio de marcadores moleculares representa o coroamento da associação entre o melhoramento dito convencional e as modernas técnicas de biologia molecular disponíveis atualmente. Esta metodologia apresenta enormes potencialidades de uso na seleção de genótipos resistentes às doenças, principalmente aquelas provocadas por patógenos de solo e/ou controladas por mecanismos de resistência condicionados por vários locos de características quantitativas (QTLs), como é o caso da PVR (PRABHU et al., 1999; IQBAL et al., 2001; NJITI et al., 2002; FRONZA et al., 2004; YAMANAKA, 2006; FARIAS NETO, 2007; KAZI et al., 2008).

A localização de genes e regiões genômicas que controlam características de interesse econômico, sejam elas qualitativas ou quantitativas, tem sido feita eficientemente através do emprego de marcadores moleculares organizados em mapas de ligação. Contudo, a eficiência da estratégia de mapeamento de QTLs em estudos de ligação depende, entre outros fatores, da herdabilidade da característica, da disponibilidade de marcadores moleculares distribuídos ao longo do genoma, da análise de grande número de indivíduos em diferentes gerações de populações segregantes, do potencial desenvolvimento de mapas físicos e tem sido limitada a

locos de maior efeito na variação fenotípica da característica quantitativa (FERREIRA e GRATTAPAGIA, 2006).

Em vista disso, novas estratégias na identificação e isolamento de genes candidatos de características quantitativas é fundamental. Uma dessas estratégias é o mapeamento associativo, que não requer o desenvolvimento de populações de mapeamento e baseiam-se em desequilíbrios de ligação já existentes nas populações. A diversidade genética é avaliada em populações naturais para identificar os polimorfismos que se correlacionam com a variação fenotípica e, assim, criar associações entre marcadores genéticos e o fenótipo, permitindo explorar a diversidade alélica de cada espécie (FLINT-GARCIA et al., 2003).

O mapeamento associativo ou genética de associação tem como princípio fundamental o desequilíbrio de ligação e, tem sido uma abordagem alternativa para mapeamento de QTLs e genes associados a características de interesse. O desequilíbrio de ligação é a associação não ao acaso de alelos em diferentes *loci*, é a correlação entre polimorfismos que é causada pela sua história compartilhada de mutação e recombinação. Inicialmente, o desequilíbrio de ligação está presente em uma população em uma taxa determinada pela distância genética entre os dois *loci* e o número de gerações desde que ele surgiu (FLINT-GARCIA et al., 2003). Se existe desequilíbrio de ligação entre um marcador e um loco associado a um caráter, então específicos alelos ou haplótipos podem estar associados com os valores fenotípicos em alto nível de significância estatística. O estudo de associação verifica se o haplótipo que contém o alelo mutante retém os alelos nos locos adjacentes por várias gerações de recombinação a partir de um população ancestral.

Uma série de estatísticas tem sido usadas para medir o desequilíbrio de ligação, sendo que todas têm como componente básico a diferença entre as frequências alélicas observada e esperada. As duas estatísticas mais usadas para mensurar o desequilíbrio de ligação são r^2 e D' (FLINT-GARCIA et al., 2003). A estatística r^2 , também descrita na literatura como D^2 , é a correlação ao quadrado entre a presença e ausência de alelos em diferentes *loci* (HILL e ROBERTSON, 1968).

Em soja, já foram realizados alguns estudos com genética de associação, visando encontrar genes candidatos para os caracteres teor de proteína (JUN et al., 2008), teor de óleo e proteína (SHI et al., 2010), resistência à deficiência de ferro (CHARLSON et al., 2003 e WANG et al., 2008). Esta metodologia de mapeamento associativo tem se mostrado promissora para identificar QTLs visando o uso em programa de melhoramento assistido por marcadores.

Duas estratégias são adotadas em estudos associativos, uma aborda o genoma todo (*genome-wide*) e a outra é uma abordagem por meio de genes candidatos (*candidate gene*). Na primeira estratégia, um grande número de marcadores, distribuídos ao longo do genoma e preferencialmente com posição conhecida em um mapa físico da espécie, é usado na genotipagem da população. Os mesmos indivíduos são fenotipados para os caracteres de interesse. Os marcadores são usados para avaliar todos os genes simultaneamente. A segunda estratégia, gene-candidato, foca em genotipar regiões do genoma que aportam os genes candidatos (GEBHARDT, 2007). A análise funcional de genes que atuam na resistência aos patógenos, ou em qualquer outra rota metabólica importante, sejam estes genes identificados na própria espécie em estudo, ou em espécies modelo, como *Arabidopsis thailana*, abastecem a oferta de genes-candidatos para estudos associativos (GEBHARDT et al., 2007).

Ambas as estratégias tiram proveito do nível de desequilíbrio de ligação presente na população (MORGANTE e SALAMINI, 2003). A natureza do desequilíbrio de ligação determina qual o tipo de abordagem associativa que deve ser adotada. A razão com que ocorre o declínio do desequilíbrio de ligação em função da distância genética ou física na população em estudo é que define se deve ser usada a estratégia de avaliação do genoma todo ou de genes-candidatos (FLINT-GARCIA et al., 2003). Quando o desequilíbrio de ligação decai em uma distância curta ao longo do cromossomo, o número de marcadores ao acaso necessários para encontrar associações significativas pode ser substancialmente grande (MALOSETTI et al., 2007). De modo geral, quando o desequilíbrio de ligação é pequeno na população, um grande número de marcadores será necessário para detectar uma associação, porém, tem-se o potencial de atingir um mapa com alta resolução. Inversamente, quando o desequilíbrio de ligação é grande na população em estudo, um número menor de marcadores será necessário para detectar associações.

Estudos associativos têm sido a principal aplicação do desequilíbrio de ligação. Antes de examinar associações entre marcadores e caracteres fenotípicos, é calculado o desequilíbrio de ligação entre pares de marcadores seguindo uma das metodologia previamente descritas. Quando existe desequilíbrio de ligação entre um marcador molecular e um *locus* que controla um caráter de interesse, os marcadores podem estar associados aos valores fenotípicos mensurados na população de indivíduos (LANDER e SCHORCK, 1994).

2.2 Material e Métodos

2.2.1 Material genético

No período de dezembro de 2007 a fevereiro de 2008 foram realizadas 940 hibridações biparentais, tendo sucesso (obtenção de vagens) 576 hibridações, entre sete genitores com resistência a PVR (grupo 1 ou G₁) e sete genitores com alta produtividade de óleo (grupo 2 ou G₂). Estes genitores foram selecionados a partir de avaliações em casa de vegetação e no campo, nas safras 2005/2006 e 2006/2007 pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas, Departamento de Genética, ESALQ/USP, em Piracicaba – SP. Trata-se de um dialelo parcial com um total de 49 cruzamentos, os quais foram efetuados em casa de vegetação. Os genitores utilizados estão apresentados na Tabelas 1 e 2.

2.2.2 Obtenção das sementes F₁ e F₂

No ano agrícola 2007/08 foram realizados os cruzamentos em casa de vegetação utilizando múltiplas datas de semeadura, visando-se sincronizar o florescimento e prolongar o período de florescimento. Genitores com marcadores fenotípicos recessivos (flor branca e pubescência cinza) foram empregados preferencialmente como genitores femininos para facilitar e antecipar a confirmação dos híbridos F₁.

A semeadura dos genitores para os cruzamentos foi realizada em vasos com uma mistura de três partes de terra e uma parte de adubo orgânico e após a germinação foi feito um desbaste, deixando-se duas plantas por vaso.

No inverno de 2008 foi realizado o avanço da geração F₁, em casa de vegetação. Cada vagem F₁ foi semeada individualmente, em vasos de cerâmica com cerca de quatro litros de solo, colocando-se cada semente em uma cova, num total de nove vasos por cruzamento e por genitor.

As plantas F₁ foram colhidas individualmente e as sementes F₂ obtidas foram utilizadas para a semeadura em covas no campo.

2.2.3 Geração F₂

Após a obtenção das sementes F₂ advindas do dialelo parcial 7x7, estas foram semeadas em 06/11/2008 no ano agrícola 2008/2009, em covas espaçadas de 0,8 m x 0,8 m, em área experimental do Departamento de Genética/ESALQ/USP, sendo semeadas até seis sementes por cova, com posterior desbaste, deixando-se uma planta por cova, que consiste no método SHDT (Single Hill Descent Thinned), proposto por Vello (1992).

O experimento foi conduzido em blocos ao acaso, com seis repetições. Então cada cruzamento foi representado por 72 plantas F₂, sendo a parcela composta por 12 plantas F₂. Foram semeados os 49 cruzamentos e 14 genitores. Devido à extensão da área do bloco, este foi subdividido em três conjuntos experimentais (Figura 2). Cada conjunto constituiu-se de três testemunhas comuns: MG/BR-46 Conquista (Conquista), FMT-Tucunaré e UFVS 2002, mais 21 genótipos. Com isso, as testemunhas comuns permitiram avaliar a uniformidade dos blocos e caso necessário, proceder ao ajuste.

Os principais caracteres avaliados foram os seguintes:

- Número de dias para a maturidade (NDM) – compreendeu o período entre a semeadura e a data em que a planta atingiu o estágio R₈ (FEHR e CAVINESS, 1977);
- Valor agronômico (VA) – avaliado na maturidade, com escala visual de notas, variando de 1,0 (plantas inadequadas agronomicamente) a 5 (plantas excepcionais agronomicamente); trata-se de um caráter subjetivo, que reúne em um índice visual os atributos observados na cova, em termos de indicadores de produtividade e adaptação;
- Produtividade de grãos (PG) por planta (g.planta⁻¹), avaliada na maturidade;
- Teor de óleo nas sementes (TO); a avaliação foi feita por aparelho de espectrometria de ressonância magnética nuclear (NMR), na Embrapa Instrumentação Agropecuária em São Carlos - SP; a avaliação do teor de óleo nas sementes F₃ foi interpretada como sendo correspondente à performance das plantas F₂, devido à herança nuclear materna do caráter (MIRANDA et al., 1984).
- Produtividade de óleo (PO) por planta (g.planta⁻¹), obtida pelo produto entre a produtividade de grãos e o teor de óleo nas sementes, dividido por 100.

2.2.3.1 Análises estatístico-genéticas da geração F₂

Para atingir os objetivos desta parte do trabalho, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS® (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE INC., 1999) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 2006).

Em princípio, procedeu-se à avaliação para determinar a necessidade de ajuste dos dados, pela análise de variância das testemunhas comuns dentro dos conjuntos experimentais. Com isso, testou-se a uniformidade ambiental dentro dos conjuntos. Quando houve desuniformidade, as médias das plantas F₂ e genitores tiveram seus valores ajustados pelas testemunhas comuns. Para esta análise utilizou-se o seguinte modelo estatístico: eq. (1).

$$Y_{ijk} = \mu + t_i + c_k + (tc)_{ik} + r_j + e_{(ijk)} \quad (1)$$

Em que:

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

μ : efeito fixo da média geral do experimento;

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

c_k : efeito aleatório do conjunto k, sendo (k = 1, 2 e 3);

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

r_j : efeito aleatório da repetição j, sendo (j = 1, 2,..., 6);

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

Quando foi constatado que as fontes de variação conjuntos ou a interação testemunhas x conjuntos foram significativas, houve a necessidade de estimar a correção ambiental. Para tanto, foi obtido um índice de correção calculado para cada conjunto, obtido pela diferença entre a média das testemunhas em um dado conjunto e a média geral das testemunhas. Essa correção ambiental foi feita com todas as plantas e genitores de cada conjunto (PIMENTEL GOMES, 2000).

Com as médias ajustadas, caso necessário, as análises de variância foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso com mais de uma planta avaliada por parcela: eq. (2).

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + r_j + e_{(ij)} + d_{(ij)k} \quad (2)$$

Em que:

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

μ : efeito fixo da média geral do experimento;

g_i : efeito fixo do genótipo i, sendo ($i = 1, 2, \dots, 63$);

r_j : efeito aleatório da repetição j, sendo ($j = 1, 2, \dots, 6$);

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

$d_{(ij)k}$: efeito aleatório da planta k dentro da parcela ij, ($k = 1, 2, \dots, 12$).

Em uma fase anterior à análise de variância dos dados experimentais, realizou-se uma análise de resíduos para todos os caracteres avaliados. O principal objetivo desta análise foi verificar e detectar a existência de dados discrepantes (“outliers”). Além desta função, a análise de resíduos também auxilia na verificação da homogeneidade das variâncias, no ajustamento dos erros à distribuição normal, além das suposições de independência dos erros no modelo matemático.

Auxiliando a verificação da presença dos “outliers”, utilizaram-se gráficos envolvendo os resíduos padronizados e o valor ajustado, chamado pelo modelo de valor predito, para cada observação. Através dos gráficos, quando constatada a presença de “outliers”, estes dados foram substituídos pelos valores preditos correspondentes e, então, uma nova análise de resíduos foi realizada, para confirmar a resolução do problema. Tal procedimento foi efetuado para todos os caracteres.

Os procedimentos estatísticos adotados para as análises de variância também envolveram o desdobramento da fonte de variação genótipos em genitores, cruzamentos e no contraste genitores vs. cruzamentos.

2.2.3.1.1 Herdabilidade e comparação de médias

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

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

σ^2_E : é a variância ambiental estimada a partir da média das variâncias dentro de cada genitor (P1 e P2). Como os genitores são genótipos homozigóticos (linhagens), esta variância é toda de natureza ambiental;

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

Portanto, os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), em porcentagem, foram estimados de acordo com a seguinte expressão: eq. (3)

$$h^2_a = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_F} \times 100 \quad (3)$$

A comparação de médias foi realizada por meio do agrupamento de médias pelo método de Scott e Knott (1974). Por este método, as médias de tratamentos são classificadas em grupos, sem sobreposição, através das diferenças significativas existentes, sendo indicado para experimentos com delineamento balanceado e com número de tratamentos superior a 20.

O critério de classificação baseou-se num processo hierárquico ou de ramificação, dividindo-se as médias de tratamentos em dois grandes grupos e, assim, sucessivamente em novos subgrupos, cada novo subgrupo contendo padrões de similaridade em seu conjunto de médias. O processo de divisões encerrou-se quando tentou-se dividir um subgrupo em dois novos e estes não apresentaram diferenças significativas. Em suma, visa-se a máxima homogeneidade dentro do grupo e, conseqüentemente, a máxima heterogeneidade entre grupos; para maiores detalhes ver Scott e Knott (1974) e Pacova (1992).

2.2.3.1.2 Análises dialélicas

Dentre as metodologias que permitem a análise genética, sem dúvidas, o estudo de cruzamentos dialélicos é a que fornece mais subsídios para o melhorista conduzir seu programa de melhoramento envolvendo hibridações artificiais.

2.2.3.1.2.1 Análise da capacidade combinatória

A partir das médias obtidas para todos os caracteres procedeu-se a análise dialélica, de acordo com o método 2 de Griffing (1956) envolvendo genitores e F_1 's, conforme adaptação de Geraldi e Miranda Filho (1988) para um dialelo parcial, em que foram estimadas as capacidades gerais de combinação (CGC) e as capacidades específicas de combinação (CEC) a fim de se prever o potencial e a capacidade de combinação dos cruzamentos. A análise de variância do dialelo foi realizada utilizando-se o seguinte modelo matemático: eq. (4)

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + e_{ij} \quad (4)$$

Em que:

Y_{ij} : média do cruzamento envolvendo o i-ésimo genitor do grupo 1 e o j-ésimo genitor do grupo 2;

Y_{i0} : média do i-ésimo genitor do grupo 1 ($i = 1, 2, \dots, 7$);

Y_{0j} : média do j-ésimo genitor do grupo 2 ($j = 1, 2, \dots, 7$);

μ : média geral do dialelo;

d_1, d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo genitor do grupo 1;

g'_j : efeito da capacidade geral de combinação do j-ésimo genitor do grupo 2;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação entre os genitores i e j; e

e_{ij} : erro experimental médio.

2.2.3.1.2.2 Análise dialélica de Jinks e Hayman

A partir das médias obtidas para todos os caracteres procedeu-se a análise dialélica, de acordo com as bases teóricas desenvolvidas para geração F_1 (Hayman, 1954), adaptada para dialelos parciais com uso da geração F_2 por Viana et al. (1999). A aplicação dessa metodologia baseia-se nas seguintes suposições:

- 1 – Segregação diplóide;
- 2 – Ausência de efeitos recíprocos entre cruzamentos;
- 3 – Ação independente de genes não alélicos (ausência de epistasia);
- 4 – Ausência de alelos múltiplos;
- 5 – Linhagens genitoras homozigóticas;
- 6 – Distribuição independente dos genes nos genitores.

A primeira suposição é normal da espécie, a 2ª e a 5ª suposições são prováveis que sejam razoavelmente atendidas. Quanto à 3ª suposição que se refere à epistasia, o próprio modelo testa a significância dos desvios e só deve ser aplicado se os mesmos não forem significativos. Contudo, a 4ª e a 6ª suposições poderão apresentar alguns desvios.

A partir da tabela dialélica foram estimadas as variâncias entre genitores (V_g), variância dentro de cada “i” fileira da tabela dialélica (V_i), média das variâncias estimadas dentro das fileiras da tabela dialélica ($\bar{V}$), variância entre as médias das fileiras da tabela dialélica (V_M), covariância entre a diagonal dos genitores e os genótipos da i-ésima fileira da tabela dialélica (W_i), média das covariâncias estimadas entre a diagonal dos genitores e os genótipos da i-ésima fileira da tabela dialélica ($\bar{W}$). As equações para as estimativas destes parâmetros encontram-se detalhadas nos trabalhos de Viana et. al. (1999), Lopes (2001), Fronza (2003) e Cruz et. al. (2004).

Em seguida foi efetuada a análise gráfica, com base na regressão linear entre os valores de $\hat{W}_i$ e $\hat{V}_i$, na qual as equações das estimativas de $W_i = a + bV_i$ e $W_i^2 = V_g \cdot V_i$ permitem, respectivamente, a construção da reta e da parábola limitante, em que “a” corresponde ao intercepto e “b” ao coeficiente angular.

O teste de suficiência do modelo aditivo-dominante, ou seja, a verificação se os dados de cada variável analisada atenderam às restrições impostas para a utilização do modelo genético de Jinks e Hayman, foi efetuado conforme indicado por Cruz e Regazzi (1997), no qual foi testado

se o coeficiente angular “b” foi igual a 1,0 ($H_0: b = 1,0$ vs. $H_1: b \neq 1,0$), utilizando-se a análise de regressão linear de $\hat{W}_i$ em função de $\hat{V}_i$ para se obter o valor do quadrado médio do desvio da regressão (QMdesvio) e depois a variância de “b”, procedendo-se então a um teste “t” com “n-2” graus de liberdade. Se o coeficiente angular da reta foi diferente de zero e igual a 1,0, houve atendimento das restrições do modelo.

A metodologia de Jinks e Hayman permite estimar os seguintes componentes de variação genética:

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

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

$\hat{H}_2$: estimativa do componente de variância genética dominante corrigido para a distribuição gênica; indica a assimetria dos efeitos positivos e negativos dos genes; teoricamente, $\hat{H}_1 > \hat{H}_2$; se $\hat{H}_1 = \hat{H}_2$, isto indica simetria entre os genes de efeito positivo e aqueles de efeito negativo;

$\hat{F}$: estimativa do componente genético correspondente à covariância entre os efeitos aditivos e dominantes dos genes; indica a frequência relativa dos alelos dominantes e recessivos no conjunto dos genitores; o seu valor será positivo se os alelos dominantes estiverem em maior frequência que os recessivos e, negativo, se os alelos recessivos predominarem.

A partir das estimativas dos componentes genéticos D, H_1 , H_2 e F foram então estimados os seguintes parâmetros genéticos, cujas interpretações se referem exclusivamente ao grupo de genitores utilizados no presente estudo:

1 – Grau médio de dominância ($\hat{gmd}$), em que:

$\hat{gmd} = 0$ (ausência de dominância)

$0 < \hat{gmd} < 1$ (dominância parcial)

$\hat{gmd} = 1$ (dominância completa)

$\hat{gmd} > 1$ (sobredominância)

2 – Proporção entre genes dominantes (d) e recessivos (r) (d/r), em que:

$d/r \cong 1$ (distribuição uniforme, nos genitores, dos genes dominantes e recessivos)

$d/r > 1$ (maior frequência dos genes dominantes em relação aos recessivos, nos genitores)

$d/r < 1$ (maior frequência dos genes recessivos em relação aos dominantes, nos genitores)

3 - Produto das frequências médias dos alelos de efeitos positivos e negativos nos locos em que ocorre dominância (simetria), em que:

- o valor próximo de 0,25 indica que os alelos com efeitos positivos e os alelos com efeitos negativos estão distribuídos uniformemente nos genitores;

- valores diferentes de 0,25 indicam distribuição desuniforme tanto dos alelos que contribuem para aumentar como para diminuir a expressão do caráter.

4 – Herdabilidade no sentido restrito (h_r^2): estimada pelo processo algébrico apresentado por Mather e Jinks (1984).

5 – Correlação entre alelos favoráveis e dominância (r); valor de “ r ” próximo de 1 indica que os alelos recessivos, em sua maioria, contribuem para aumentar a média do caráter; se próximo de -1, os alelos dominantes é que contribuem para aumentar a média do caráter; e se próximo de zero, há ausência de dominância direcional.

As equações para as estimativas dos componentes da variação genética e dos parâmetros genéticos encontram-se detalhadas nos trabalhos de Viana et. al. (1999), Lopes (2001), Fronza (2003) e Cruz et. al. (2004).

Ademais, observou-se a distribuição de alelos dominantes e recessivos nos genitores, em que os genitores com maior número de alelos dominantes originaram progênie com variância ($\hat{V}_i$) mínima entre si e também com covariância genitor-progênie ($\hat{W}_i$) mínima; por outro lado, genitores com maior número de alelos recessivos originaram progênie com elevados valores de $\hat{V}_i$ e $\hat{W}_i$; desta forma, a soma $\hat{W}_i + \hat{V}_i$ é considerada um indicador da concentração relativa de alelos dominantes e recessivos nos genitores (CRUZ et al., 2004). Esta informação é obtida pela observação do gráfico construído previamente com base na regressão linear entre os valores de $\hat{V}_i$ e $\hat{W}_i$, dada pela equação $\hat{W}_i = a + bV_i$. A distribuição dos genitores ao longo da reta de regressão indica a sua constituição genética para o caráter. Assim, genitores com os menores

valores de $\hat{V}_i$ e $\hat{W}_i$, ou seja, aqueles situados na parte inferior esquerda do gráfico, apresentam maior proporção de alelos dominantes; em contraste, os genitores com os maiores valores de $\hat{V}_i$ e $\hat{W}_i$, ou seja, aqueles situados na parte superior direita do gráfico, apresentam maior proporção de alelos recessivos. Genitores situados em posição intermediária apresentam proporções semelhantes de alelos dominantes e recessivos.

2.2.4 Geração $F_{2:3}$

A geração $F_{2:3}$ foi avaliada na Estação Experimental Anhembi do Departamento de Genética, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, da Universidade de São Paulo, a uma altitude média de 480m, com um solo do tipo LATOSSOLO AMARELO, distrófico, contendo 72% de areia, 20% de argila e 8% de silte e um pH médio de 6,4 (após correção com calcário dolomítico).

A geração $F_{2:3}$ foi semeada em fileiras de 2,0 m x 0,5 m, separadas por um corredor de 1,0 m, em novembro de 2009, na safra 2009/2010. Cada fileira de progênie $F_{2:3}$ originou-se de uma planta F_2 . Com base na avaliação dos caracteres da geração F_2 e na quantidade de sementes foi possível utilizar 40 plantas da geração F_2 de cada um dos 49 cruzamentos, totalizando 1.960 progênies.

Foram realizados dois experimentos, sendo um com as progênies $F_{2:3}$ e outro com os genitores (Figura 3).

O experimento das progênies foi delineado em blocos ao acaso, com duas repetições organizadas em conjuntos experimentais com testemunhas adicionais, sendo cada bloco subdividido em 49 conjuntos experimentais, cada um deles contendo quatro testemunhas comuns (Conquista, FMT - Tucunaré, UFVS 2002 e M-Soy 6101) mais 40 progênies $F_{2:3}$.

O experimento dos genitores foi avaliado em delineamento de blocos ao acaso com seis repetições; cada bloco contém os 14 genitores e as quatro testemunhas comuns. Essas testemunhas comuns permitiram comparações dos genitores com as progênies.

Os caracteres avaliados neste experimento foram:

- Altura da planta na maturidade (APM) – média da parcela quando as plantas se encontrarem na maturidade plena, medindo-se a distância (cm) do colo da planta até a inserção da vagem mais distal da haste principal.

- Acamamento (AC) – nota visual variando de 1 (100% das plantas eretas na parcela) a 5 (100% das plantas acamadas na parcela).

- Número de dias para a maturidade (NDM) – compreendeu o período entre a emergência e a data em que a planta atingiu o estágio R₈ (FEHR e CAVINESS, 1977);

- Valor agrônômico (VA) – avaliado na maturidade, com escala visual de notas, variando de 1,0 (parcelas inadequadas agronomicamente) a 5 (parcelas excepcionais agronomicamente, com grande número de vagens, sem acamamento, ausência de haste verde, sem debulha, sem sintomas de doenças);

- Produtividade de grãos (PG) por parcela (g.parcela⁻¹), avaliada na maturidade;

- Teor de óleo nas sementes (TO) – a avaliação foi feita por meio da metodologia de Near InfraRed (NIR) no Laboratório de Diversidade Genética e Melhoramento do Departamento de Genética da ESALQ/USP.

- Produtividade de óleo (PO) por parcela (g.parcela⁻¹), obtida pelo produto entre a produtividade de grãos e o teor de óleo nas sementes, dividido por 100.

Pelo fato de a avaliação do teor de óleo ter sido efetuada na geração F₂ por meio da metodologia de ressonância magnética nuclear (NMR) e na geração F_{2:3} pela metodologia de infra-vermelho próximo (NIR), foi necessário avaliar genótipos homozigotos ou linhas puras, neste caso os 14 genitores, sob as duas metodologias. Em seguida, por meio de regressão linear e consequente coeficiente de determinação (R²) e de correlação (r) demonstrou-se que ambas as metodologias são eficientes e comparáveis na avaliação do teor de óleo em sementes de soja, Figura 1.

2.2.4.1 Análises estatístico-genéticas da geração F_{2:3}

Nesta etapa do trabalho, foi realizada a análise dos dados no pacote computacional SAS® (Statistical Analysis System) (SAS INSTITUTE INC., 1999) e também no pacote computacional GENES (CRUZ, 2006).

A partir dos dados de progênies F_{2:3} estimou-se, para cada cruzamento, a média aritmética, o desvio padrão e o intervalo de variação (valores mínimo e máximo).

2.2.4.1.1 Análises de variância

Em princípio, procedeu-se à análise de variância das testemunhas comuns no experimento das progênies e no experimento dos genitores e, posteriormente, realizou-se um teste t com a média dos dois experimentos (PIMENTEL GOMES, 2000). Com isso, testou-se a uniformidade ambiental entre os experimentos. Quando houve desuniformidade, as progênies F_{2:3} e os genitores tiveram seus valores ajustados pelas testemunhas comuns. Eq. (5).

$$t = \frac{m_1 - m_2}{s \sqrt{\frac{1}{r_1} + \frac{1}{r_2}}} \quad (5)$$

Em que:

m_1 e m_2 : média das testemunhas no experimento das progênies e dos genitores, respectivamente;

s : desvio padrão médio entre os experimentos das progênies e dos genitores;

r_1 e r_2 : número de repetições no experimento das progênies e dos genitores, respectivamente.

Quando foi constatada significância do teste t, houve a necessidade de estimar a correção ambiental. Para tanto, foi obtido um índice de correção calculado para cada experimento, obtido pela diferença entre a média das testemunhas em um dado experimento e a média geral das

testemunhas. Essa correção ambiental foi feita para todas as progênies e genitores de cada experimento (PIMENTEL GOMES, 2000).

Com as médias ajustadas, caso necessário, as análises de variância foram feitas segundo o delineamento experimental de blocos ao acaso, e foi possível comparar, por meio de contraste, os genitores com as progênies $F_{2:3}$.

Em uma fase anterior à análise de variância dos dados experimentais, realizou-se uma análise de resíduos para todos os caracteres avaliados, conforme verificado no item 2.2.3.1.

Nesta geração, realizou-se uma comparação de médias por meio do agrupamento de médias pelo método de Scott e Knott (1974), como descrito na geração F_2 .

Além disso, foi efetuada uma análise dialélica, de acordo com o modelo de Griffing (1956), como descrito na geração F_2 , para as progênies $F_{2:3}$, a fim de comparar as capacidades gerais e específicas de combinação da geração F_2 com a geração F_3 e, calculou-se também uma correlação simples entre as capacidades de combinação de ambas as gerações.

2.2.5 Coeficientes de correlação

2.2.5.1 Associação entre as gerações F_2 e $F_{2:3}$

O conhecimento das correlações dos caracteres envolvendo diferentes gerações é importante na elaboração e direcionamento de um programa de melhoramento, pois fornece uma estimativa do efeito genotípico e, desse modo, indica quais caracteres são promissores para realizar seleção em fases iniciais de um programa.

Com o objetivo de verificar a possibilidade de se selecionar, em gerações iniciais, os cruzamentos promissores, foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson (r_p) e os coeficientes de classificação de Spearman (r_s), entre as gerações F_2 e F_3 para os caracteres NDM, VA, PG, TO e PO, com base nos n pares de valores individuais (planta F_2 , progênie $F_{2:3}$), dentro de cada um dos 49 cruzamentos. A significância das estimativas dos coeficientes de correlação foi verificada pela aplicação do teste t , com $n-2$ graus de liberdade (WITTE e WITTE, 2005).

A estimativa do coeficiente de correlação de Spearman foi realizada para verificar se ocorre concordância na classificação dos genótipos e, além disso, para se observar o possível

efeito de escala ambiental na ordem classificatória (“rank”) dos valores individuais F_2 e F_3 , visto que a realização da semeadura de ambas as gerações ocorreu em dois anos distintos.

2.2.5.2 Coeficientes de correlação fenotípica e genética

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

a) Correlação fenotípica:

$$r_{F(x,y)} = \frac{COV_{F(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{F(x)}^2 \cdot \sigma_{F(y)}^2}} \quad (6)$$

Em que:

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

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

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

b) Correlação genética:

$$r_{G(x,y)} = \frac{COV_{G(x,y)}}{\sqrt{\sigma_{Gx}^2 \cdot \sigma_{Gy}^2}} \quad (7)$$

Em que:

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

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

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

A significância das estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genética foi verificada pela aplicação do teste t, com $n-2$ graus de liberdade (WITTE e WITTE, 2005).

2.2.6 Avaliação da podridão vermelha das raízes (PVR)

2.2.6.1 Avaliação fenotípica da reação a PVR em casa de vegetação

2.2.6.1.1 Obtenção e repicagem do isolado do patógeno

O isolado de *Fusarium solani* f.sp. *glycines* utilizado foi obtido junto ao Laboratório de Fitopatologia da Embrapa Soja, Londrina-PR, sendo denominado SDS-5, o qual foi considerado como o mais patogênico entre todos os isolados coletados no Brasil pela equipe da Embrapa.

O isolado do fungo utilizado nesta pesquisa foi mantido em placas de Petri, a $23 \pm 2^\circ\text{C}$ (BOD), sendo o BDA o meio de cultura utilizado para desenvolvimento e repicagem do fungo.

2.2.6.1.2 Preparo do inóculo e inoculação

No experimento conduzido em casa de vegetação, a inoculação do patógeno foi realizada através da metodologia adaptada de Medeiros (2003) e Bernardi (2008), do grão de sorgo infestado em bandejas de plástico de 50 células.

Foi utilizado o substrato Plantimax (para hortaliças) em volume suficiente para completar as células das bandejas (90cm³ cada célula). Em função do volume a ser utilizado de substrato, foram adicionados 2% de grãos de sorgo infestados com *F. solani* f.sp. *glycines*; estes foram homogeneizados com o substrato em um tambor misturador de sementes. Após a homogeneização do substrato com o sorgo infestado, este foi colocado nas células das bandejas para se proceder a semeadura dos genótipos de soja.

O inóculo foi multiplicado em frascos de Erlenmeyer de 250 mL. Colocou-se em cada frasco cerca de 60 cm³ de grãos de sorgo vermelho e em seguida foi adicionada água destilada em volume suficiente para cobrir os grãos de sorgo (aproximadamente 70 cm³). Após este período, os frascos contendo as sementes embebidas foram autoclavados duas vezes (20 minutos por autoclavagem) a 121°C e 1 atm, com intervalo de 24 horas. Antes da segunda autoclavagem, o excesso de água de cada Erlenmeyer, quando necessário, foi retirado. Após o resfriamento dos grãos de sorgo, em ambiente asséptico, cada frasco recebeu 15 discos, com 5mm de diâmetro, de meio BDA colonizado com o FSG em desenvolvimento por cerca de dez dias, quando a colônia já começava a apresentar coloração azulada ($\pm 2,0 \times 10^5$ esporos/mL, contados por meio de câmara de Neubauer). Após adição dos discos colonizados, foram adicionados cerca de 5mL de água destilada e esterilizada em cada Erlenmeyer para promover melhor dispersão dos esporos e micélio e o umedecimento dos grãos de sorgo. Após estas etapas, os frascos foram incubados em BOD a 23±2°C com fotoperíodo de 12 h de luz e 12 h de escuro. Para promover o crescimento uniforme do micélio do fungo dos grãos de sorgo e para manter os grãos soltos, os frascos foram agitados a cada dois dias.

Os sintomas radiculares foram avaliados, em casa de vegetação, com base na severidade dos sintomas no sistema radicular (porcentagem da raiz principal infectada), retirando-se cada planta da célula da bandeja, utilizando-se a seguinte escala, de forma semelhante a Wruck et al. (2006) e Bernardi et al. (2007).

1 - Ausência de sintomas necróticos da PVR na raiz principal;

- 2 - Em torno de 25% da raiz principal com sintomas da PVR;
- 3 - Em torno de 50% da raiz principal com sintomas da PVR;
- 4 - Em torno de 75% da raiz principal com sintomas da PVR;
- 5 - 100% da raiz principal com sintomas da PVR.

2.2.6.1.3 Instalação e condução do experimento em casa de vegetação

No inverno de 2010 (agosto-setembro) foram avaliadas 1.470 progênies $F_{2:4}$, sendo 30 progênies de cada um dos 49 cruzamentos, oriundas de progênies $F_{2:3}$ com alta produtividade de óleo, mais os 14 genitores do dialelo original em condições de casa de vegetação (temperatura e umidade controladas) do Departamento de Genética da ESALQ – USP. Foram utilizadas bandejas plásticas com 50 células, contendo substrato com o inóculo.

O experimento foi composto por quatro repetições, dispostas em blocos ao acaso, e a parcela experimental foi composta por uma célula com uma planta cada (Figura 4). Após 35 dias da semeadura, as plantas foram cuidadosamente retiradas e as raízes lavadas com água e avaliadas segundo a escala descrita no item 2.2.6.1.2.

A partir dos dados coletados, realizou-se análise de variância, comparações entre médias por meio do teste Scott e Knott (1974) e cálculo de correlações fenotípicas e genéticas, conforme as expressões apresentadas por Cruz e Regazzi (2001).

2.2.7 Seleção Simultânea

Selecionou-se os cruzamentos potenciais com base numa seleção simultânea de oito caracteres (NDM, APM, AC, VA, PG TO PO e PVR), visando a obtenção de progênies promissoras em produtividade de óleo, tolerância à podridão vermelha das raízes e com boas características agronômicas.

Para isso, determinados limites foram estabelecidos obedecendo-se os grupos de classificação do critério de Scott e Knott (1974), para cada caráter, assim como o intervalo dos

valores em cada grupo e a classe a qual pertence determinado(s) grupo(s) são apresentados na Tabela 35.

2.2.8 Uso de marcadores moleculares

2.2.8.1 Material vegetal

Um total de 87 linhagens $F_{2:4}$ e seis genitores do dialelo foram selecionados para os estudos moleculares com base em estudo inicial dos 14 genitores por meio de sete locos SSR citados na literatura como associados a PVR (OLIVEIRA et al., 2010), tendo sido incluídos os seguintes cruzamentos:

População RR = formada por dois genitores (USP 14-01-20 (2) e USP 70004 (10)) tolerantes a PVR e 29 progênies $F_{2:4}$ do cruzamento entre eles;

População RS = formada por dois genitores (PI 520.733 (5) e A 7002 (13)), onde o primeiro genitor teve a característica de tolerância e o segundo de suscetibilidade a PVR e, 29 progênies $F_{2:4}$ do cruzamento entre eles;

População SS = formada por dois genitores (IAC 100 (6) e USP 70109 (11)) suscetíveis a PVR e 29 progênies $F_{2:4}$ do cruzamento entre eles.

Sementes de cada um dos 93 genótipos foram plantadas em vasos e as plântulas obtidas foram conduzidas durante cerca de 20 dias em casa de vegetação, onde foram coletadas folhas jovens, congeladas em nitrogênio líquido e liofilizadas. A extração de DNA foi realizada a partir do material moído da mistura de dez indivíduos de cada genótipo segundo o protocolo miniprep (DOYLE e DOYLE, 1990). A qualidade e a concentração do DNA de cada genótipo extraído foram avaliadas por eletroforese em gel de agarose 1% corado com Syber Safe (*Life Technologies*) e por comparação com o DNA-padrão do fago lambda (*Life Technologies*) sendo então realizadas suas diluições para a concentração de 10 ng/uL.

2.2.8.2 Seleção de *primers* e condições de PCR

Vinte e cinco *primers* de locos SSR citados como associados a PVR foram selecionados para esse estudo (Tabela 36). Todos os locos tiveram suas extremidades 5' F acopladas com a sequência (5' - CACGACGTTGTAAAACGAC – 3) M13 Forward (-29) da Li-cor, segundo metodologia de marcação com M13 (DAVID et al., 1993). As mesmas seqüências modificadas com *infrared dye* (IRDye), comprimentos de onda 700 e 800 nM, foram adquiridas, permitindo a utilização dessas durante a realização da PCR e posterior leitura de cada loco no sequenciador (*Li-cor Corporate*).

A reação de PCR foi realizada adicionando-se cerca de 30ng do DNA, 0,16 µM do primer F, 0,20 µM do R, 0,13 µM do primer M13 (IRDye 700 ou IRDye 800), 250 µM de cada desoxirribonucleosídeo trifosfato (dNTP), 0,2 µM de BSA, solução tampão de PCR contendo 50 mM de KCl, 10 mM de Tris-HCl, pH 8,9, 2,0 mM de MgCl₂ e uma unidade da enzima Taq DNA-polimerase (*Life Technologies*) em um volume total de 20 µL. O ciclo total de amplificação foi realizado em termociclador MJ96+, marca *Biocycler*, programado para iniciar com 5 minutos a 94°C seguidos por 10 ciclos com 1 minuto de desnaturação a 94 °C, 1 minuto de pareamento a 50° C (decréscimo de 1 °C por ciclo) e 1 minuto de extensão a 72° C, acrescidos de 30 ciclos a 40 segundos a 94°C, 40 segundos a 40°C e 1 minuto a 72 ° C, com 10 minutos a 72 ° C para extensão final.

Os produtos de amplificação foram separados sob condições desnaturantes em gel de poliacrilamida 6,5% em sistema de eletroforese contendo tampão TBE 1X. no sequenciador automático 4300 DNA Analyser (*Li-cor Corporate*). Imediatamente antes do uso, amostras de cada dois locos representadas pelos dois tipos de IRDyes (700 e 800) foram preparadas em solução contendo 1,0 de cada produto de PCR, 2,0 µL de Blue Stop Solution (*Li-cor Corporate*) e desnaturadas a 95°C por 3 minutos em termociclador. Em cada gel foram aplicadas as 93 amostras de dois locos, além de dois marcadores de peso molecular conhecido (50-350bp IRDye700 e IRDye800, *Li-cor Corporate*). De acordo com o funcionamento do sequenciador, a leitura ocorre após os sinais emitidos pela incidência do raio laser sobre os diferentes IRDyes presentes nos iniciadores serem captadas e convertidas em sinais na forma de eletroferograma e na imagem do próprio gel. Por meio de programas computacionais específicos (SAGA Lite e

SAGA MX Generation, ambos da *Li-cor Corporate*), os locos foram retidos para a realização de análises.

2.2.8.3 Genética de associação

A análise de diversidade genética dos 93 acessos provenientes dos 25 locos SSR foi realizada por meio das estimativas de heterozigosidade (H_e) e distribuições das frequências alélicas segundo o programa Genepop versão 4.0.10 (RAYMOND e ROUSSET, 1995). Com a finalidade de ser detectada a presença de estrutura populacional no grupo de 93 acessos (população mapa) foi utilizado o programa Structure versão 2.2 (PRITCHARD et al., 2000) com os parâmetros *haploid*, *no-admixture*, *independent*. O valor de k (número de populações) foi obtido após múltiplas corridas do banco de dados, com k variando de 1 a 10, sendo o número de replicações do conjunto de dados ajustado para 50.000 de *burn-in* e 500.000 de MCMC. O maior valor de Δk foi obtido a partir da média das 10 repetições de cada LNPD (*log probability of data*) após as 50 corridas de acordo com Evanno et. al (2005).

A existência e a estimativa do desequilíbrio de ligação (LD- *Linkage Disequilibrium*) entre os pares de locos foram estimadas por meio do software TASSEL, versão 2.1 (BRADPURY et al.2007). O estimador de LD, o r^2 é a correlação ao quadrado entre a presença e ausência de alelos em diferentes locos e foi calculado para os pares de locos de SSR pertencentes a cada grupo de ligação da soja. Foi considerada significativa a frequência da distribuição dos alelos de cada par, após aplicação do teste exato de Fisher, os valores de probabilidade inferiores a 0,01 ($P < 0,01$) após 1000 permutações. Na estatística r^2 , somente se encontra um valor igual a 1, ou seja, desequilíbrio de ligação completo, quando os dois locos em questão apresentam frequências alélicas idênticas.

Para determinação das correlações (r^2) foram inicialmente calculadas as matrizes Q (obtida do *structure*) e K (coeficientes de endogamia) entre os 93 acessos por meio dos 25 locos SSR. A matriz K foi calculada pelo método de Ritland, no software SpageDi versão 1.3 (HARDY e VEKEMANS, 2002). De posse das matrizes, dos dados de genotipagem de cada grupo de locos SSR em seu respectivo grupo de ligação e da distância desses locos estimadas pelo mapa molecular da soja, foram determinadas a extensão do desequilíbrio de ligação e as associações

caráter – marcador por meio das análises de mixed linear model (MLM) realizadas pelo software TASSEL, para reação a PVR e teor de óleo.

2.3 Resultados e discussões

2.3.1 Geração F₂

2.3.1.1 Análise de variância

Na Tabela 3 observa-se a análise de variância das testemunhas para verificar a necessidade do ajuste dos conjuntos, de acordo com Federer (1956). Assim, testou-se apenas o efeito das testemunhas no delineamento proposto. O ajuste pelas testemunhas comuns objetiva reduzir o desvio padrão residual e aumentar a precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2000).

As fontes de variação conjuntos ou a interação testemunhas x conjuntos quando foram significativas, indicaram a necessidade de estimar a correção ambiental e, neste caso, a fonte de variação interação testemunhas x conjuntos não foi significativa para nenhum dos caracteres avaliados. No entanto, a fonte de variação conjuntos foi significativa ($p < 0,01$ e $p < 0,05$) para os caracteres NDM e PG, respectivamente. Portanto, houve a necessidade de ajustar as médias por meio de uma correção ambiental. Apesar de o experimento ter sido realizado em covas de plantas individuais, os coeficientes de variação denotam boa precisão experimental, variando de 0,8% para o caráter NDM até 12,6% para o caráter PO.

A Tabela 4 apresenta a comparação das médias para as três testemunhas (Conquista, FMT-Tucunaré e UFVS 2002) no experimento da geração F₂. As médias das testemunhas não diferiram entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para os caracteres VA, PG e PO. Já para o caráter NDM, observa-se que plantas das três testemunhas apresentaram ciclo tardio sendo UFVS 2002 a mais tardia e diferindo estatisticamente das demais, assim como para o caráter TO, em que UFVS 2002 apresentou maior teor de óleo.

A análise de variância das testemunhas e o ajuste dos dados por meio da correção ambiental permitiram desconsiderar o efeito de conjuntos na análise de variância de genitores e cruzamentos, sendo realizada a análise em blocos ao acaso com informação dentro de parcelas.

Na Tabela 5, verifica-se a análise de variância em blocos ao acaso com informação dentro de parcela das plantas F_2 e genitores avaliados em covas. Os coeficientes de variação foram adequados para um experimento em covas, mostrando boa precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2000), sendo de 1,9%, 4,1%, 12,5%, 2,7% e 14,2% para os caracteres NDM, VA, PG, TO e PO, respectivamente, estando de acordo com o apresentado pela literatura (LOPES et al., 2002 e VIEIRA, 2009).

As fontes de variação genitores (G) e cruzamentos (C), efeitos entre parcelas, foram significativos ($p < 0,01$), pelo teste F, para todos os caracteres avaliados, mostrando variabilidade entre genitores e cruzamentos. O contraste G vs. C apresentou significância apenas para os caracteres VA e PG, sendo os cruzamentos superiores aos genitores, pois apresentaram maior média. Com isso, é possível obter progênies superiores aos genitores, ou seja, genótipos transgressivos para esses caracteres.

A análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores foi desdobrada para cada cruzamento e cada genitor e, pode ser observada na Tabela 6. A variância dentro de genitores é a medida da variância ambiental dentro da parcela, visto que são linhagens homozigóticas. A variância fenotípica dentro de cruzamentos tem um componente genético e um ambiental.

Na análise dentro de cruzamentos verificou-se que dos 49 cruzamentos, somente três (USP 14-13-16 (4) x USP 70123 (14), PI 520733 (5) x USP 70109 (11) e PI 520733 (5) x USP 70123 (14)) apresentaram efeito de variância genética significativo para todos os caracteres avaliados, indicando maior probabilidade de explorar essa variabilidade na busca de genótipos superiores nesses cruzamentos. Em contrapartida, apenas dois cruzamentos (USP 14-10-38 (1) x A 7002 (13) e USP 14-01-20 (2) x USP 70080 (12)) apresentaram variância ambiental igual à variância genética para todos os caracteres. Os demais cruzamentos apresentaram efeito de variância genética significativo para pelo menos um caráter.

O caráter NDM apresentou efeito significativo de variância genética em 41 cruzamentos dos 49 avaliados, mostrando ampla variabilidade entre os cruzamentos. Nos caracteres VA e PG verificaram-se significância em 20 e 21 cruzamentos, respectivamente, já para os caracteres TO e

PO observaram-se efeito significativo de variância genética em 18 cruzamentos, no entanto, não são coincidentes, indicando que o cruzamento pode ter variabilidade para TO, mas não necessariamente para PO.

2.3.1.2 Coeficiente de herdabilidade

Para que ocorra um processo seletivo eficiente das populações segregantes de soja, deve-se acompanhar e compreender as alterações de comportamento, devido às diferentes características intrínsecas a cada conjunto de genótipos. São de grande importância a variabilidade genética disponível e as estimativas de herdabilidade dos caracteres de interesse. A estimação do coeficiente de herdabilidade, que expressa a porcentagem da variância fenotípica que é devida às variações proporcionadas pelos fatores de natureza genética, é necessária para a escolha adequada de uma estratégia eficaz de melhoramento genético, permitindo a seleção, precoce ou não, de genótipos, e o ajuste da intensidade de seleção a ser aplicada (YOKOMIZO e VELLO, 2000).

O coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) é um parâmetro genético que foi utilizado para estimar a participação do componente genético no desempenho das plantas F_2 e são apresentados na Tabela 7. Para esta discussão, as estimativas de herdabilidade foram agrupadas em três categorias diferentes, de acordo com a sua magnitude: baixas ($h^2_a < 40\%$), moderadas ($40\% < h^2_a < 60\%$) e altas ($h^2_a > 60\%$).

Os cruzamentos PI 520733 (5) x USP 70109 (11) e PI 520733 (5) x USP 70123 (14) foram os únicos que apresentaram coeficiente de herdabilidade altos ($h^2_a > 60\%$) para todos os caracteres avaliados, assim, nesses cruzamentos, a seleção das melhores plantas teria maior probabilidade de gerar indivíduos superiores dentro de cada cruzamento, bem como indicam elevada variabilidade genética conforme já comentado e também verificado na Tabela 6. Em contrapartida, os cruzamentos que apresentaram coeficiente de herdabilidade baixos ($h^2_a < 40\%$) para todos os caracteres foram: IAC 100 (6) x USP 70109 (11), USP 14-01-20 (2) x USP 70006 (8), USP 14-01-20 (2) x USP 70109 (11) e USP 14-01-20 (2) x USP 70080 (12), este último também apresentou variância genética semelhante à variância ambiental, conforme Tabela 6.

O caráter NDM apresentou coeficientes de herdabilidade moderados a altos na maioria dos cruzamentos avaliados, exceto nos cruzamentos mencionados anteriormente além de USP 14-07-05 (3) x USP 70123 (14) e M-Soy 8001 (7) x USP 70123 (14). Backes et al. (2002) verificaram estimativas de herdabilidade entre famílias, para o caráter NDM, variando de 44,5% a 77,7%, ou seja, esses autores também obtiveram coeficientes de herdabilidade moderados a altos.

Já para os caracteres VA e PG os coeficientes de herdabilidade foram considerados baixos para a maioria dos cruzamentos, assim como verificado por Azevedo Filho et al. (1998) e por Toledo et al. (2000) mostrando a herança quantitativa desses caracteres, envolvendo um elevado número de genes.

No entanto, para o caráter VA os cruzamentos USP 14-10-38 (1) x USP 70057 (9), USP 14-01-20 (2) x A 7002 (13), USP 14-07-05 (3) x USP 70057 (9) e USP 14-13-16 (4) x USP 70109 (11) apresentaram coeficientes de herdabilidade moderados. Já para os cruzamentos envolvendo o genitor PI 520733 (5), os coeficientes de herdabilidade foram altos, indicando alta variabilidade genética desse genitor para o caráter VA. Em relação ao caráter PG, alguns cruzamentos apresentaram coeficientes de herdabilidade moderados como por exemplo USP 14-13-16 (4) x USP 70123 (14), PI 520733 (5) x USP 70057 (9), PI 520733 (5) x USP 70004 (10) e IAC 100 (6) x USP 70057 (9) e, alguns cruzamentos apresentaram coeficientes de herdabilidade altos como as linhagens USP 70109 (11), USP 70080 (12), A 7002 (13) e USP 70123 (14) quando cruzadas com o genitor PI 520733 (5).

Quanto aos caracteres TO e PO, a maioria dos cruzamentos apresentou coeficiente de herdabilidade baixo mostrando a herança quantitativa desses caracteres, envolvendo um elevado número de genes. Para o caráter TO alguns cruzamentos apresentaram herdabilidade moderada (USP 14-01-20 (2) x A 7002 (13), USP 14-01-20 (2) x USP 70123 (14), USP 14-07-05 (3) x USP 70080 (12), USP 14-13-16 (4) x USP 70109 (11), USP 14-13-16 (4) x USP 70123 (14) e M-Soy 8001 (7) x A 7002 (13)). Já para o caráter PO, foram observados valores altos de herdabilidade nos cruzamentos USP 14-07-05 (3) X USP 70057 (9) e nas linhagens USP 70006 (8), USP 70057 (9), USP 70109 (11) e USP 70123 (14) quando cruzadas com o genitor PI 520733 (5). Silva (2008) avaliou o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo em quatro cruzamentos biparentais de soja na geração F_2 e obteve valores moderados do coeficiente de herdabilidade para o caráter TO e valores baixos para os caracteres PG e PO.

2.3.1.3 Comparações entre médias

A Tabela 8 apresenta as comparações de médias, por meio do teste Scott e Knott, dos genitores e cruzamentos na geração F_2 para todos os caracteres avaliados. Observou-se que para os cinco caracteres avaliados nesta geração houve a formação, segundo o teste de Scott e Knott, de sete grupos (letra a até letra g) para os caracteres NDM e VA; seis grupos (a até f) para o caráter PG; e cinco grupos (a até e) para os caracteres TO e PO.

Em relação ao caráter NDM, o genitor que apresentou a menor média no grupo 1 (genitores tolerantes a PVR), ou seja, o mais precoce foi a PI 520733 (5); além disso, difere estatisticamente, pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, de todos os demais genitores e cruzamentos por estar sozinho em um agrupamento; no grupo 2 (genitores produtivos em óleo), o genitor mais precoce foi a linhagem USP 70004 (10), que por sua vez apresentou a mesma média dos cruzamentos entre a PI 520733 (5) com os genótipos USP 70006 (8), USP 70109 (11) e A 7002 (13). Os cruzamentos mais precoces foram os que envolveram a PI 520733 (5) com as linhagens USP 70123 (14), USP 70057 (9), USP 70004 (10) e USP 70080 (12). Os genitores mais tardios foram A 7002 (13) do grupo 2 e USP 14-07-05 (3) e USP 14-01-20 (2) do grupo 1, não diferindo estatisticamente entre si pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade e também não diferindo dos cruzamentos USP 14-07-05 (3) x USP 70123 (14), USP 14-01-20 (2) x USP 70006 (8) e a cultivar A 7002 (13) com os genótipos M-Soy 8001 (7), USP 14-13-16 (4), USP 14-10-38 (1) e USP 14-07-05 (3).

Para o caráter VA, os genitores que apresentaram o melhor desempenho *per se* foram USP 70080 (12) (grupo 2) e IAC 100 (6) e M-Soy 8001 (7) (grupo 1) e estes foram agrupados igualmente de acordo com o teste Scott e Knott juntamente com o cruzamento M-Soy 8001 (7) X A 7002 (13). Já os genótipos com o pior desempenho agrônômico e que não diferiram estatisticamente entre si foram a PI 520733 (5), USP 70057 (9) e os cruzamentos envolvendo a PI 520733 (5) com as linhagens USP 70006 (8) e USP 70057 (9).

Nos caracteres PG e PO, observaram-se que os genitores com maior desenvolvimento *per se* foram as linhagens USP 14-01-20 (2) (grupo 1) e USP 70080 (12) (grupo 2), já os cruzamentos que se destacaram quanto a PG e PO e, também não diferiram estatisticamente a 5% de probabilidade pelo teste de Scott e Knott desses genitores foram os cruzamentos que envolveram a linhagem USP 14-01-20 (2) com os genótipos USP 70080 (12), USP 70109 (11) e A 7002 (13);

a linhagem USP 70080 (12) com USP 14-10-38 (1) e USP 14-07-05 (3); além do cruzamento USP 70123 (14) x USP 14-07-05 (3). O genitor com a menor média de PG e PO foi a PI 520733 (5) que diferiu estatisticamente, pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, de todos os demais genitores e cruzamentos por estar sozinho em um agrupamento, bem como os cruzamentos com as menores médias foram os que envolveram a PI 520733 (5) com as linhagens USP 70057 (9), USP 70006 (8) e USP 70123 (14). Alguns cruzamentos como USP 14-13-16 (4) x A 7002 (13), M-Soy 8001 (7) x USP 70004 (10), M-Soy 8001 (7) x USP 70080 (12) e M-Soy 8001 (7) x A 7002 (13) destacaram-se por estarem presentes no agrupamento com as maiores médias para PO e não para PG, isto ocorre pelo fato desses cruzamentos apresentarem elevados teores de óleo.

Quanto ao caráter TO, os genitores do grupo 2, selecionados para compor o dialelo por possuírem genes para alto teor de óleo, obtiveram os maiores valores médios, com exceção dos genitores USP 70080 (12) e USP 70123 (14) que por sua vez não diferiram estatisticamente pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade dos genitores USP 14-10-38 (1), USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05 (3), USP 14-13-16 (4) e M-Soy 8001 (7) do grupo 1 (tolerantes a PVR). O genitor A 7002 (13) obteve a maior média entre todos os genitores e cruzamentos e diferiu estatisticamente pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. Os genitores com as menores médias para TO foram PI 520733 (5) e IAC 100 (6). Os cruzamentos com os maiores valores médios de TO foram aqueles que envolveram o genitor A 7002 (13), exceto quando este foi cruzado com IAC 100 (6), além do cruzamento USP 14-07-05 (3) x USP 70080 (12), já os cruzamentos com as menores médias foram os que envolveram o genitor IAC 100 (6), exceto quando este for cruzado com a cultivar A 7002 (13), além dos cruzamentos PI 520733 (5) x USP 70123 (5) e PI 520733 (5) x USP 70006 (8).

2.3.1.4 Análise dialélica

2.3.1.4.1 Análise da capacidade combinatória

As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) e da capacidade específica de combinação (s_{ij}) do dialelo parcial 7x7 são mostradas nas Tabelas 10, 11, 12, 13 e

14 para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO), respectivamente.

O efeito da capacidade geral de combinação (g_i) de uma linhagem pode ser entendido como sendo o seu comportamento médio numa série de combinações híbridas. Valores absolutos muito altos (positivos ou negativos) para g_i indicam a superioridade ou inferioridade do genótipo em relação ao comportamento médio das demais linhagens envolvidas nos cruzamentos do esquema dialélico. Tais estimativas são relativas e devem ser consideradas para cada grupo particular de genitores (PIMENTEL, 1991).

As estimativas dos efeitos das capacidades específicas de combinação (s_{ij}) dos cruzamentos são usadas para identificar cruzamentos que se comportam relativamente pior, ou melhor, do que seria esperado com base na capacidade geral de combinação. Assim, baixo valor absoluto de s_{ij} de determinado cruzamento (valor próximo a zero), indica que o comportamento do cruzamento seria conforme o esperado a partir da CGC de seus genitores. Por outro lado, quando a estimativa do s_{ij} de determinado cruzamento tem alto valor absoluto (positivo ou negativo) sugerem um desempenho do cruzamento melhor ou pior do que se esperaria com base na capacidade geral de combinação dos respectivos genitores (PIMENTEL, 1991).

A CGC decorre principalmente da variância aditiva e da variância epistática aditiva x aditiva e a CEC resulta da variância genética dominante mostrando que para a expressão dos caracteres avaliados, as ações gênicas aditiva, dominante e provavelmente epistáticas foram importantes. Segundo Assman (1999), os valores de F, significativos para CGC e CEC, indicam a existência de variabilidade devido à ação aditiva e não-aditiva dos genes, respectivamente.

Na Tabela 9 observa-se a análise de variância do dialelo parcial para todos os caracteres avaliados e concluiu-se que a variância aditiva, expressa pelos quadrados médios da CGC, é comparativamente maior que a não-aditiva. Entretanto, ocorre significância dos efeitos não-aditivos e dos efeitos aditivos manifestados entre os genitores dos grupos 1 e 2.

A formação de populações-base, a partir de genitores geneticamente superiores dos dois grupos é viável e proporcionará ganhos satisfatórios pela seleção de indivíduos em gerações segregantes.

Quando a estimativa de g_i do genitor i tem baixo valor absoluto, a sua CGC está em torno da média da CGC de todos os genitores. Por outro lado, estimativas de g_i de alto valor absoluto

indicam que o genitor i tem CGC superior (g_i positivo) ou inferior (g_i negativo) aos genitores com os quais estão sendo comparados (FREIRE FILHO, 1998).

Em geral, comparando a Tabela 8 com as Tabelas 10, 11, 12, 13 e 14 a ordem dos genitores baseada na média foi semelhante à ordem baseada nas estimativas dos efeitos da CGC para todos os caracteres. Ou seja, o desenvolvimento *per se* dos genitores foi indicativo de seus efeitos g_i 's, de modo que quando essa associação é verdadeira, torna-se mais fácil fazer a seleção correta dos genitores (LOPES et al., 2002).

Em relação ao caráter NDM (Tabela 10), os genitores com maiores efeitos g_i s positivo foram, respectivamente, USP 14-07-05 (3) e USP 14-01-20 (2) para o grupo 1, bem como A 7002 (13) e USP 70006 (8) para o grupo 2, sendo estes, os genitores que mais contribuíram para a obtenção de plantas tardias. Já o genitor PI 520733 (5) (grupo 1) e, USP 70004 (10) e USP 70109 (11) (grupo 2) foram os que mais contribuíram para a precocidade, ou seja, obtiveram efeito g_i negativo.

Quanto ao caráter VA (Tabela 11), os genitores que apresentaram maior concentração de alelos favoráveis para o desempenho agrônômico, isto é, maior efeito g_i positivo no grupo 1 foram M-Soy 8001 (7) seguido por IAC 100 (6), e no grupo 2 foram A 7002 (13) e USP 70080 (12). Os genitores com menos alelos favoráveis foram, respectivamente, nos genitores PI 520733 (5) e USP 14-13-16 (4) (grupo 1) e, USP 70057 (9) e USP 70006 (8) (grupo 2), pois apresentaram efeito g_i negativo.

No caráter PG (Tabela 12), observou-se que no grupo 1 os genitores com os maiores efeitos g_i s positivos foram, respectivamente, USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05 (3) e USP 14-10-38 (1) e no grupo 2 destacaram-se USP 70080 (12), seguido por A 7002 (13). Os genitores que menos contribuíram para a produtividade de grãos, ao apresentar efeito g_i negativo foram PI 520733 (5) e IAC 100 (6), no grupo 1, bem como USP 70057 (9) e USP 70004 (10), no grupo 2.

Em relação ao caráter TO (Tabela 13), os genitores com maiores efeitos g_i s positivos foram, respectivamente, USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3) para o grupo 1, bem como A 7002 (13) e USP 70109 (11) para o grupo 2, sendo estes, os genitores com maior concentração de alelos favoráveis para a obtenção de maior teor de óleo, entretanto, o genitor IAC 100 (6) e PI 520733 (5) (grupo 1) e, USP 70006 (8) e USP 70123 (14) (grupo 2) foram os que menos expressaram alelos favoráveis para o maior teor de óleo nas sementes, ou seja, apresentaram efeito g_i negativo.

Quanto ao caráter PO (Tabela 14), os genitores que mais contribuíram para a obtenção de maior produtividade de óleo ao apresentar maior concentração de alelos favoráveis, isto é, maior efeito g_i positivo no grupo 1 foram, respectivamente, USP 14-01-20 (2), M-Soy 8001 (7) e USP 14-10-38 (1) e, no grupo 2 foram USP 70080 (12) seguido por A 7002 (13). Os genitores que menos contribuíram para a produtividade de óleo foram, respectivamente, PI 520733 (5) e IAC 100 (6) (grupo 1), bem como USP 70057 (9) e USP 70004 (10) (grupo 2), pois apresentaram efeito g_i negativo.

De maneira geral, verificou-se que genótipos exóticos (não adaptado às condições ambientais brasileiras), como a PI 520733 (5), quando cultivadas em regiões de latitudes inferiores ao seu centro de origem, como Piracicaba (22°42'30" S), tendem a ser mais precoces e, conseqüentemente, crescem pouco e apresentam baixo desempenho agrônomo tanto para a produtividade de grãos quanto de óleo. Resultado semelhante foi encontrado por Lopes (2001), no entanto, sendo usado neste trabalho, principalmente como fonte de genes para resistência ao *F. solani* f. sp. *glycines*. Observou-se também que os genitores USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3) do grupo 1 e os genitores A 7002 (13) e USP 70080 (12) do grupo 2 foram os que mais contribuíram para a obtenção de indivíduos com maiores médias nos principais caracteres avaliados como produtividade de grãos, teor de óleo e produtividade de óleo.

Após a identificação dos genitores superiores, com base na CGC, é interessante verificar as estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) para orientar o desenvolvimento de populações híbridas biparentais com maior potencial produtivo. A interpretação do efeito da CEC compreende o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus genitores.

As estimativas dos efeitos das capacidades específica de combinação (s_{ij}) estão apresentadas nas Tabelas 10, 11, 12, 13 e 14, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônomo (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO), respectivamente.

Para o caráter NDM, os cruzamentos que demonstraram tendência de dominância para a precocidade foram aqueles com estimativas s_{ij} negativas, destacando-se PI 520733 (5) x USP 70123 (14), USP 14-13-16 (4) x USP 70109 (11), M-Soy 8001 (7) x USP 70006 (8) e PI 520733 (5) x A 7002 (13), já os cruzamentos que apresentaram os maiores efeitos CEC positivos para

NDM foram M-Soy 8001 (7) x USP 70057 (9), USP 14-13-16 (4) x USP 70004 (10) e USP 14-07-05 (3) x USP 70123 (14).

Com relação ao caráter VA, os cruzamentos que mostraram as melhores estimativas de s_{ij} (CEC positivo) foram os cruzamentos PI 520733 (5) x USP 70109 (11), seguido do cruzamento PI 520733 (5) x A 7002 (13) e, os cruzamentos com as piores estimativas de s_{ij} (CEC negativo), ou seja, com as piores capacidades de se complementarem foram M-Soy 8001 (7) x USP 70109 (11) e PI 520.723 (5) x USP 70006 (8).

No caráter PG, os cruzamentos com os maiores valores positivos de s_{ij} (melhor CEC) foram, respectivamente, PI 520733 (5) x A 7002 (13), USP 14-07-05 (3) x USP 70109 (11), USP 14-07-05 (3) x USP 70123 (14) e USP 14-13-16 (4) x A 7002 (13). Era esperado que a combinação entre USP 14-07-05 (3) e USP 70123 (14), bem como entre USP 14-13-16 (4) e A 7002 (13) resultasse em um híbrido superior, pois esses genitores tiveram alto valor de CGC. Os cruzamentos com menores valores s_{ij} e negativo (pior CEC) foram USP 14-13-16 (4) x USP 70080 (12), seguido por IAC 100 (6) x USP 70080 (12) e PI 520733 (5) x USP 70123 (14). Apesar de USP 70080 (12) apresentar a maior CGC para o caráter PG, é um genitor que possui um desvio negativo em relação ao que seria esperado com base na CGC, ou seja, apresenta efeito s_{ij} negativo para a maioria dos cruzamentos e não possui boa complementariedade.

Para o caráter TO, os cruzamentos que apresentaram os maiores valores positivos de s_{ij} foram PI 520733 (5) x USP 70109 (11) seguido por PI 520733 (5) x A 7002 (13) e PI 520733 (5) x USP 70057 (9), mostrando que esses cruzamentos são superiores ao esperado com base na CGC, pois o genitor PI 520733 (5) apresenta efeito g_i negativo para esse caráter. Os cruzamentos com menores valores s_{ij} foram USP 14-07-05 (3) x USP 70006 (8), PI 520733 (5) x USP 70123 (14) e M-Soy 8001 (7) x USP 70057 (9), respectivamente, não indicando boa complementariedade entre si para este caráter.

No caráter PO, os cruzamentos que apresentaram as melhores estimativas de s_{ij} (CEC positivo), ou seja, os cruzamentos que tendem a originar plantas mais produtivas em óleo foram PI 520733 (5) x A 7002 (13), USP 14-13-16 (4) x A 7002 (13) e USP 14-01-20 (2), respectivamente, enquanto que os cruzamentos com menores valores de s_{ij} e negativos (pior CEC) foram USP 14-13-16 (4) x USP 70109 (11), seguido por USP 14-10-38 (1) x USP 70006 (8) e USP 14-07-05 (3) x USP 70004 (10).

Alguns cruzamentos apresentaram genitores com g_i 's de sinais contrários, cuja combinação resultou num alto efeito de s_{ij} , como por exemplo M-Soy 8001 (7) x USP 70004 (10) para PG; PI 520733 (5) x USP 70109 (11) para TO; USP 14-01-20 (2) x USP 70109 (11) para PO, bem como PI 520733 (5) x A 7002 (13) para esses três caracteres. Este fato é importante, pois tais combinações podem gerar segregantes transgressivos se o efeito aditivo de um genitor e os efeitos epistáticos complementares do outro genitor agirem na mesma direção para a máxima expressão dos caracteres (SHARMA e PHUL, 1994).

Em relação a CEC do genitor i com ele próprio (s_{ii} e s_{ji}), os valores têm grande significado genético tanto no seu sinal quanto na sua magnitude. O sinal negativo indica a existência de dominância positiva. A magnitude de s_{ii} é um indicativo da divergência genética do genitor i em relação ao conjunto dos outros genitores considerados no dialelo, assim, quanto maior for o efeito de s_{ii} , em valor absoluto, mais distante estará a frequência gênica do genitor i da frequência média dos genitores e, conseqüentemente, maior divergência ele terá em relação aos demais (CRUZ e REGAZZI, 1997).

Verifica-se que os genitores USP 14-10-38 (1), PI 520733 (5) e USP 70057 (9) apresentam s_{ii} negativos ou dominância positiva para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para TO em USP 14-10-38 (1); para NDM em PI 520733 (5), bem como para PO em USP 70057 (9). Já os genitores USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05 (3), IAC 100 (6), USP 70080 (12) e USP 70123 (14) apresentam s_{ii} positivos para a maioria dos caracteres avaliados, exceto para PG em USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3); para NDM em IAC 100 (6) e USP 70123 (14) e, para PO em USP 70080 (12).

Os genitores mais divergentes e com dominância positiva, ou seja, com maior valor de s_{ii} negativo foram, respectivamente, USP 7004 (10) e IAC 100 (6) para o caráter NDM; PI 520733 (5) e USP 14-10-38 (1) para VA; A 7002 (13) e USP 14-10-38 (1) para PG; PI 520733 (5) e USP 70080 (12) para TO, bem como A 7002 (13) e PI 520733 (5) para o caráter PO. Em contrapartida, os genitores menos divergentes e com dominância negativa (menor valor de s_{ii} positivo) para os caracteres NDM, VA, PG, TO e PO, foram respectivamente, USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3); USP 70109 (11) e A 7002 (13); USP 70123 (14) e IAC 100 (6); USP 70123 (14) e A 7002 (13); USP 70109 (11) e USP 14-01-20 (2).

2.3.1.4.2 Análise dialélica de Jinks e Hayman

Os resultados do teste de suficiência do modelo genético aditivo-dominante de Jinks e Hayman, com base na análise de regressão linear de $\hat{W}_i$ em função de $\hat{V}_i$, apresentados na Tabela 15, mostraram que, pelo teste t, o coeficiente de regressão linear ($\hat{b}$) ($H_0: b=1$) foi estatisticamente igual a 1,0 para ambos os grupos do dialelo, indicando o atendimento das restrições do modelo genético aditivo-dominante de Jinks e Hayman e ausência de epistasia para todos os caracteres analisados. A maior estimativa de b no grupo 1 (G1) (genitores tolerantes a PVR) foi 0,91 para o caráter número de dias para a maturidade (NDM), enquanto que o menor valor foi 0,54 para o caráter produtividade de grãos (PG). Já no grupo 2 (G2) (genitores com alta produtividade de óleo), a maior estimativa de b foi 1,27 para o caráter valor agrônomo (VA) e o menor valor foi de 0,82 para o caráter produtividade de grãos (PG). Observou-se eficiência do modelo aditivo-dominante por meio dos coeficientes de determinação ($R^2 = 0,99$) para todos os caracteres analisados. Assim, concluiu-se que as pressuposições do modelo aditivo-dominante foram atendidas e não foi necessário eliminar nenhum genitor do dialelo parcial 7x7.

Os resultados das estimativas dos componentes genéticos da variância e dos parâmetros genéticos do modelo aditivo-dominante de Jinks e Hayman, para todos os caracteres avaliados na geração F_2 , também são apresentados na Tabela 15. De forma geral, as estimativas dos componentes de variância, devido aos efeitos aditivos (D1 e D2, referentes aos grupos 1 e 2, respectivamente) foram significativas ($p < 0,01$) para todos os caracteres avaliados, mostrando que os genitores de ambos os grupos apresentam variabilidade genética aproveitável na seleção das progêies derivadas dos cruzamentos entre eles. Fato semelhante foi demonstrado pelo método de Griffing (Tabela 9), em que a variância aditiva, expressa pelos quadrados médios da CGC, foi comparativamente maior que a não-aditiva. Soldini (1998) para um dialelo parcial e Lopes (2001) para um dialelo completo também obtiveram resultados similares em relação à estimativa do componente de variância D.

As estimativas dos componentes de variância correspondentes aos efeitos de dominância (H_1 -G1, H_1 -G2 e H_2 -médio), apresentaram efeitos não significativos ($p < 0,05$) para a maioria dos caracteres em ambos os grupos do dialelo, confirmando o predomínio dos efeitos aditivos, exceto nos caracteres NDM para H_1 -G2 e VA para H_1 em ambos os grupos, os quais apresentaram

efeitos significativos ($p < 0,05$ e $p < 0,01$, respectivamente), mostrando evidências da ocorrência também de ação gênica dominante.

A estimativa de F, que corresponde à frequência relativa dos alelos dominantes e recessivos na população genitora, foi positiva e significativa ($p < 0,01$) para o caráter NDM no grupo 1, evidenciando a predominância de alelos dominantes na determinação genética deste caráter para os genitores deste grupo. No entanto, a estimativa de F foi negativa e significativa para o caráter VA em ambos os grupos e para NDM no grupo 2, indicando a predominância de alelos recessivos na determinação genética destes caracteres. Os demais caracteres apresentaram efeito não significativo ($p < 0,05$) para a estimativa F.

Quanto à frequência relativa dos alelos dominantes e recessivos na população genitora (F), para o caráter NDM, todos os genitores do grupo 1 apresentaram valores positivos e significativos ($p < 0,01$), ou seja, predominam alelos dominantes na determinação genética deste caráter, com destaque para os genitores PI 520733 (5) e M-Soy 8001 (7); no grupo 2, somente o genitor USP 70109 (11) apresentou valor de F positivo e significativo, os demais genitores apresentaram valores de F negativos e significativos, indicando o predomínio de alelos recessivos na determinação genética deste caráter, sendo o genitor USP 70123 (14) o de maior valor negativo. O caráter VA apresentou valores de F negativos e significativos a 1% de probabilidade pelo teste t para todos os genitores de ambos os grupos, evidenciando a maior frequência de alelos recessivos. Já o caráter PG apresentou valores de F não significativos ($p < 0,05$) para os genitores do grupo 1; porém, no grupo 2 os genitores USP 70006 (8) e USP 70123 (14) obtiveram valores negativos e significativos ($p < 0,01$), enquanto que o genitor A 7002 (13) apresentou valor positivo e significativo de F. Para o caráter TO, somente o genitor PI 520733 (5), do grupo 1, obteve valor negativo e significativo de F; os demais genitores apresentaram valores de F não significativos; no grupo 2, apenas os genitores USP 70057 (9), USP 70109 (11) e A 7002 (13) apresentaram valores de F significativos e positivos, evidenciando a maior frequência de genes dominantes. No caráter PO, os genitores do grupo 1 que apresentaram valores de F significativos ($p < 0,05$) e negativos foram USP 14-01-20 (2) e USP 14-13-16 (4), indicando o predomínio de genes recessivos na determinação genética deste caráter; já no grupo 2, dentre os genitores que apresentaram significância pelo teste t (USP 70080 (12), A 7002 (13) e USP 70123 (14)), somente o genitor A 7002 obteve valor positivo de F.

Em relação aos parâmetros genéticos, a análise do grau médio de dominância (gmd) apresentou dominância completa ($gmd=1$) e sobredominância ($gmd>1$) para a maioria dos caracteres em ambos os grupos do dialelo. Fato semelhante foi observado por Lopes (2001) em um dialelo completo. Os caracteres NDM e TO do grupo 1 apresentaram dominância parcial ($0 < gmd < 1$), indicando ação aditiva superior à dominante. A proporção de genes dominantes e recessivos (d/r) mostrou que há maior frequência de genes dominantes ($1,05 \leq d/r \leq 3,76$) na determinação genética dos caracteres NDM e PG no grupo 1 do dialelo e PO no grupo 2. Para os outros caracteres observaram-se maiores frequências de genes recessivos ($0,33 \leq d/r \leq 0,85$) envolvidos na expressão fenotípica em ambos os grupos do dialelo. Resultado semelhante foi obtido por Soldini (1998). A simetria, ou seja, o produto das frequências médias dos alelos de efeitos positivos e negativos nos locos com dominância, foi de 0,25 ou próximo deste valor apenas para os caracteres TO no grupo 2 ($\mu v = 0,23$) e PO em ambos os grupos do dialelo ($\mu v = 0,20$ e $0,24$, nos grupos 1 e 2 respectivamente); os demais caracteres apresentaram distribuição assimétrica e desuniforme, tanto dos genes que contribuem para aumentar quanto daqueles que diminuem a expressão do caráter. Estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) (Tabela 15) apresentaram comportamentos semelhantes àsquelas no sentido amplo (Tabela 7); o caráter NDM apresentou o maior valor de h^2_r (0,62), denotando baixa influência ambiental na expressão deste caráter, já os demais caracteres (VA, PG, TO e PO) apresentaram valores de h^2_r variando de moderados a baixos, evidenciando a herança quantitativa desses caracteres, envolvendo um elevado número de genes.

Os gráficos das análises de regressão linear de $\hat{W}_i$ em função de $\hat{V}_i$ estão apresentadas nas Figuras de 5 a 9; além disso, essas figuras permitem analisar a proporção d/r por meio da distribuição dos genitores ao longo da reta de regressão para cada caráter, possibilitando ordenar os genitores em ordem decrescente de dominância. Esta distribuição está baseada no princípio de que os genitores com maior número de genes dominantes produzirão progênie com mínima variância entre si (V_r , V_s) e mínima covariância genitor-progênie (W_r , W_s). Assim, quanto mais próxima a localização à origem da reta (O) no gráfico de regressão linear de $\hat{W}_i$ em função de $\hat{V}_i$, maior a concentração de alelos dominantes.

Para o caráter NDM (Figura 5), os genitores com maior concentração de genes recessivos no grupo 1 foram USP 14-13-16 (4), USP 14-10-38 (1) e USP 14-01-20 (2) por situarem na

extremidade superior direita do gráfico; já o genitor PI 520733 (5) destacou-se por estar próximo à extremidade inferior esquerda do gráfico e, portanto, possuir mais genes dominantes. A correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) foi 0,70 (Tabela 15), indicando que os genes recessivos, em sua maioria, têm como efeito o acréscimo na expressão do caráter NDM; isto também é comprovado pelo fato de que os genitores com as maiores médias de NDM foram aqueles mais distantes da origem da reta no gráfico. No grupo 2, o genitor com maior concentração de genes dominantes foi USP 70109 (4) e o genitor com mais genes recessivos foi USP 70123 (7). Como a correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) foi 0,35, há tendência de genes recessivos contribuírem para aumentar NDM, conforme também foi demonstrado por Lopes (2001).

No caráter VA (Figura 6), para ambos os grupos, pela análise gráfica, não é possível classificar os genitores pela ordem decrescente de dominância pelo fato dos valores de $\hat{W}_i + \hat{V}_i$ serem pequenos e muito próximos; no entanto, em valor absoluto, observa-se que os genitores do grupo 1 e 2 com maior concentração de genes dominantes foram, respectivamente, IAC 100 (6) e USP 70109 (4). A correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) foi de -0,53 no grupo 1 e de -0,13 no grupo 2, mostrando que genes dominantes têm como efeito o acréscimo na expressão média do caráter VA.

Quanto ao caráter PG (Figura 7), a classificação dos genitores, pela ordem decrescente de dominância no grupo 1, foi a seguinte: IAC 100 (6), M-Soy 8001 (7), USP 14-13-16 (4), USP 14-10-38 (1), PI 520733 (5), USP 14-07-05 (3) e USP 14-01-20 (2). Os genitores IAC 100 (6), M-Soy 8001 (7) e USP 14-13-16 (4) situaram-se na extremidade inferior esquerda do gráfico, demonstrando apresentarem mais genes dominantes, enquanto USP 14-10-38 (1) e PI 520733 (5) situaram-se em posição intermediária, apresentando genes dominantes e recessivos em proporções semelhantes; já USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3) situaram-se na extremidade superior direita, demonstrando apresentar mais genes recessivos. Como a correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) foi de -0,14 (Tabela 15) há tendência de genes dominantes contribuírem para aumentar PG. Já no grupo 2, a classificação dos genitores, pela ordem decrescente de dominância foi: A 7002 (6), USP 70109 (4), USP 70080 (5), USP 70057 (2), USP 70004 (3), USP 70006 (1) e USP 70123 (7). O valor de r foi de 0,26, sendo de sinal contrário ao observado no grupo 1, indicando que no grupo 2 há tendência dos genes recessivos aumentarem a expressão média do caráter PG. Valores positivos de r para o caráter PG também foram

observados por Soldini (1998) e Lopes (2001). O fato dos valores de r dos grupos 1 e 2 apresentarem sinais contrários pode ser explicado pela herança poligênica do caráter PG e pelos baixos valores de r .

Em relação ao caráter TO, a análise gráfica apresentada na Figura 8 mostra que somente o genitor PI 520733 (5) do grupo 1 apresentou mais genes recessivos, enquanto que os demais genitores apresentaram maior concentração de genes dominantes. O valor de r foi -0,66 (Tabela 15), demonstrando a presença de dominância direcional, sendo que os genes dominantes contribuíram para aumentar o teor de óleo. No grupo 2, os genitores distribuíram-se mais ao longo da reta de regressão, sendo que os genitores USP 70109 (4) e A 7002 (6) apresentaram maior concentração de genes dominantes, enquanto USP 70057 (2) e USP 70004 (3) situaram-se em posição intermediária, apresentando genes dominantes e recessivos em proporções semelhantes; já USP 70123 (7), USP 70080 (5) e USP 70006 (1) apresentaram maior concentração de genes recessivos. Como os genes dominantes contribuíram para aumentar o teor de óleo ($r = -0,50$), os genitores que obtiveram os maiores valores médios de teor de óleo foram A 7002 (6), USP 70109 (4) e USP 70004 (3).

Pela análise gráfica para o caráter PO (Figura 9), pôde-se concluir que no grupo 1 os genitores M-Soy 8001 (7) e IAC 100 (6) contêm mais genes dominantes; em contrapartida, USP 14-01-20 (2) e USP 14-13-16 (4) possuem mais genes recessivos. Já no grupo 2, o genitor que apresentou as maiores concentrações de genes dominantes foi A 7002 (6), enquanto que os genitores com as maiores concentrações de genes recessivos foram USP 70123 (7) e USP 70080 (5); os demais genitores do grupo 2 apresentaram genes dominantes e recessivos em proporções semelhantes. A correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) foi 0,04 para o grupo 1 e 0,17 para o grupo 2; apesar desses valores de r serem baixos, há tendência de genes recessivos contribuírem para aumentar a expressão de PO.

Considerando-se a magnitude das estimativas gi 's (CGC), nas Tabelas 10 a 14 e com base no sinal das estimativas de F de cada genitor, e a correlação entre alelos favoráveis e dominância (r) (Tabela 15), é possível indicar quais populações terão maior resposta à seleção. Os cruzamentos envolvendo genitores com estimativas de F do mesmo sinal (mesmo tipo de ação gênica prevalente) teriam maior potencial de ganho por seleção; no entanto, a seleção dentro dos cruzamentos, envolvendo genitores com estimativas de F de sinais opostos, seria mais eficiente em gerações avançadas de endogamia. Diante disso, sugerem-se as seguintes populações F_2 como

as de maior potencial de ganho genético para seleção precoce de endogamia de acordo com as análises dialélicas: PI 520733 (5) X USP 70109 (11) para precocidade no caráter NDM; M-Soy 8001 (7) quando em cruzamento com USP 70080 (12) e A 7002 (13) para o caráter VA; USP 70080 (12) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3) para PG; A 7002 (13) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-13-16 (4) para o caráter TO; já para o caráter PO, as populações F_2 destaques quanto à possibilidade de obtenção de maior ganho genético foram USP 70080 (12) com USP 14-01-38 (1) e USP 14-01-20 (2). Essas populações também se destacaram quanto aos valores médios apresentados na geração F_2 e analisados pelo teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, conforme pode ser observado na Tabela 8. Soldini (1998) observou que o uso de genitores com as melhores CGC e com o mesmo tipo de efeitos não-aditivos que promovem mudanças desejáveis na magnitude da expressão fenotípica dos caracteres de interesse, pode ser de grande importância para auxiliar na tarefa de maximizar os ganhos genéticos.

2.3.2 Geração $F_{2:3}$

2.3.2.1 Análise de variância

Em princípio, realizou-se análise de variância das testemunhas no experimento das progênes e no experimento dos genitores (Tabelas 16 e 17) e, posteriormente foi feito um teste t com a média dos dois experimentos para verificar a uniformidade ambiental entre os experimentos (Tabela 18) para caso necessário, efetuar a correção.

Pelas Tabelas 16 e 17 podemos observar a ocorrência de significância a 1% de probabilidade pelo teste F, das testemunhas, para todos os caracteres avaliados no experimento das progênes, enquanto no experimento dos genitores somente os caracteres NDM, APM e AC foram significativos a 1% de probabilidade pelo teste F. Este fato ocorreu, possivelmente, pois no experimento das progênes as testemunhas estavam presentes em todos os 49 conjuntos e nas duas repetições, ou seja, 98 vezes, por conseguinte, no experimento dos genitores as testemunhas se fizeram presentes seis vezes (seis blocos); portanto, as diferenças entre as testemunhas foram melhor detectadas no experimento das progênes.

O teste t com a média dos dois experimentos para verificar a uniformidade ambiental entre os experimentos, apresentado na Tabela 18, foi significativo a 5% de probabilidade para os caracteres NDM e VA, e significativo a 1% de probabilidade para o caráter AC. Desse modo, houve a necessidade de calcular um índice de correção ambiental para cada experimento obtido pela diferença entre a média das testemunhas em um dado experimento e a média geral das testemunhas. Essa correção ambiental foi feita com todas as progênies e genitores de cada experimento (PIMENTEL GOMES, 2000). Após o ajuste dos dados, realizou-se a análise conjunta dos genitores com as progênies, devido às mesmas testemunhas estarem presentes em ambos os experimentos, permitindo por meio de contraste, a comparação entre genitores e progênies $F_{2;3}$.

A Tabela 19 apresenta a comparação das médias para as quatro testemunhas (Conquista, FMT-Tucunaré, UFVS 2002 e M-Soy 6101) no experimento das progênies na geração $F_{2;3}$. As médias das testemunhas evidenciaram diferenças estatísticas pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade para as quatro testemunhas para o caráter NDM, sendo que a cultivar M-Soy 6101 foi a mais precoce, seguida pelas cultivares UFVS 2002, FMT-Tucunaré e Conquista, que por sua vez foi 21 dias mais tardia que a cultivar mais precoce. A testemunha que obteve as plantas mais altas, estatisticamente, foi UFVS 2002. Em relação ao acamamento, as testemunhas apresentaram médias baixas, no entanto, diferiram estatisticamente entre si, sendo Conquista a testemunha que proporcionou plantas mais eretas e UFVS 2002, plantas mais acamadas. Já para valor agrônômico, as testemunhas apresentaram médias altas, com destaque para FMT-Tucunaré.

Em relação ao caráter PG, as testemunhas diferiram estatisticamente entre si, sendo FMT-Tucunaré a mais produtiva, seguida por UFVS 2002, M-Soy 6101 e Conquista, respectivamente. As testemunhas M-Soy 6101 e UFVS 2002 apresentaram os maiores teores de óleo (acima de 22%), não diferindo estatisticamente entre si e, Conquista foi a testemunha com o menor teor e produtividade de óleo e estatisticamente diferente das demais testemunhas para ambos os caracteres. Já para o caráter produtividade de óleo, as testemunhas mais produtivas foram FMT-Tucunaré e UFVS 2002 (Tabela 19).

A análise de variância das progênies $F_{2;3}$ e genitores para os caracteres avaliados pode ser observada na Tabela 20. Os coeficientes de variação foram adequados para a experimentação agrícola, mostrando boa precisão experimental (PIMENTEL GOMES, 2000), apesar de os

caracteres PG e PO apresentarem valores acima de 20%, não comprometeram a precisão experimental, pois são caracteres fortemente influenciados pelo ambiente.

As fontes de variação progênes (P) e genitores (G) foram significativos ($p < 0,01$), pelo teste F, para todos os caracteres avaliados, mostrando variabilidade entre progênes e genitores. Observou-se que a fonte de variação contraste P vs. G apresentou significância ($p < 0,01$) para os caracteres AC, PG e PO, e significância ($p < 0,05$) para o caráter VA. A partir deste efeito significativo do contraste, pode-se inferir que os genitores foram melhores dos que as progênes $F_{2:3}$ para esses caracteres, pois apresentaram maior média. Já para os caracteres NDM, APM e TO, o comportamento das progênes foi semelhante ao dos genitores, devido a não significância, pelo teste F, do efeito contraste P vs G.

2.3.2.2 Comportamento dos genitores e das progênes e comparações entre médias

Nas Tabelas 22 a 28 constam os valores de média, desvio padrão, mínimo e máximo dos genitores e para os caracteres número de dias na maturidade (NDM), altura de plantas na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO), respectivamente, bem como a Tabela 29 apresenta os valores dos genitores e das progênes $F_{2:4}$ para o caráter reação à podridão vermelha das raízes (PVR). Além disso, as Figuras 10 a 17 apresentam a dispersão dos genótipos para os caracteres avaliados.

A Tabela 30 apresenta o teste de comparação de médias entre as progênes $F_{2:3}$, $F_{2:4}$ e os genitores por meio do teste Scott e Knott. Devido ao número de progênes ter sido elevado (1960 progênes $F_{2:3}$, sendo 40 progênes de cada um dos 49 cruzamentos), o resultado do teste de médias foi sintetizado em uma tabela de distribuição de frequências (adaptado de VIEIRA, 2009). Somente estão apresentadas as distribuições de frequências dos valores extremos (“maior” e “menor”), para facilitar a interpretação dos dados de maior relevância. O teste foi realizado por caráter e o número de grupos obtidos indica a quantidade de letras a serem utilizadas na discriminação dos genótipos. Para as progênes, dentro da coluna “maior” está evidenciada a quantidade de progênes com a mesma letra, neste caso, letra “a” para cada cruzamento. No final da coluna com os dados de progênes estão apresentadas o total de progênes similares e que

pertencem a esse determinado grupo. Para a coluna “menor”, o resultado é similar, sendo que a menor letra varia de acordo com o número de grupos formados.

Para os sete caracteres (NDM, APM, AC, VA, PG, TO e PO) avaliados na geração $F_{2:3}$ (Tabela 30) houve a formação de número distintos de grupos, indicando a capacidade diferenciadora de alguns caracteres em discriminar divergências genéticas entre os genótipos. Em ordem decrescente de formação de grupos, tem-se: nove grupos (a até i) para o caráter NDM; seis grupos (a até f) para o caráter APM; quatro grupos para os caracteres VA e TO; e três grupos para os caracteres AC, PG, PO.

De maneira geral, o comportamento dos genitores no experimento da geração $F_{2:3}$ foi semelhante ao que ocorreu na geração F_2 e os cruzamentos apresentaram a possibilidade de obtenção de progênies promissoras para todos os caracteres avaliados.

A Tabela 22 apresenta estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênies $F_{2:3}$ de cada cruzamento, para o caráter NDM. Observa-se uma ampla variabilidade dos genitores, com valores variando de 108 dias para o genitor mais precoce (PI 5200.733 (5)) até 139 dias para genitor mais tardio (USP 14-07-05 (3)). Esta variabilidade nos genitores proporcionou uma elevada variabilidade nas progênies $F_{2:3}$, em que obteve-se ciclo variando de 96 dias, nos cruzamentos entre PI 520733 (5) com USP 70057 (9) e com USP 70109 (11) até 142 dias, nos cruzamentos entre USP 14-10-38 (1) x USP 70006 (8) e IAC 100 (6) x A 7002 (13). As progênies envolvendo o genitor PI 520733 obtiveram elevado desvio padrão, com cruzamentos apresentando ciclo de 96 até 141 dias (PI 520733 (5) x USP 70057 (9)), este comportamento ocorreu, provavelmente, pelo fato do genitor PI 520733 (5) ser exótico e não possuir genes para período juvenil longo e, ao ser cruzado com um genitor adaptado e possuidor de genes para período juvenil longo ocorre alta variabilidade, como observado na Tabela 6 e isto também foi demonstrado por Farias Neto e Vello (2001).

O teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade (Tabela 30) separou os genótipos em nove grupos para o caráter NDM, evidenciando a variabilidade existente. Os genitores pertencentes ao agrupamento “maior”, ou seja, os mais tardios foram USP 14-07-05 (3) e A 7002 (13), bem como os cruzamentos que envolveram esses genitores originaram grande quantidade de progênies reunidas a este grupo de genótipos mais tardios, exceto o cruzamento PI 520733 (5) x A 7002 (13). Os genótipos mais precoces e agrupados no grupo “menor” foram as progênies oriundas do cruzamento envolvendo PI 520733 (5), exceto quando esta é cruzada com a cultivar A 7002 (13),

já os genitores mais precoces foram PI 520733 (5) e USP 70004 (10), no entanto, não foram agrupados no grupo “menor”.

Em relação a APM, a Tabela 23 apresenta estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes $F_{2,3}$ de cada cruzamento. A altura média de plantas nos genitores variou de 40 cm (PI 520733 (5)) até 111 cm (USP 70123 (14)). Nas progênes, a altura média de plantas variou de 48 cm no cruzamento PI 520733 (5) x USP 70006 (8) até 108 cm no cruzamento USP 14-10-38 (1) x USP 70123 (14), porém, a maioria dos cruzamentos apresentou progênes com valores ideais de altura de plantas, variando de 60 até 95 cm e semelhantes à altura das cultivares comerciais.

De acordo com teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade (Tabela 30), nenhum genitor foi agrupado no grupo “maior”, em contrapartida, as progênes com maior altura de plantas e pertencentes a este grupo foram observadas entre os cruzamentos USP 70109 (11) com USP 14-10-38 (1) e com USP 14-07-05 (3), bem como entre A 7002 (13) e USP 70123 (14) com os genitores USP 14-10-38 (1), USP 14-07-05 (3), USP 14-13-16 (4), IAC 100 (6) e M-Soy 8001 (7). As plantas mais baixas e agrupadas no grupo “menor” foram encontradas no genitor PI 520733 (5), assim como na maioria das progênes $F_{2,3}$ envolvendo esse genitor.

Na Tabela 24 podem ser observadas as estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes $F_{2,3}$ de cada cruzamento, para o caráter AC. Os genitores USP 14-07-05 (3), PI 520733 (5), M-Soy 8001 (7), USP 70006 (8) e USP 70109 (11) apresentaram notas médias 1,0, ou seja, todas as plantas eretas, e, somente o genitor USP 70123 (14) obteve nota média pouco acima de 2,0, denotando comportamento semi-ereto. Em relação às progênes, os valores médios de notas variaram de 1,0 até 2,0 em todos os cruzamentos. Os cruzamentos IAC 100 (6) x A 7002 (13), USP 70123 (14) com USP 14-10-38 (1), USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05, USP 14-13-16 e com IAC 100 (6) obtiveram pelo menos uma progênie com nota maior ou igual a 3,0.

Em geral, os genótipos não tiveram problemas de acamamento, com 70% dos genótipos agrupados no grupo “menor” (Tabela 30), segundo o teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade e, os mais acamados, pertencentes ao grupo “maior” apresentaram comportamento semi-ereto (Tabela 34), com destaque negativo, para o genitor USP 70123 (14) e os cruzamentos envolvendo esse genitor, exceto quando cruzado com PI 520733 (5).

As estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes $F_{2:3}$ de cada cruzamento, para o caráter VA são apresentadas na Tabela 25. Observa-se que nos genitores os valores médios de notas variaram de 1,0 (PI 520733(5)) até 2,8 (USP 70109 (11), USP 70080 (12) e A 7002 (13)). Os cruzamentos USP 14-10-38 (1) e USP 14-07-05 (3) com USP 70004 (10), USP 70080 (12), A 7002 (13) e com USP 70123 (14); IAC 100 (6) com USP 70004 (10) e A 7002 (13); USP 14-10-38 (1) x USP 70006 (8), USP 14-01-20 (2) x USP 70080 (12), PI 520733 (5) x USP 70057 (9) e M-Soy 8001 (7) x A 7002 (13) obtiveram pelo menos uma progênie com nota de valor agrônômico acima de 3,0.

Para o caráter VA, segundo o teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, os genitores USP 14-10-38 (1), USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05 (3), M-Soy 8001 (7), USP 70109 (11), USP 70080 (12) e A 7002 (13) foram agrupadas no grupo “maior”, bem como os cruzamentos que apresentaram a maioria das progênes com os maiores valores de valor agrônômico foram os que envolveram o genitor A 7002 (13), exceto quando esse foi cruzado com PI 520733 (5); destacam-se também os cruzamentos USP 14-10-38 (1) com USP 70006 (8) e USP 70004 (10); USP 70080 (12) com USP 14-10-38 (1), USP 14-07-05 (3) e com M-Soy 8001 (7) por apresentarem a maioria das progênes agrupadas no grupo “maior”. O genitor PI 520733 (5) foi o único dos genitores agrupado no grupo “menor” para o caráter o VA, bem como a maioria das progênes oriundas desse genitor.

Os caracteres PG e PO apresentaram comportamentos positivos e negativos similares tanto per se dos genitores quanto das progênes, resultado este esperado pelo fato de o caráter PO ser dependente do caráter PG.

Nas Tabelas 26 e 28 podem ser observadas as estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes $F_{2:3}$ de cada cruzamento, para os caracteres PG e PO. Os genitores mais produtivos em grãos e óleo foram, em ordem decrescente, USP 70004 (10), USP 70123 (14), M-Soy 8001 (7) e USP 70006 (8), em contrapartida os genitores menos produtivos foram: PI 520733 (5), USP 14-13-16 (4) e USP 14-07-05. Os cruzamentos que proporcionaram a obtenção de progênes $F_{2:3}$ com maior produtividade de grãos e óleo foram: M-Soy 8001 com USP 70004 (10), USP 70123 (14) e com USP 70080 (12); USP 14-01-20 (2) com USP 70080 (12) e A 7002 (13). Já os cruzamentos com as menores produtividades de grãos e óleo foram os que envolveram o genitor PI 520733 (5),

USP 14-07-05 (3) x USP 70006 (8), M-Soy 8001 (7) x USP 70109 (11) e USP 14-13-16 (4) x USP 70109 (11).

O único genótipo em que não ocorreu coincidência de agrupamento para os caracteres PG e PO, de acordo com o teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, é o genitor IAC 100 (6), pois não está presente no grupo “maior” para o caráter PO, devido apresentar o mais baixo teor de óleo. Todos os cruzamentos apresentaram pelo menos uma progênie no grupo “maior” para os caracteres PG e PO, no entanto, os cruzamentos USP 14-01-20 (2) x USP 70004 (10), USP 14-01-20 (2) x USP 70080 (12), USP 14-01-20 (2) x A 7002 (13), USP 14-07-05 (3) x USP 70080 (12), M-Soy 8001 (7) x USP 70004 (10) e M-Soy 8001 (7) x USP 70080 (12), obtiveram mais de 75% das progênies com alta produtividade de grãos e de óleo por estarem presentes no grupo “maior”. O genótipo pertencente ao grupo “menor” para os caracteres PG e PO foi a PI 520733 (5), tanto em comportamento per se, quanto em relação a maioria das progênies oriundas de seus cruzamentos (Tabela 30).

As estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênies $F_{2,3}$ de cada cruzamento, para o caráter TO são apresentadas na Tabela 27. Os valores médios de teor de óleo dos genitores variaram de 17,7% (IAC 100 (6)) até 23,8% (A 7002 (13)), além disso, todos os genitores do dialelo parcial considerados com alto teor de óleo apresentaram teores acima de 22% e, os genitores do dialelo parcial considerado tolerante a PVR apresentaram teor de óleo abaixo a 22%, exceto o genitor USP 14-01-20 (2). Em todos os cruzamentos, pelo menos uma progênie apresentou valor médio de teor de óleo acima de 22%, o que evidencia o potencial desses cruzamentos na obtenção de genótipos promissores e transgressivos para o caráter teor de óleo. As progênies que obtiveram os maiores valores médios de teor de óleo foram oriundas dos cruzamentos com A 7002 (13), exceto quanto este é cruzado com IAC 100 (6); os cruzamentos USP 70006 (8) com USP 14-13-16 (4) e M-Soy 8001; USP 70004 (10) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-13-16 (4). Em contrapartida, os cruzamentos que proporcionaram progênies com os menores valores médios de teor de óleo foram os cruzamentos que envolveram o genitor IAC 100 (6) e PI 520733 (5) x USP 70123 (14).

Para o caráter TO, as progênies apresentaram valores elevados, sendo que 64% estão no grupo “maior” e somente 2,5% das progênies estão no grupo “menor”, de acordo com o teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade. Os cruzamentos que se destacaram em relação ao TO foram os que envolveram o genitor A 7002 (13) com 85% ou mais das progênies no agrupamento de

maior valor, bem como o seu comportamento per se. O genótipo com o menor TO foi IAC 100 (6), tanto em comportamento per se, quanto em relação a seus cruzamentos. Além disso, outros cruzamentos como USP 70057 (9) com USP 14-07-05 (3) e PI 520733 (5); USP 70123 (14) com USP 14-13-16 (4) e PI 520733 (5) apresentaram pelo menos uma progênie no grupo “menor”.

Assim como ocorreu neste trabalho, Vello et al. (1984) e Lopes (2001) relataram que cruzamentos envolvendo materiais adaptados e exóticos apresentam tendências de promoverem menores médias e altas variâncias comparativamente aos cruzamentos envolvendo somente genitores adaptados.

2.3.3 Avaliação das progênies $F_{2:4}$ em casa de vegetação

Na Tabela 21 pode ser verificada a análise de variância das progênies $F_{2:4}$ e genitores, para o caráter PVR. Esse experimento foi realizado em casa-de-vegetação, com inoculação artificial com grãos de sorgo infectados, assim o inóculo é homogeneizado com o substrato antes da semeadura, de modo que os esporos estavam espalhados por toda a área do substrato, assegurando o desenvolvimento das raízes na presença do fungo. Apesar disso, o coeficiente de variação foi de 10,5%, devido à grande influência ambiental na manifestação da doença, causada pela interação patógeno-hospedeiro e, também devido à herança poligênica da doença com pelo menos sete locos controlando o caráter (FRONZA et al., 2004). Como o objetivo deste experimento era avaliar os sintomas radiculares, não houve a necessidade de esperar o forte desenvolvimento dos sintomas foliares, além de que o crescimento prolongado das plantas nas bandejas induziria ao acamamento.

As fontes de variação progênies (P) e genitores (G) foram significativos ($p < 0,01$), pelo teste F, mostrando variabilidade entre progênies e genitores na reação à podridão vermelha das raízes. O efeito de contraste P vs. G não foi significativo, possibilitando inferir que o comportamento das progênies foi semelhante ao dos genitores para esta doença. A partir disso, pode-se inferir que os genitores selecionados para este estudo e considerados tolerantes por Fronza et al. (2004) e Bernardi (2008) geraram progênies tolerantes quando cruzadas com genitores para alto teor de óleo (Tabela 21).

De maneira geral, estes resultados são promissores, pois indicam a possibilidade de obter progênies com características de interesse para os caracteres avaliados, devido à variabilidade existente em todos os caracteres, ou seja, é plausível obter progênies com alta produtividade de óleo, tolerância à podridão vermelha das raízes e boas características agronômicas.

A Tabela 29 apresenta as estimativas de médias, desvio padrão e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 30 progênies $F_{2:4}$ de cada cruzamento para o caráter PVR. Essas 30 progênies $F_{2:4}$ foram oriundas das progênies $F_{2:3}$ que apresentaram os maiores valores de produtividade de óleo e possuíam boas características agronômicas (alta produtividade de grãos, ciclo médio ou precoce, plantas eretas e valor agronômico similar às testemunhas). Somente o genitor IAC 100 (6) apresentou comportamento intermediário (moderadamente tolerante, Tabela 36). Os genitores suscetíveis a PVR foram USP 70109 (11) e A 7002 (13), os demais se comportaram de forma tolerante à doença.

Na Tabela 30 pode ser observada a formação de três grupos distintos para o caráter PVR, segundo o teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade, indicando a capacidade diferenciadora do caráter em discriminar divergências genéticas entre os genótipos. Cerca de 60% das progênies avaliadas (890 progênies) apresentaram comportamento tolerante, com destaque para os cruzamentos envolvendo os genitores USP 14-10-38 (1), USP 14-01-20 (2), USP 14-07-05 (3) e M-Soy 8001 (7) (exceto quando cruzados com USP 70109 (11) e A 7002 (13)); o genitor USP 14-13-16 (4) (exceto quando cruzado com A 7002(13)) e o genitor PI 520733 (5), que por sua vez apresenta progênies tolerantes até mesmo quando cruzados com USP 70109 (11) e A 7002 (13). A PI 520733 já foi relatada como tolerante a PVR em diversos trabalhos, inclusive sendo utilizada como testemunha (HARTMAN et al., 1997; MUELLER et al., 2003; SHUXIAN et al., 2008).

Bernardi (2008) relatou a presença de dominância gênica e baixa herdabilidade ao nível de plantas para o caráter reação a PVR, indicando que a seleção deve ser postergada para gerações com maior homozigose (linhagem pura).

2.3.4 Coeficientes de correlação

2.3.4.1 Associação entre as gerações F_2 e $F_{2:3}$

Na Tabela 31 são apresentados os coeficientes de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) ou de ordem, envolvendo as gerações F_2 e $F_{2:3}$, com base em 40 pares de valores entre plantas individuais F_2 e as progênes $F_{2:3}$, para cada um dos 49 cruzamentos. As estimativas dos coeficientes foram avaliadas para os caracteres número de dias para maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO).

Observa-se, de maneira geral, uma grande concordância entre as estimativas de correlações médias e dentro dos cruzamentos para todos os caracteres utilizando-se tanto a metodologia de Pearson quanto a de Spearman (classificação). O grau de concordância entre as duas metodologias é dependente da magnitude dos efeitos ambientais que possam existir entre as gerações consideradas. O alto grau de concordância observado entre as metodologias, apesar de as progênes apresentarem identidade genética diferentes e terem sido avaliadas em épocas diferentes (F_2 em 2008/2009 e $F_{2:3}$ em 2009/2010), significa dizer que a magnitude das interações entre genótipos x anos ocorridas não foram capazes de invalidar as estimativas obtidas pela metodologia de Pearson.

Para o caráter NDM, as estimativas de correlações foram semelhantes e elevadas ($r_p=r_s=0,55$) o que evidencia a menor complexidade genética deste caráter e sugere que a prática da seleção deve merecer atenção dos melhoristas já nas gerações iniciais, ou seja, plantas que apresentaram precocidade na geração F_2 , mostraram o comportamento similar nas progênes $F_{2:3}$. Os cruzamentos que apresentaram os maiores coeficientes de correlação (acima de 0,70 em ambas as metodologias) foram os cruzamentos USP 70004 (10) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3), USP 70006 (8) com USP 14-13-16 (4) e M-Soy 8001 (7), PI 520733 (5) x A 7002 (13), IAC 100 (6) x USP 70109 (11) e M-Soy 8001 (7) x USP 70080 (12).

Com relação ao caráter VA, as estimativas de correlações foram relativamente baixas, mostrando a complexidade deste caráter. Os valores médios de correlações entre as gerações foram $r_p = 0,22$ e $r_s = 0,20$, valores semelhantes foram encontrados por Pacova (1992) e Farias

Neto e Vello (2001). Dos 49 cruzamentos, três destacaram-se pela alta correlação (USP 14-10-38 (1) x USP 70057 (9), USP 14-13-16 (4) x USP 70006 (8) e IAC 100 (6) x USP 70109 (11)).

Já para os caracteres PG, TO e PO, observa-se de maneira geral que as correlações têm baixa magnitude, sendo $r_p = 0,17$ e $r_s = 0,16$ para PG, $r_p = r_s = 0,27$ para TO e $r_p = 0,22$ $r_s = 0,21$ para PO. Estes resultados comprovam a complexidade dos caracteres de importância econômica para a soja e, conseqüentemente a dificuldade de se praticar seleção em gerações iniciais para estes caracteres, pois estão sob o controle de poligenes. Farias Neto e Vello (2001) encontraram estimativas superiores para os caracteres PG, TO e PO entre as gerações $F_{3;4}$ e $F_{3;5}$, mostrando ser a variância genética aditiva componente importante da herança da produtividade de grãos e de óleo em soja. Com o aumento da endogamia há incremento na proporção de variância genética aditiva disponível nas populações. Portanto, esses resultados indicam que a seleção para PG, TO e PO deve ser realizada em gerações mais avançadas (a partir de F_4).

2.3.4.2 Correlações das capacidades de combinação entre plantas F_2 e progênies $F_{2;3}$

A Tabela 32 apresenta as correlações fenotípicas simples das capacidades gerais de combinação (CGC) e capacidades específicas de combinação (CEC) entre plantas F_2 e progênies $F_{2;3}$ para os caracteres NDM, VA, PG, TO e PO.

Para a capacidade geral de combinação, as correlações foram positivas, de altas magnitudes ($r > 0,60$) e significativas pelo teste t para todos os caracteres, indicando que um mesmo genitor, tanto avaliado no experimento F_2 quanto no experimento $F_{2;3}$, tem o seu comportamento superior ou inferior em relação ao comportamento médio das demais linhagens envolvidas nos cruzamentos do esquema dialélico.

Quanto à capacidade específica de combinação, as correlações foram positivas para todos os caracteres, de medianas magnitudes ($0,40 < r < 0,60$) e significativas para os caracteres NDM, VA e TO, de baixa magnitude ($r < 0,40$) e significativa para PG e, de baixa magnitude e não significativa para o caráter PO. Estes resultados corroboram com os resultados da Tabela 30, no sentido que comprovam a complexidade e a dificuldade de se praticar seleção em gerações iniciais para os caracteres PG e PO (LOPES et al., 2002), além disso, como a capacidade específica de combinação resulta da variância genética dominante e com o aumento da

endogamia ocorre um aumento na variância genética aditiva, este resultado das correlações entre F_2 e $F_{2:3}$ da CGC serem maiores em relação a CEC é válido.

2.3.4.3 Correlações fenotípicas e genéticas entre caracteres

As correlações fenotípicas e genéticas medem a magnitude e o grau de associação entre os caracteres. A correlação positiva indica associação direta entre os caracteres, ou seja, o aumento na média de um caráter reflete o aumento na média do outro. Já a correlação negativa indica a associação inversa entre os caracteres, isto é, o aumento na média de um caráter reflete na redução na média do outro.

Na Tabela 33 podem ser vistos os coeficientes de correlação fenotípica e genética para os caracteres avaliados, exceto para a correlação fenotípica entre o caráter PVR com os demais caracteres, visto que este caráter foi avaliado num experimento a parte, pois a condução deste experimento foi realizada em casa-de-vegetação com inoculação artificial de *Fusarium solani* f. sp. *glycines* e, a avaliação da reação a PVR ocorreu aos 35 dias após a semeadura em que fez-se necessário a retirada das plantas para avaliar os sintomas da doença no sistema radicular. Assim, os resíduos obtidos pelas análises de variância para este experimento e os resíduos obtidos no experimento das progênie em campo experimental para os outros caracteres são independentes e, portanto a correlação existente entre o caráter PVR com os demais caracteres é de origem genética.

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

Para esta discussão, as estimativas de correlação foram agrupadas em três categorias diferentes, de acordo com a magnitude dos coeficientes: baixas ($r < 0,40$), moderadas ($0,40 < r < 0,60$) e altas ($r > 0,60$).

Os coeficientes de correlação genética foram maiores que os coeficientes de correlação fenotípica. Correlações genotípicas com sinal igual e valores maiores que as fenotípicas têm sido comuns em soja (TAWARE et al., 1997; LOPES et al., 2002; SILVA, 2008) e mostra coincidência entre o que é observado fenotipicamente e o que está ocorrendo geneticamente, o que é interessante para um programa de melhoramento (Tabela 33). Diante disso, na discussão dos resultados foi dada ênfase aos coeficientes de correlação genética.

Os coeficientes de correlação genética entre os caracteres relacionados com o desenvolvimento da planta na maturidade (NDM e APM) com os demais caracteres apresentaram valores positivos e significativos a 1% de probabilidade pelo teste t, exceto para a correlação APM e TO em que a significância foi de 5% de probabilidade. As correlações entre os caracteres VA e NDM e entre VA e APM apresentaram magnitudes altas, enquanto as magnitudes dos coeficientes de correlação entre os caracteres NDM e APM, AC e APM, PG e APM foram moderadas e, os demais coeficientes de correlação apresentaram magnitudes baixas. Vale ressaltar que a seleção de progênies tardias implica em progênies de maior altura, em concordância com o trabalho de Iqbal et al. (2010), valor agronômico, produtividade de grãos e óleo elevado, isto porque aumenta o número de internódios produtivos, entretanto, observa-se também a baixa correlação existente entre TO com NDM e APM.

Lopes et al. (2002) relataram que uma limitação apontada pela correlação entre NDM e PG é a dificuldade de reunir em um mesmo genótipo os genes favoráveis para produtividade e para precocidade. Isso se deve às causas genéticas das correlações entre caracteres: (a) ligação genética entre os genes que controlam dois caracteres, difícil de ser superada (quebrada) quando muito forte ($c \leq 10\%$ de recombinação), podendo, neste caso, até impedir o aparecimento de recombinantes desejáveis nas gerações filiais; (b) pleiotropia, ou seja, o(s) mesmo(s) genes controlam os dois caracteres; neste caso, a possibilidade de obtenção de recombinantes fica restrita a ocorrência de mutações espontâneas e/ou induzidas. Quando se trata de ligação, os valores da correlação podem variar de $-1,0$ a $1,0$, dependendo da distância genética entre os genes. Já no caso de pleiotropia, a correlação é muito alta, próxima de $-1,0$ ou de $1,0$ para um gene. Portanto, correlações no intervalo de $-1,0 < r < -0,5$ e $0,5 < r < 1,0$ são difíceis de serem suplantadas, levando à classificação em caracteres associados negativa e positivamente, respectivamente.

Os coeficientes de correlação genética foram positivos para valor agrônomo e acamamento com a maioria dos caracteres, exceto para a correlação entre os caracteres AC e TO. Conforme esperado, progênies com maior APM implicam em progênies mais acamadas. Maior capacidade produtiva de grãos e de óleo implicou em maiores notas de VA, indicando que a seleção visual pode ser eficiente.

Ainda na Tabela 33, o caráter TO apresentou coeficiente de correlação genética positivo com a maioria dos caracteres, exceto para o caráter AC e, valor baixo de magnitude dos coeficientes, especialmente para a correlação entre TO com os caracteres APM, AC, VA e PVR. A estimativa de correlação genética entre TO e PG foi de baixa magnitude, 0,188 ($p < 0,01$), estando em concordância com diversos trabalhos (MELLO FILHO et al., 2004; IQBAL et al., 2010). O coeficiente de correlação genética entre os caracteres relacionados com a produtividade (PG e PO) foi o mais alto obtido nesse estudo. Estes caracteres foram positivamente correlacionados e de magnitude alta, sendo a estimativa de 0,989 ($p < 0,01$). Entretanto, isto já era esperado uma vez que se utilizou a produtividade de grãos na estimação de PO.

Não foram encontrados na literatura trabalhos estudando a correlação entre podridão vermelha das raízes com outros caracteres de interesse agrônomo, daí a importância deste estudo, uma vez que a estimação das correlações é importante no estabelecimento de estratégias mais adequadas de seleção para a obtenção de genótipos superiores.

Para o caráter PVR, o coeficiente de correlação genética com os demais caracteres foi positivo, no entanto de baixa magnitude e, não significativo somente para a correlação PVR e TO. Destaca-se a baixa magnitude do coeficiente de correlação entre PVR com os caracteres AC, PG, TO e PO, indicando a dificuldade na seleção de progênies com tolerância à podridão vermelha das raízes e alto teor e produtividade de óleo em um programa de melhoramento. Porém, apesar de difícil, é possível obter genótipos com alelos favoráveis para esses caracteres, conforme mostrado na Tabela 30.

2.3.5 Seleção simultânea

As Tabelas 34 e 35 sintetizam as principais informações apresentadas nesta pesquisa, pois, por meio de uma seleção conjunta de médias dos caracteres, mostram as combinações híbridas de melhor comportamento.

Na Tabela 34 pode ser verificado uma classificação dos caracteres, em que estão evidenciados os grupos formados pelo teste de Scott e Knott, o intervalo dos valores em cada grupo e a classe a qual pertence determinado(s) grupo(s). Já a Tabela 35 apresenta uma classificação dos cruzamentos para cada caráter avaliado, baseada no agrupamento realizado pelo teste de Scott e Knott, de maneira que, quando a maioria das 40 progênes $F_{2:3}$ e das 30 progênes $F_{2:4}$ estavam num determinado agrupamento, o cruzamento foi classificado segundo as características dos caracteres apresentadas na Tabela 34.

Dentre os 14 genitores estudados, cinco (M-Soy 8001 (7), USP 70006 (8), USP 70057 (9), USP 70004 (10) e USP 70080 (12)) apresentaram características interessantes para todos os caracteres avaliados ao possuir alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo, tolerância a PVR e boas características agronômicas. O genitor PI 520733 (5) possui apenas duas características interessante dentre os caracteres avaliados, é tolerante a PVR e precoce, em contrapartida, os genitores USP 70109 (11) e A 7002 (13) são suscetíveis a PVR, sendo esta a única característica negativa desses genitores para os caracteres avaliados. É importante salientar também, que o genitor USP 70123 (14) apresenta alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo e tolerância a PVR, no entanto, suas plantas apresentam comportamento semi-ereto.

De forma geral, os cruzamentos apresentaram a possibilidade de obtenção de progênes promissoras para todos os caracteres avaliados. Entretanto dez cruzamentos, USP 14-10-38 (1) x USP 70057 (9), USP 14-10-38 (1) x USP 70004 (10), USP 14-10-38 (1) x USP 70080 (12), USP 14-01-20 (2) x USP 70006 (8), USP 14-01-20 (2) x USP 70004 (10), USP 14-13-16 (4) x USP 70004 (10), M-Soy 8001 (7) x USP 70006 (8), M-Soy 8001 (7) x USP 70004 (10), M-Soy 8001 (7) x USP 70080 (12) e M-Soy 8001 (7) x USP 70123 (14) destacaram-se por originar a maioria de suas progênes com as melhores características em todos os caracteres avaliados, ou seja, apresentaram ciclo precoce ou semi-precoce, altura média de plantas e eretas, valor agrônomo bom ou médio, alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo e tolerância a PVR (Tabela 35).

Além disso, nenhum cruzamento originou a maioria de suas progênes com as piores características em todos os caracteres avaliados. Porém, a maioria das progênes oriundas do genitor PI 520733 (5) tendem a ser mais precoces e, conseqüentemente, crescem pouco e apresentam baixo desempenho agrônômico tanto para produtividade de grãos quanto de óleo, em contrapartida, são tolerantes ou moderadamente tolerantes a PVR e quando cruzada com USP 70057 (9), USP 70109 (11), USP 70080 (12) e A 7002 (13) obtiveram alto teor de óleo, o que evidencia a possibilidade de genótipos transgressivos para este caráter.

A maioria das progênes envolvendo o genitor IAC 100 foram os que apresentaram o pior comportamento para o caráter teor de óleo, exceto quando cruzado com USP 70004 (10) e são suscetíveis ou moderadamente tolerantes a PVR. Já a maioria das progênes envolvendo o genitor A 7002 (13) apresenta alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo, porém possui comportamento moderadamente tolerantes quando cruzado com USP 14-10-38 (1) e PI 520733 (5) e suscetíveis em cruzamento com os demais genitores.

2.3.6 Uso de marcadores moleculares

2.3.6.1 Polimorfismo dos locos SSR e estrutura das populações

Os 25 locos SSR apresentaram um total de 96 alelos distribuídos nas três populações analisadas (Tabela 36). O número médio de alelos foi de 3,84 alelos/loco, variando de dois (Satt599, Satt578 e Satt574) a sete (Satt307 e Satt270). Priolli et al. (2002 e 2004) e Wang et al. (2008) obtiveram valores semelhantes do número de alelos/loco e alto polimorfismo dos locos SSR quando trabalharam com genótipos elites. O coeficiente de diversidade genética (H_e) teve ampla variação e apresentou maior valor médio na população RS (0,473), seguido das populações SS (0,433) e RR (0,378) (Tabela 36). Estes resultados embora confirmem o alto polimorfismo e a capacidade de informação dos locos SSR na amostra estudada, foram ligeiramente inferiores aos obtidos por cultivares elites norte-americanas de soja (0,54 em Diwan e Cregan, 1997 e $0,50 \pm 0,02$ em Navel et al., 2000) e cultivares européias ($0,6 \pm 0,2$ em Hudcovicá e Kraic, 2003). Em cultivares elites brasileiras, os locos têm apresentado valores de diversidade $0,64 \pm 0,12$

(PRIOLLI et al., 2002). No presente trabalho foram avaliadas 87 progênies $F_{2:4}$ provenientes de três cruzamentos, fato este que pode explicar a menor diversidade encontrada.

O programa Structure (PRITCHARD et al., 2000) foi utilizado para avaliar a estrutura populacional do grupo de 93 indivíduos avaliados. Por meio da probabilidade Bayesiana de agrupamento, os indivíduos foram designados para os grupos (ou populações) com base nos genótipos apresentados para os 25 locos estudados.

A estimativa de K (número de grupos) foi obtida por meio do valor delta K proposto por Evanno et al. (2005). Os resultados obtidos indicaram como valor mais provável (de maior verossimilhança ou LNPD *-log probability of data*) o agrupamento referente a 3 grupos (Figura 19), pois este representou o maior valor de delta K encontrado.

Os histogramas com a identificação de cada indivíduo nos três grupos (Figura 18) representados pelas cores azul, vermelha e verde apresentaram coincidência dos resultados da estruturação das populações com os três cruzamentos inicialmente separados para os estudos de associação (população RR, barras azuis; população RS, barras vermelhas e população SS, barras verdes). De maneira geral, os indivíduos dentro de cada população foram bem característicos das mesmas, embora alguns indivíduos tenham apresentado pequena probabilidade de pertencerem aos outros dois grupos. Por exemplo, os indivíduos 1 e 2 embora alocados na população RR (barras azuis), apresentaram probabilidade de pertencerem às populações RS (verde) e SS (vermelha). O mesmo comportamento pode ser observado nos indivíduos 7, 9, 12, 13 além de mais 14 indivíduos da amostra estudada. Provavelmente, esses casos mostrados na Figura 18 refletem o alto polimorfismo do marcador e podem ser úteis para a orientação da seleção de genitores para cruzamentos que visem a maior recuperação do genoma de outras populações.

2.3.6.2 Genética de associação

Primeiramente, foi estimado o desequilíbrio de ligação por meio do cálculo da estatística r^2 (correlação das frequências alélicas), entre os pares de locos. Para os 25 pares de locos SSR separados nos seus respectivos grupos de ligação, houve convergência de resultado, ou seja, houve presença de marcador quando aplicado o teste estatístico, em 35 pares de correlações (r^2). Vinte e oito (28) delas foram significativas ($p < 0,01$) (Tabela 37).

De maneira geral, o valor de r^2 variou de 0,031 a 0,183 com uma média de 0,077. A maioria dos pares de correlações ocorreram numa distância entre 1 - 10 cM (média de 0,089), com destaque para o par de locos Satt371 x Satt307 no grupo de ligação C2. Os menores valores de r^2 ocorreram com distância genética entre os pares de locos > 20 cM (média de 0,061), indicando que a probabilidade de desequilíbrio de ligação é baixa entre pares de locos distantes (Tabela 37). Essa observação já foi relatada por Jun et al. (2008) ao estudar mapeamento associativo para o caráter teor de proteína em soja.

O gráfico de dispersão do desequilíbrio de ligação com base nos valores de r^2 em relação às distâncias genéticas pode ser observado na Figura 20. A linha de tendência apresentada no gráfico mostra que as estimativas de LDD (Linkage Disequilibrium Decay ou Queda do Desequilíbrio de Ligação) entre dois locos foi mais acentuada em distâncias menores do que 10 cM e mais lenta a partir deste ponto até 50 cM, o que sugere que a cada 10 cM seria necessário um marcador para a abordagem de busca completa no genoma (*genome wide-scan*), nestas populações. Estima-se que o genoma da soja tenha cerca de 3000 cM. No presente estudo seriam necessários pelo menos 300 marcadores para a abordagem *genome wide-scan*. Esta quantidade embora superior a utilizada no presente estudo (25 marcadores ou locos SSR) não o invalida em estudos associativos, pois quando existe desequilíbrio de ligação entre um marcador molecular e um locus que controla um caráter de interesse, os marcadores podem estar associados aos valores fenotípicos mensurados na população de indivíduos (LANDER e SCHORCK, 1994). A queda de LDD tem sido citada como prolongada em estudos de associação em soja. Foram estudados a extensão e queda do DL por meio de 150 locos SSR a fim de ser associado ao teor de proteína em 96 acessos de soja; valores de $r^2 > 0,2$ foram observados até 10 cM e $r^2 > 0,1$ a distâncias superiores a 50cM indicando o número de 150 a 300 marcadores para a realização de estudos associativos. (JUN et al 2008).

Conforme mencionado anteriormente, as populações RR, RS e SS foram selecionadas com base no seu comportamento ao caráter PVR em estudo preliminar de sete locos SSR nos seus genitores. No entanto, como havia sido também estimado o teor de óleo total (TO), optou-se por realizar estudos de genética de associação a ambos os caracteres de interesse do trabalho: PVR e TO em progênies $F_{2:4}$, assim como realizaram Charlson et al. (2003) ao estudar a genética de associação para resistência à deficiência de ferro em soja em progênies $F_{2:4}$.

A partir dos resultados obtidos na Tabela 38, o caráter PVR, apresentou associação com dois locos SSR em dois diferentes grupos de ligação, sendo Satt277 no grupo de ligação C2 ($p < 0,05$) e Satt038 no grupo de ligação G ($P < 0,01$) (Tabela 38). O marcador Satt277 já foi relatado por Kazi et al. (2008) como associado à resistência a PVR por meio de mapa de ligação e, o marcador Satt038 também já foi relatado como associado à resistência a PVR por Prabhu (1999), Njiti et al. (2002) e Kazi et al. (2008). Entretanto, Fronza et al. (2004), ao avaliar plantas F_2 , encontrou cinco marcadores microssatélites (Satt163, Satt309, Satt354, Satt371 e Satt570), como ligados a cinco QTLs da PVR, diferentes dos marcadores associados a PVR nesse estudo.

Já o caráter TO apresentou associação com dois locos, Satt307 e Satt080, pertencentes aos grupos de ligação C2 e N (Tabela 38). Shi et al. (2010) por meio de mapeamento associativo encontraram 13 locos SSR relacionados aos teores de óleo e proteína em 105 linhagens e cultivares de soja participantes de um programa de melhoramento para tamanho de semente. Entretanto, nenhum dos 65 locos SSR utilizados pelos autores foi avaliado no presente estudo.

A descoberta da associação desses marcadores com os caracteres TO e PVR é interessante para uso em programas de melhoramento de soja. Entretanto, para a utilização desses marcadores num futuro programa de melhoramento de seleção assistida é necessário confirmar a associação destes com a característica de interesse em outra população.

A Tabela 39 apresenta uma comparação entre a avaliação fenotípica (reação a PVR e teor de óleo) e a avaliação genotípica (análise dos locos SSR). Os dados foram apresentados na população RR por meio dos locos Satt277 e Satt038 (quanto à reação a PVR) e Satt307 e Satt080 (quanto ao teor de óleo).

Ao examinar as 31 progênies $F_{2:4}$ da população RR, verifica-se que 30 progênies apresentaram tolerância a PVR (96,7%) de acordo com a seleção fenotípica; já a seleção genotípica apresentou eficiência de 100% para o loco Satt277 e 90,8% para o loco Satt038 (28 progênies tolerantes); diante disso, observa-se que a seleção fenotípica foi tão eficiente quanto à seleção genotípica para o caráter reação a PVR. Assim, é preferível realizar a seleção genotípica ao invés da fenotípica devido a não subjetividade da seleção genotípica.

Para o caráter TO, das 31 progênies $F_{2:4}$ da população RR, 26 progênies (83,8%) apresentaram alto teor de óleo por meio da seleção fenotípica; entretanto, a seleção genotípica apresentou 58,1% (18 progênies com alto óleo) para o loco Satt307 e 41,9% (13 progênies) para o loco Satt080, indicando que a seleção fenotípica foi mais eficiente do que a seleção genotípica

para o caráter TO. Além disso, para a utilização desses locos num programa de melhoramento de seleção assistida é necessário confirmar a associação destes com o caráter TO em outra população.

Os alelos identificados pela análise genética estão apresentados na Tabela 40. Relacionando estes alelos com os resultados da avaliação fenotípica, por meio do teste de Scott e Knott (Tabela 34) observa-se: a) na população RR, para os dois locos (Satt277 e Satt038), os alelos presentes nas progênies apresentaram comportamento tolerante, de acordo com o teste de Scott e Knott ($p < 0,05$), os dados destacam o alelo 194 (loco Satt277) e os alelos 193 e 196 (loco Satt038) como marcadores de resistência a PVR; b) na população SS, todos os alelos de ambos os locos SSR apresentaram comportamento moderadamente tolerante e próximo ao limite do grupo suscetível formado pelo teste de Scott e Knott ($p < 0,05$), destacando-se os alelos 191 e 296 do loco Satt277 e os alelos 190, 193 e 196 do loco Satt038.

A Tabela 41 apresenta os valores médios de teor de óleo (TO) nas populações RR e SS, para os alelos dos locos SSR Satt307 e Satt080, previamente associados ao TO. Todos os alelos apresentaram alto teor de óleo (teste de Scott e Knott, Tabela 34) na população RR, com destaque para os alelos 190 e 202 (loco Satt307) e para os alelos 173 e 197 (loco Satt080). A população SS apresentou uma variação de baixo até alto teor de óleo para o loco Satt307, sendo mais freqüente o alelo 172 com valor médio de teor de óleo. No entanto, os valores de teor de óleo para o Satt080 variou de baixo até médio, sendo mais frequente o alelo 200 com valor médio de teor de óleo.

3. CONCLUSÕES

- 1) Os genitores, as plantas F_2 , as progênies $F_{2:3}$ e as progênies $F_{2:4}$ apresentaram variabilidade para todos os caracteres avaliados;
- 2) O genitor que apresentou a maior média geral de teor de óleo foi a cultivar A 7002; por outro lado, as menores médias foram verificadas em PI 520733 e IAC 100; os cruzamentos mais produtivos em óleo foram aqueles que envolveram o genitor A 7002, exceto quando este foi cruzado com IAC 100;
- 3) Os efeitos gênicos aditivos e de dominância foram importantes, entretanto, a variância aditiva foi comparativamente maior do que a não-aditiva, nos dois tipos de análises dialélicas (de Griffing e de Jinks e Hayman);
- 4) De acordo com as estimativas das análises dialélicas sugere-se as seguintes populações F_2 como as de maior potencial de ganho genético na seleção: PI 520733 (5) x USP 70109 (11) para precocidade no caráter NDM; M-Soy 8001 (7) quando em cruzamento com USP 70080 (12) e A 7002 (13) para VA; USP 70080 (12) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-07-05 (3) para PG; A 7002 (13) com USP 14-01-20 (2) e USP 14-13-16 (4) para TO; USP 70080 (12) com USP 14-01-38 (1) e USP 14-01-20 (2) para PO;
- 5) Dez cruzamentos [USP 70004 (10) com USP 14-10-38 (1), USP 14-01-20 (2), USP 14-13-16 (4) e M-Soy 8001 (7); USP 14-10-38 (1) com USP 70057 (9) e USP 70080 (12); M-Soy 8001 (7) com USP 70006 (8), USP 70080 (12) e USP 70123 (14); e USP 14-01-20 (2) x USP 70006 (8)] destacaram-se por originar a maioria de suas progênies com as melhores características em todos os caracteres avaliados, ou seja, apresentaram ciclo precoce ou semi-precoce, plantas eretas e com altura média, valor agrônômico bom ou médio, alta produtividade de grãos e de óleo, alto teor de óleo e tolerância a PVR;
- 6) nenhum cruzamento originou a maioria de suas progênies com as piores características em todos os caracteres avaliados. Porém, progênies oriundas do genitor PI 520733 (5) tendem a ser mais precoces e, conseqüentemente, crescem pouco e apresentam valores baixos de altura e de desempenho

agronômico para produtividade de grãos e de óleo; em contrapartida, apresentam tolerância a PVR;

- 7) Teor de óleo apresentou baixa correlação genética com altura da planta na maturidade, acamamento, valor agrônômico, produtividade de grãos e reação a PVR;
- 8) PVR apresentou baixa correlação genética com acamamento, produtividade de grãos, teor de óleo e produtividade de óleo; no entanto, foi possível obter plantas nas progênies com alta produtividade de grãos e de óleo e tolerantes a PVR;
- 9) Os locos SSR mostraram-se polimórficos e separaram os 93 indivíduos em três populações coincidentes com as populações previamente selecionadas; além disso, foram associados dois locos SSR ao caráter teor de óleo e outros dois locos ao caráter reação a PVR; portanto, não foi possível encontrar nenhum loco epistático controlando teor de óleo e reação a PVR.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, A. M. R.; FERREIRA, L. P.; YORINORI, J. T.; SILVA, J. F. V.; HENNING, A. A. Doenças da soja. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. (Eds.) **Manual de fitopatologia**. 3 ed. 2v. São Paulo : Ceres, 1997. v.2, p. 642 – 664.
- ASSMANN, I. C. **Diversidade genética e análise dialélica em trigo (*Triticum aestivum* L.)**. Viçosa, 1999. 114 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Viçosa. 1999.
- 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.
- BERNARDI, W. F. et al. Avaliação de progênies de soja em campo e em casa de vegetação para a resistência a PVR. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 4., 2007, São Lourenço. **Anais...** Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2007. 1 CD-ROM.
- BERNARDI, W. F. **Estratégia de seleção de genótipos de soja para a resistência à podridão vermelha das raízes**. Piracicaba, 2008. 125 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. 2008
- BRADBURY, P. J.; ZHANG, Z.; KROON, D. E.; CASSTEVEN, T. M.; RAMDOSS, Y.; BUCKLER, E. S. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. **Bioinformatics**, Oxford, v. 23, n. 19, p. 2633 – 2635, 2007.
- BRIEU, T. P.; PARENTE, V. Programa nacional de produção de biodiesel: um balanço da primeira fase até 2008. **Revista BiodieselBR**, Curitiba, v. 2, n. 12, p. 62 – 64, ago./set. 2009.
- CHARLSON, D. V.; CIANZIO, S. R.; SHOEMAKER, R. C. Associating SSR markers with soybean resistance to iron deficiency chlorosis. **Journal of Plant Nutrition**, New York, v. 26, n. 10 – 11, p. 2267 – 2276, 2003.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 1997. 390p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. Ed. Viçosa: UFV, 2004. v. 1, 480p.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: Biometria. Viçosa:UFV, 2006. 382p.

DAVID, L.S.; SCOTT, STEPHEN, C.R. An alternate universal forward primer for improved automated DNA sequencing of M13. **BioTechniques**, New York, v.15, p.580-582, 1993.

DIWAN, N.; CREGAN, P. B. Automated sizing of fluorescent-labeled simple sequence repeat (SSR) markers to assay genetic variation in soybean, **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 95, p.723-733, 1997.

DOYLE, J. J.; DOYLE, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, Munich, v.12, p.13-15, 1990.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. EMBRAPA. **Recomendações Técnicas para cultura da soja na região Central do Brasil 1999/2000**. Londrina: Embrapa Soja, 1999.. 226 p. (Documentos, 132).

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologia de produção de soja na região Central do Brasil 2001/02**. Londrina: Embrapa Soja, 2001. 267p.

EVANNO, G.; REGNAUT, S.; GOUDET, J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. **Molecular Ecology**, Chichester, v. 14, p. 2611 – 2620, 2005.

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, p. 812 – 820, 2001.

FARIAS NETO, A.L.; SOUZA, P.I.M., MOREIRA, C.T.; OLIVEIRA, A.B. Avaliação de genótipos de soja quanto a resistência à podridão vermelha da raiz (*Fusarium solani* f.sp. *glycines*) (compact disc). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, Goiânia, 2001. **Anais**. Goiânia: UFG/Embrapa Arroz e Feijão/AGENCIARURAL, 2001. /Area1-Resumo104/

FARIAS NETO, A. L.; HASHMI, R.; SHMIDT, M.; CARLSON, S. R.; HARTMAN, G. L.; LI, S.; NELSON, R. L.; DIERS, B. W. Mapping and confirmation of a new sudden death syndrome resistance QTL on linkage group D2 from the soybean genotypes PI 567374 and ‘Ripley’. **Molecular Breeding**, Heidelberg, v. 20, n. 1, p. 53 – 62, 2007.

FEDERER, W. T. Augment (or hoonuiaku) designs. **Hawaiiin Planter’s Record**, Aiea, v. 55, p. 191 – 208, 1956.

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

FERRARI, R. A.; OLIVEIRA, V. da. S.; SCABIO, A. Biodiesel de soja – taxa de conversão em ésteres etílicos, caracterização físico-química e consumo em gerador de energia. **Química Nova**, São Paulo, v. 28, n. 1, p. 19 – 23, 2005.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. Genética de associação em plantas. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. (Eds.). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006. p. 273 – 306.

FLINT-GARCIA, S. A.; THORNSBERRY, J. M.; BUCKLER, E. S. Structure of linkage disequilibrium in plants. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 54, p. 357 – 374, 2003.

FREIRE FILHO, F. R. **Análise genética de um dialelo entre genótipos precoces de soja *Glycine max* (L.) Merrill**. 1988. 224 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1988.

FREITAS, T. M. de. Q., MENEGHETTI, R. C.; BALARDIN, R. S. Dano devido à podridão vermelha da raiz na cultura da soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 4, p. 991 – 996, julho, 2004.

FRONZA, V. **Genética da reação de soja à *Fusarium solani* f. sp. *glycines***. 2003. 154 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2003.

FRONZA, V.; VELLO, N.A.; CAMARGO, L.E.A. Genetic analysis of soybean resistance to *Fusarium solani* f. sp. *glycines*. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.27, n. 3, p. 400 – 408, 2004.

GÁSPERI, A. C. **Variabilidade de isolados, reação de cultivares e danos causados por *Fusarium solani* f. sp. *glycines* em soja**. Passo Fundo, 2000. 91 p. Dissertação (Mestrado) – Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Passo Fundo, 2000.

GEBHARDT, C.; LI, L.; PAJEROWSKA-MUKTHAR, K.; ACHENBACH, U.; SATTARZADEH, A.; BORMANN, C.; ILARIONOVA, E.; BALLVORA, A. Candidate gene approach to identify genes underlying quantitative traits and develop diagnostic markers in potato. **Crop Science**, Madison, v. 47, p. 106-111, 2007.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, p. 419 – 430, 1988.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal Biology Science**, East Melborn, v. 9, p. 463 – 493, 1956.

HAMAWAKI, HAMAWAKI, O. T. ; VELLO, N. A. ; DIDONÉ, C. A. . Improvement in genetic characteristics and oil yield of selected soybean progenies from octuple crosses. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 23, n. 4, p. 855-864, 2000.

HAMAWAKI, O. T.; VELLO, N. A.; JULIATTI, F. C. . Genetic and agronomic traits in $F_{4:3[8]}$ and $F_{5:3[8]}$ progenies derived from parent soybean crosses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, n. 2, p. 265-274, 2002.

HARDY, O. J., VEKEMANS, X. SPAGeDi: a versatile computer program to analyse spatial genetic structure at the individual or population levels. **Molecular Ecology Notes**, Vancouver, v. 2 p. 618 - 620, 2002.

HARTMAN, G. L.; HUANG, Y. H.; NELSON, R. L.; NOEL, G. R. Germplasm evaluation of Glycine max for resistance to Fusarium solani, the casual organism of sudden death syndrome. **Plant Disease**, St. Paul, v.81, p.515 – 518, 1997.

HARTMAN, G. L.; GARDNER, M. E.; HYMOWITZ, T.; NAIDOO, G. C. Evaluation of perennial *Glycine* species for resistance to soybean fungal pathogens that cause sclerotinia stem rot and sudden death syndrome. **Crop Science**. Madison. v. 40, p. 545 – 549, 2000.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Pittsburgh, v.39, p.789 – 809, 1954.

HILL, W. G.; ROBERTSON, A. Linkage disequilibrium in finite populations. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 38, p. 226-231, 1968.

HORNER, T. W.; WEBER, C. R. Theoretical and experimental study of self-fertilized populations. **Biometrics**, Alexandria, v. 12, p. 404 – 414, 1956.

HUDCOVICOVÁ, M.; KRAIC, J. Utilisation of SSRs for characterization of the soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetics resources. **Czech Journal Genetics and Plant Breeding**, Slezská, v.39, p.120 – 126, 2003.

IQBAL, M. J.; MEKSEM, K.; NJITI, V. N.; KASSEM, M. A.; LIGHTFOOT, D. A. Microsatellite markers identify three additional quantitative trait loci for resistance to soybean sudden-death-syndrome (SDS) in Essex x Forrest RILs. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.102, p.187 – 192, 2001.

IQBAL, Z.; ARSHAD, M.; ASHAF, M.; NAEEM, R.; MALIK, M. F.; WAHEED, A. Genetic divergence and correlation studies of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill.] genotypes. **Pakistan Journal of Botany**, Karachi, v. 42, n. 2, p. 971 – 976, 2010.

JIN, J.; LIU, X.; WANG, G.; MI, L.; SHEN, Z.; CHEN, X.; HERBERT, S. J. Agronomic and physiological contributions to the yield improvement of soybean cultivars released from 1950 to 2006 in Northeast China. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 115, p. 116 – 123, 2010.

JUN, T.; VAN, K.; KIM, M. Y.; LEE, S.; WALKER, D. R. Association analysis using SSR markers to find QTL for seed protein content in soybean. **Euphytica**, Wageningen, v. 162, p. 179 – 191, 2008.

KAZI, S.; SHULTZ, J.; AFZAL, J.; JOHNSON, J.; NJITI, V. N.; LIGHTFOOT, D. A. Separate loci underlie resistance to root infection and leaf scorch during soybean sudden death syndrome. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 116, p. 967 – 977, 2008.

KLINGELFUSS, L. H.; YORINORI, J. T.; DESTRO, D.; ARIAS, C.A.A. Resposta de genótipos de soja à síndrome da morte súbita. In: REUNIAO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 23., 2001, Uberaba. **Resumos...** Londrina: Embrapa Soja, 2001. p. 113-114.

KLINGELFUSS, L.H., YORINORI, J.T., ARIAS, C.A.A. & DESTRO, D. Reaction of soybean cultivars to sudden death syndrome and disease scoring methods for screening resistance. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 2, p. 257 – 264. 2002.

KLINGELFUSS, L. H.; YORINORI, J. T.; DESTRO, D. Métodos de inoculação para quantificação de resistência em soja à *Fusarium solani* f. sp. *glycines*, em casa-de-vegetação. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 32, n. 1, p. 50 – 55, 2007.

LANDER, E. S.; SCHORK, N. J. Genetic dissection of complex traits. **Science**, New York, v. 265, p. 2037-2048, 1994.

LOPES, A. C. A. **Análise dialélica envolvendo genótipos parentais de soja resistentes ao nematóide de cisto**. 2001. 122 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

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

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

MALOSETTI, M.; van der LINDEN, C. G.; VOSMAN, B.; van EEUWIJK, F. A. A mixed-model approach to association mapping using pedigree information with an illustration of resistance to *Phytophthora infestans* in potato. **Genetics**, Pittsburgh, v. 175, p. 879-889, 2007.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Introdução à genética biométrica**. Tradução de F. A. M. DUARTE et al. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1984. 242 p.

MEDEIROS, R. S. G. de. **Metodologias de avaliação de resistência de genótipos de soja a podridão vermelha da raiz (PVR)**. 2003, 80 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2003.

MEKSEM, K.; DOUBLER, T.W.; CHANCHAROENCHAI, K.; NJITI, V.N.; CHANG, S.J.C.; RAO, A.P.; CREGAN, P.E.; GRAY, L.E.; GIBSON, P.T.; LIGHTFOOT, D.A. Clustering among loci underlying soybean resistance to *Fusarium solani*, SDS and NCS in near-isogenic lines. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.99, p.1131-1142, 1999.

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

MIRANDA, M. A. C. de.; et al. Efeito maternal e do genótipo sobre o teor de óleo e tamanho de sementes em sementes F1 de soja. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 3., 1984, Campinas. **Anais...** Londrina: EMBRAPA SOJA, 1984. p. 308-317.

MORGANTE, M.; SALAMINI, F. From plant genomics to breeding practice. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 14, p. 214-219, 2003.

MORRISON, M. J.; VOLDENG, H. D.; COBER, E. R. Agronomic Changes from 58 Years of Genetic Improvement of Short-Season Soybean Cultivars in Canada. **Agronomy Journal**, Madison, v. 92, p. 780 – 784, 2000.

MUELLER, D. S.; NELSON, R. L. ; HARTMAN, G. L. ; PEDERSON, W. L. Response of commercially developed soybean cultivars and the ancestral soybean lines to *Fusarium solani* f. sp. *glycines*. **Plant Disease**. St. Paul, v. 87, p. 827 – 831, 2003.

NARVEL, J. M.; FEHR, W. R.; CHU, W-C.; GRANT, D.; SHOEMAKER, R. C. Simple sequence repeat diversity among a soybean plant introductions and elite genotypes. **Crop Science**, Madison, v. 40, p. 1452 - 1458, 2000.

NJITI, V. N.; JOHNSON, J. E.; TORTO, T. A.; GRAY, L.E.; LIGHTFOOD, D. A. Inoculum rate influences selection for field resistance to soybean sudden death syndrome in the greenhouse. **Crop Science**. Madison. v. 41, p. 1726 – 1731, 2001.

NJITI, V.N.; MEKSEM, K.; IQBAL, M.J.; JOHNSON, J.E.; KASSEM, M.A.; ZOBRIST, K.F.; KILO, V.Y.; LIGHTFOOT, D.A. Common loci underlie field resistance to soybean sudden death syndrome in Forrest, Pyramid, Essex, and Douglas. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v.104, p.294 – 300, 2002.

OLIVEIRA, I. J.; LEOPOLDINO, B. M.; SPAGNOL, N. ; PRIOLLI, R. H. G.; VELLO, N. A. . Caracterização de genótipos de soja para podridão vermelha das raízes. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 56., 2010, Guarujá. **Anais...** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 2010. 1 CD-ROM.

PACOVA, B. E. V. **Análise genética de progênies segregantes de soja apropriada para o consumo humano**. Piracicaba, 1992. 217 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

PIMENTEL, A. M. **Cruzamentos dialélicos em soja com ênfase em teor de proteína e produção de grãos**. 1991. 150 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1991.

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

PORTO, S. I.; SILVA, A. C. P., BESTETTI, C. R. In: CONAB. **12º Levantamento de grãos Set/2010**. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/7e05515f8222082610088f5a2376c6af.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2010.

PHUL, P. S.; SHARMA, S. R. Screening of soybean germplasm for high-protein and high oil lines. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 20, p. 68 – 69, 1993.

PRABHU, R.R.; NJITI, V.N.; BELL-JOHNSON, B.; JOHNSON, J.E.; SCHMIDT, M.E.; KLEIN, J.H.; LIGHTFOOT, D.A. Selecting soybean cultivars for dual resistance to soybean cyst nematode and sudden death syndrome using two DNA markers. **Crop Science**, Madison, v.39, p.982-987, 1999.

PRIOLLI, R. H. G.; SOUSA, A. N. E.; MENDES-JUNIOR, C. T.; CONTEL, E. P.B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 2, p. 185-193, 2002.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. B. P. Diversidade genética de soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967 – 975, 2004.

PRITCHARD, J.K.; STEPHENS, M.; ROSENBERG, N.A.; DONNELLY, P. Association mapping in structured populations. **American Journal Human Genetics**, Baltimore , v. 67, p. 170 – 181, 2000.

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

RAYMOND, M. ; ROUSSET, F. GENEPOP (version 1.2): population genetics software for exact tests and ecumenicism. **Journal of Heredity**, Washington, v. 86, p. 248 – 249, 1995.

ROCHA, M. de. M., VELLO, N. A., LOPES, A. C. A., TREVISOLI, S. H. U., MAIA, M. C. C. Correlações entre parâmetros de adaptabilidade e estabilidade da produtividade de óleo em soja. **Ciência. Rural** , Santa Maria, v. 36, n. 3, p. 772 – 777, 2006 .

ROY, K.W. *Fusarium solani* on soybean roots: nomenclature of the causal agent of sudden death syndrome and identity and relevance of *F. solani* form B. **Plant Disease**, St. Paul, v. 8, p. 259 – 266. 1997.

RUPE, J.C., HIRREL, M.C.; HERSHMAM, D.E. Sudden death syndrome. In: HARTMAN, G.L. et al. **Compendium of soybean diseases**. 4.ed. St. Paul: Aps, 1999. p. 37-39.

SAS INSTITUTE. **SAS System: SAS/STAT version 8.0 (software)**. Cary, 1999.

SCHERM, H.; YANG, X.B. Development of sudden death syndrome of soybean in relation to soil temperature and soil water matric potential. **Phytopathology**, Lancaster, v. 86, p.642-649, 1996.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. Cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v. 30, p. 507 – 512, 1974.

SHARMA, S. K.; PHUL, P. S. Combining ability analysis in soybean. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, New Delhi, v. 54, n.3, p. 281 – 286, 1994.

SHI, A.; CHEN, P.; ZHANG, B.; HOU, A. Genetic diversity and association analysis of protein and oil content in food-grade soybeans from Asia and the United States. **Plant Breeding**, Berlin, v. 129, p. 250 – 256, 2010.

SHUXIAN, L.; LYGIN, A.; ZERNOVA, O.; LOZOVAYA, V.; HARTMAN, G. L.; WIDHOLM, J. M. Genotype response of soybean (*Glycine max*) whole plants and hairy roots to *Fusarium solani* f. sp. *glycines* infection. **Soybean Science**, Beijing, v. 27, n. 2, p. 277 – 282, 2008.

SILVA, L. A. S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. 2008. 170 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SOLDINI, D. O. **Potencial genético de cruzamentos dialélicos parciais de soja com ênfase nas produtividades de grãos e óleo.** 1998. 80 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1998.

STEPHENS, P.A.; NICKELL, C.D.; KOLB, F.L. Genetic analysis of resistance to *Fusarium solani* in soybean. **Crop Science**, Madison, v.33, p.929 – 930, 1993.

SUDARIC, A.; VRTARIC, M.; SUDAR, R.; DUVNJAK, T.; JURKOVIC, G. Breeding soybean for improved oil quantity and quality. In: CENTRAL EUROPEAN CONGRESS OF FOOD, 4., 2008, Cavta. **Proceedings...** Cavta: Cavta 2008. p. 149 – 154.

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

TAJUDDIN, T. et. al. Análisis of quantitative trait loci for protein and lipids contents in soybean seeds using recombinant inbred lines. **Breeding Science**. Shizuoka, v. 53, p. 133 – 140, 2003.

TAWARE, S. P.; HALVANKAR, G. B.; RAUT, V. M.; PATIL, V. P. Variability, correlation and path analysis in soybean hybrids. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 24, p. 96 – 98, 1997.

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, Set. 2000.

TRIWITAYAKORN, K.T.; JAMAI, A.; SCHULZ, J.; IQBAL, J.; MEKSEM, K., TOWN, C.; LIGHTFOOT, D.A. Genomic approaches to molecular breeding of resistance to soybean sudden death syndrome and cyst nematode in elite cultivars. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 2., Foz do Iguaçu, 2002. **Anais**. Londrina: Embrapa Soja, 2002. p.70-71.

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

VELLO, N. A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento da soja na ESALQ/USP. In: SIMPÓSIO SOBRE A CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1991, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba: FEALQ, 1992. p. 60 – 81.

VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D.; CARDOSO, A. A. Theory and analysis of partial diallel crosses. **Genetics and Molecular Biology**. Ribeirão Preto, v. 22, n. 4, p. 591 – 599, 1999.

VIEIRA, P. F. M. J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. Piracicaba, 2009. 85 p. Tese (Doutorado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. 2009.

WANG, J.; McCLEAN, P. E.; LEE, R.; GOOS, R. J.; HELMS, T. Association mapping of iron deficiency chlorosis loci in soybean (*Glycine max* L. Merr.) advanced breeding lines. **Theoretical and Applied Genetics**, New York, v. 116, p. 777 – 787, 2008.

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

WITTE, R. S.; WITTE, J. S. **Estatística**. Tradução de T. C. P. Souza. 7 ed. Rio de Janeiro: LTC, 2005. 486 p.

WRUCK, D. S. M.; FRONZA, V.; SÁ, M. E. L.; ZITO, R. K.; PAES, J. M. V. Resistência de genótipos de soja à podridão vermelha das raízes (*Fusarium solani* f.sp. *glycines*) em áreas com e sem nematóide de cisto (*Heterodera glycines*). In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 4., 2006, Londrina. **Resumos...** Londrina: EMBRAPA SOJA, 2006. p.99 – 100.

YAMANAKA, N.; FUENTES, F. H.; GILLI, J. R.; WATANABE, S.; HARADA, K.; BAN, T.; ABDELNOOR, R. V.; NEPOMUCENO, A. L.; HOMMA, Y. Identification of quantitative trait loci for resistance against soybean sudden death syndrome caused by *Fusarium tucumaniae*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 9, 1385 – 1391, 2006.

YOKOMIZO, G. K.; VELLO, N. A. Coeficiente de determinação genotípica e de diversidade genética em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2223 – 2228, 2000.

YORINORI, J. T. Evolução da ocorrência e da severidade da podridão vermelha da raiz da soja (PVR/SDS) e reação das cultivares comerciais à doença. In: REUNIAO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 22., 2000, Cuiabá. **Anais...** Londrina: EMBRAPA SOJA, 2000. p. 94.

YORINORI, J. T. Situação atual das doenças potenciais no Cone Sul. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 2., 2002, Foz do Iguaçu. **Anais...** Londrina: EMBRAPA SOJA, 2002. p.171 – 186.

ZIMBACK, L. **Cruzamentos em cadeia entre genótipos adaptados e exóticos de soja com ênfase na produção de óleo**. 1992. 178 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1992.

ANEXOS

ANEXO A – Tabelas

Tabela 1 – Genitores utilizados no dialelo parcial entre sete genótipos com tolerância a PVR e sete genótipos com alta produtividade de óleo

Grupo 1: Genitores tolerantes a PVR	Genealogias	Grupo 2: Genitores produtivos em óleo	Genealogias
1- USP 14-10-38 ^a	Conquista x FT-Estrela	8- USP 70006 ^a	Foster x FT 79-3408
2- USP 14-01-20 ^a	FT-Cristalina x IAC-4	9- USP 70057 ^a	Kirby x FT-2
3- USP 14-07-05 ^a	IAC-4 x FT-Estrela	10- USP 70004 ^a	(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscari 31 x Forrest)
4- USP 14-13-16 ^a	FT-Estrela x Forrest	11- USP 70109 ^a	(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig
5- PI 520733 ^b		12- USP 70080 ^a	(Coker x Primavera) x (Viçosa x IAC-10)
6- IAC 100	IAC 78-2318 x IAC 12	13- A 7002	Suprema x F92-1473
7- M-Soy 8001	Empaer 10 x Coker 6738	14- USP 70123 ^a	(Paranagoiana x Jackson 4028) x (Primavera x Forrest)

^a Linhagens experimentais desenvolvidas pelo Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas, Departamento de Genética, ESALQ, USP.

^b Material exótico descrito no Banco de Germoplasma norte-americano (GRIN) como moderadamente resistente a PVR.

Tabela 2 – Número identificador do cruzamento (NIC) e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre sete genótipos com tolerância a PVR e sete genótipos com alta produtividade de óleo

(continua)

NIC	Genitores Envolvidos		Genealogia Detalhada
1	01 x 08	(14-10-38 x USP 70006)	(Conquista x FT-Estrela) X (Foster x FT 79-3408)
2	01 x 09	(14-10-38 x USP 70057)	(Conquista x FT-Estrela) X (Kirby x FT-2)
3	01 x 10	(14-10-38 x USP 70004)	(Conquista x FT-Estrela) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
4	01 x 11	(14-10-38 x USP 70109)	(Conquista x FT-Estrela) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
5	01 x 12	(14-10-38 x USP 70080)	(Conquista x FT-Estrela) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
6	01 x 13	(14-10-38 x A 7002)	(Conquista x FT-Estrela) X (Suprema x F92-1473)
7	01 x 14	(14-10-38 x USP 70123)	(Conquista x FT-Estrela)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
8	02 x 08	(14-01-20 x USP 70006)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Foster x FT 79-3408)
9	02 x 09	(14-01-20 x USP 70057)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Kirby x FT-2)
10	02 x 10	(14-01-20 x USP 70004)	(FT-Cristalina x IAC-4)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
11	02 x 11	(14-01-20 x USP 70109)	(FT-Cristalina x IAC-4) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
12	02 x 12	(14-01-20 x USP 70080)	(FT-Cristalina x IAC-4) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
13	02 x 13	(14-01-20 x A 7002)	(FT-Cristalina x IAC-4) X (Suprema x F92-1473)
14	02 x 14	(14-01-20 x USP 70123)	(FT-Cristalina x IAC-4)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
15	03 x 08	(14-07-05 x USP 70006)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Foster x FT 79-3408)
16	03 x 09	(14-07-05 x USP 70057)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Kirby x FT-2)
17	03 x 10	(14-07-05 x USP 70004)	(IAC-4 x FT-Estrela)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
18	03 x 11	(14-07-05 x USP 70109)	(IAC-4 x FT-Estrela) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
19	03 x 12	(14-07-05 x USP 70080)	(IAC-4 x FT-Estrela) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
20	03 x 13	(14-07-05 x A 7002)	(IAC-4 x FT-Estrela) X (Suprema x F92-1473)
21	03 x 14	(14-07-05 x USP 70123)	(IAC-4 x FT-Estrela)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

Tabela 2 – Número identificador do cruzamento (NIC) e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre sete genótipos com tolerância a PVR e sete genótipos com alta produtividade de óleo

(continua)

NIC	Genitores Envolvidos	Genealogia Detalhada
22	04 x 08 (14-13-16 x USP 70006)	(FT-Estrela x Forrest) X (Foster x FT 79-3408)
23	04 x 09 (14-13-16 x USP 70057)	(FT-Estrela x Forrest) X (Kirby x FT-2)
24	04 x 10 (14-13-16 x USP 70004)	(FT-Estrela x Forrest) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
25	04 x 11 (14-13-16 x USP 70109)	(FT-Estrela x Forrest) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
26	04 x 12 (14-13-16 x USP 70080)	(FT-Estrela x Forrest) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
27	04 x 13 (14-13-16 x A 7002)	(FT-Estrela x Forrest) X (Suprema x F92-1473)
28	04 x 14 (14-13-16 x USP 70123)	(FT-Estrela x Forrest)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]
29	05 x 08 (PI 520733 x USP 70006)	(PI 520733*) X (Foster x FT 79-3408)
30	05 x 09 (PI 520733 x USP 70057)	(PI 520733) X (Kirby x FT-2)
31	05 x 10 (PI 520733 x USP 70004)	(PI 520733) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
32	05 x 11 (PI 520733 x USP 70109)	(PI 520733) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
33	05 x 12 (PI 520733 x USP 70080)	(PI 520733) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
34	05 x 13 (PI 520733 x A 7002)	(PI 520733) X (Suprema x F92-1473)
35	05 x 14 (PI 520733 x USP 70123)	(PI 520733) X [(Paranagoiana x Jackson 4028) x (Primavera x Forrest)]
36	06 x 08 (IAC 100 x USP 70006)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Foster x FT 79-3408)
37	06 x 09 (IAC 100 x USP 70057)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Kirby x FT-2)
38	06 x 10 (IAC 100 x USP 70004)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(Soc 81-76 x Foster) x (IAC Foscarin 31 x Forrest)]
39	06 x 11 (IAC 100 x USP 70109)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
40	06 x 12 (IAC 100 x USP 70080)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
41	06 x 13 (IAC 100 x A 7002)	(IAC 78-2318 x IAC-12) X (Suprema x F92-1473)
42	06 x 14 (IAC 100 x USP 70123)	(IAC 78-2318 x IAC-12)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

Tabela 2 – Número identificador do cruzamento (NIC) e genealogia detalhada dos cruzamentos oriundos do dialelo parcial entre sete genótipos com tolerância a PVR e sete genótipos com alta produtividade de óleo

(conclusão)

NIC	Genitores Envolvidos	Genealogia Detalhada
43	07 x 08 (M-Soy 8001 x USP 70006)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Foster x FT 79-3408)
44	07 x 09 (M-Soy 8001 x USP 70057)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Kirby x FT-2)
45	07 x 10 (M-Soy 8001 x USP 70004)	(Empaer 10 x Coker 6738)X[(Soc 81-76 x Foster)x(IAC Foscarin 31 x Forrest)]
46	07 x 11 (M-Soy 8001 x USP 70109)	(Empaer 10 x Coker 6738) X [(IAC-6 x UFV-4) x Hartwig]
47	07 x 12 (M-Soy 8001 x USP 70080)	(Empaer 10 x Coker 6738) X [(Coker x Primavera) x (Viçoja x IAC-10)]
48	07 x 13 (M-Soy 8001 x A 7002)	(Empaer 10 x Coker 6738) X (Suprema x F92-1473)
49	07 x 14 (M-Soy 8001 x USP 70123)	(Empaer 10xCoker 6738)X[(Paranagoiana x Jackson 4028)x(Primavera x Forrest)]

* PI 520733: Material exótico descrito no Banco de Germoplasma norte-americano (GRIN) como moderadamente resistente a PVR.

Tabela 3 – Análise de variância para verificar o efeito de conjuntos dentro de repetições do experimento da geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM	VA ^t	PG	TO	PO
		(dias)	(notas)	(g.planta ⁻¹)	(%)	(g.planta ⁻¹)
Testemunhas	2	9,50**	0,0071	640,90	2,300**	15,67
Repetições	5	4,39*	0,0063	1769,08**	0,420	6,19
Conjuntos	2	8,39**	0,0035	755,06*	0,023	10,11
Test. X Conjuntos	4	1,31	0,0037	142,18	0,054	4,88
Resíduo	40	1,40	0,0032	221,89	0,120	11,71
Média		145	2,17	129,6	21,73	26,36
CV (%)		0,8	2,6	11,5	1,6	12,9

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 4 – Comparação das médias das testemunhas da geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

Testemunhas	NDM	VA	PG	TO	PO
	(dias)	(notas)	(g.planta ⁻¹)	(%)	(g.planta ⁻¹)
Conquista	145 a	2,72 a	123,6 a	21,28 b	25,03 a
FMT - Tucunaré	145 a	2,86 a	135,6 a	21,64 b	27,67 a
UFVS 2002	146 b	2,79 a	129,5 a	22,28 a	26,39 a

Em cada coluna, médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Tabela 5 – Análise de variância das plantas F₂ (cruzamentos) e genitores, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM	VA ^t	PG	TO	PO
		(dias)	(notas)	(g.planta ⁻¹)	(%)	(g.planta ⁻¹)
Repetições	5	63,03**	0,018**	4974,27**	1,888**	128,06**
Tratamentos	62	306,62**	0,115**	4157,40**	3,211**	92,56**
Cruzamentos (C)	48	265,07**	0,083**	3702,87**	2,054**	82,13**
Genitores (G)	13	482,19**	0,236**	5888,96**	7,710**	136,25**
C vs G	1	18,21	0,067**	3464,86**	0,267	25,43
Resíduo	309	6,61	0,006	202,64	0,327	10,24
Dentro de Cruzamentos	2895	75,79	0,072	2154,41**	1,77	93,57**
Dentro de Genitores	809	83,55	0,075	2024,78	3,000	87,39
Média dos genitores		134	1,90	107,9	21,17	21,77
Média dos cruzamentos		135	1,93	115,0	21,08	22,64
Média geral		135	1,91	113,4	21,10	22,46
CV (%)		1,9	4,1	12,5	2,7	14,2

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 6 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

(continua)

FV	GL	Quadrado Médio				
		NDM	VA	PG	TO	PO
Dentro de Cruzamentos¹	2895	75,80	0,072	2154,41	1,77	93,57
Dentro Cruzamento 1 x 8	60	23,28**	0,045	305,02	0,52	71,02
Dentro Cruzamento 1 x 9	61	33,96**	0,055**	1452,23**	0,84	57,06
Dentro Cruzamento 1 x 10	57	38,02	0,062	1507,27	2,58**	78,22*
Dentro Cruzamento 1 x 11	54	36,05*	0,050	1657,45**	0,68**	68,98
Dentro Cruzamento 1 x 12	63	25,73**	0,040	1601,92	0,29	69,28
Dentro Cruzamento 1 x 13	58	17,29	0,067	1697,75	1,95	77,55
Dentro Cruzamento 1 x 14	59	24,51**	0,061*	1645,11**	1,19**	60,56
Dentro Cruzamento 2 x 8	62	18,91	0,053	1822,19**	1,21*	56,54
Dentro Cruzamento 2 x 9	58	36,22**	0,047*	1315,92	0,75	65,48
Dentro Cruzamento 2 x 10	58	33,93**	0,061	1753,15	0,77	80,60
Dentro Cruzamento 2 x 11	60	30,82	0,061	1876,21	0,68	104,25*
Dentro Cruzamento 2 x 12	64	15,05	0,045	1481,21	0,62	67,22
Dentro Cruzamento 2 x 13	58	26,71**	0,078**	2007,95	1,50*	126,35*
Dentro Cruzamento 2 x 14	56	24,67**	0,056	1994,40	1,11	93,85
Dentro Cruzamento 3 x 8	60	24,15**	0,049	2034,77**	0,74	92,12*
Dentro Cruzamento 3 x 9	62	23,57**	0,054**	1625,26*	0,46	82,33**
Dentro Cruzamento 3 x 10	59	75,31**	0,070*	1873,20*	1,56**	44,83
Dentro Cruzamento 3 x 11	59	36,39*	0,069*	1647,97	1,59**	97,51**
Dentro Cruzamento 3 x 12	60	15,51**	0,054	1729,50	1,11**	84,39*
Dentro Cruzamento 3 x 13	63	24,43**	0,053	1496,07	0,91	77,78
Dentro Cruzamento 3 x 14	59	11,65	0,062*	1642,68	1,57**	64,05
Dentro Cruzamento 4 x 8	61	49,92**	0,061	2051,39**	0,83	92,97*
Dentro Cruzamento 4 x 9	61	36,58**	0,047	1683,94*	0,48	57,87
Dentro Cruzamento 4 x 10	64	35,16**	0,055	1607,51	0,83	44,01
Dentro Cruzamento 4 x 11	57	45,48**	0,088**	1859,96*	0,83**	47,44
Dentro Cruzamento 4 x 12	63	47**	0,053	1443,36	0,34	51,08
Dentro Cruzamento 4 x 13	61	17,84**	0,043	849,28	0,55	64,29
Dentro Cruzamento 4 x 14	62	34,62**	0,076*	2203,19*	0,96**	106,73*
Dentro Cruzamento 5 x 8	53	42,58**	0,030	786,65**	1,38	34,78
Dentro Cruzamento 5 x 9	59	80,72**	0,031**	711,60**	1,39	14,06*
Dentro Cruzamento 5 x 10	56	44,12**	0,046	1211,75**	3,15**	86,53**
Dentro Cruzamento 5 x 11	57	57,18**	0,078**	1377,85**	2,66**	65,21**

Tabela 6 – Desdobramento da análise de variância dentro de cruzamentos e dentro de genitores na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009
(conclusão)

FV	GL	Quadrado Médio				
		NDM	VA	PG	TO	PO
Dentro Cruzamento 5 x 12	61	38,41**	0,074**	1836,05**	0,81	59,58**
Dentro Cruzamento 5 x 13	58	52,64**	0,112**	1887,94**	1,23	88,97**
Dentro Cruzamento 5 x 14	42	51,63**	0,071**	1602,97**	2,65**	57,62*
Dentro Cruzamento 6 x 8	60	27,61**	0,056	1329,61*	1,71	48,12
Dentro Cruzamento 6 x 9	60	46,58**	0,059**	1885,83*	1,39	74,96**
Dentro Cruzamento 6 x 10	58	31,21**	0,049	1559,35	1,42	57,97*
Dentro Cruzamento 6 x 11	58	28,71	0,068*	1450,10	1,02	65,58*
Dentro Cruzamento 6 x 12	61	20,57**	0,077*	1461,67	1,77*	53,49
Dentro Cruzamento 6 x 13	58	31,13**	0,053	1531,55	1,39	65,86
Dentro Cruzamento 6 x 14	61	38,28**	0,074*	1389,38	1,54	68,49
Dentro Cruzamento 7 x 8	59	43,6**	0,066	1743,32**	0,59	57,36
Dentro Cruzamento 7 x 9	59	43,01**	0,061*	1074,67	0,65	37,86
Dentro Cruzamento 7 x 10	59	29,04**	0,035	1044,88	0,29	64,92
Dentro Cruzamento 7 x 11	58	43,16*	0,062	1300,13	0,81**	75,39
Dentro Cruzamento 7 x 12	61	36,42**	0,058	1853,50	1,42**	84,93
Dentro Cruzamento 7 x 13	63	09,94	0,047	1516,68	1,33**	73,04
Dentro Cruzamento 7 x 14	57	16,56**	0,075	1598,81	1,10	87,45
Dentro de Genitores	809	83,55	0,075	2024,78	3,00	87,39
1 - USP 14-10-38	60	09,90	0,036	185,33	0,33	57,65
2 - USP 14-01-20	57	15,86	0,043	1529,91	0,79	75,02
3 - USP 14-07-05	58	09,01	0,031	1314,30	0,48	45,71
4 - USP 14-13-16	65	05,00	0,045	1375,4	0,54	61,54
5 - PI 520733	57	13,25	0,000	55,06	1,70	0,21
6 - IAC 100	58	06,61	0,040	1454,36	1,65	32,53
7 - M-Soy 8001	57	16,90	0,055	1274,89	0,39	67,96
8 - USP 70006	62	10,99	0,041	259,74	0,72	59,46
9 - USP 70057	59	15,22	0,019	664,10	1,05	17,33
10 - USP 70004	55	09,24	0,060	999,18	0,73	34,52
11 - USP 70109	51	31,08	0,048	989,13	0,17	49,76
12 - USP 70080	57	06,67	0,055	1365,00	0,62	53,37
13 - A 7002	57	06,34	0,042	1151,28	0,85	71,24
14 - USP 70123	59	07,44	0,043	1211,09	0,47	65,93

* e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

¹Para identificar os cruzamentos, consultar as Tabelas 1 e 2.

Tabela 7 – Estimativa de herdabilidade no sentido amplo na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

(continua)

Cruzamentos ¹	Herdabilidade				
	NDM	VA	PG	TO	PO
1 x 8	0,551	0,144	0,270	-0,009	0,371
1 x 9	0,630	0,505	0,389	0,182	0,472
1 x 10	0,748	0,220	0,300	0,795	0,192
1 x 11	0,432	0,127	0,366	0,632	0,313
1 x 12	0,678	-0,033	0,227	-0,017	0,195
1 x 13	0,530	0,418	0,333	0,717	0,070
1 x 14	0,646	0,348	0,294	0,667	0,160
2 x 8	0,290	0,211	0,153	0,377	-0,01
2 x 9	0,571	0,348	0,166	-0,02	0,183
2 x 10	0,630	0,157	0,279	0,06	0,164
2 x 11	0,238	0,233	0,329	0,298	0,275
2 x 12	0,252	-0,091	0,023	-0,028	0,384
2 x 13	0,584	0,460	0,332	0,457	-0,088
2 x 14	0,514	0,263	0,313	0,436	0,442
3 x 8	0,586	0,257	0,294	0,193	0,440
3 x 9	0,486	0,536	0,391	-0,047	0,658
3 x 10	0,879	0,349	0,382	0,623	0,513
3 x 11	0,449	0,407	0,301	0,801	-0,035
3 x 12	0,495	0,213	0,225	0,504	0,481
3 x 13	0,686	0,315	0,176	0,307	0,307
3 x 14	0,294	0,399	0,231	0,698	0,239
4 x 8	0,84	0,292	0,285	0,245	0,055
4 x 9	0,727	0,324	0,394	-0,039	0,576
4 x 10	0,798	0,047	0,261	0,239	0,170
4 x 11	0,597	0,465	0,364	0,568	-0,064
4 x 12	0,876	0,067	0,051	-0,02	-0,011
4 x 13	0,678	-0,009	-0,098	-0,061	-0,066
4 x 14	0,820	0,420	0,413	0,496	0,009
5 x 8	0,706	0,291	-0,026	0,151	0,707
5 x 9	0,824	0,696	0,495	0,012	0,745
5 x 10	0,745	0,346	0,565	0,618	-0,035
5 x 11	0,612	0,676	0,621	0,651	0,720
5 x 12	0,741	0,632	0,613	-0,443	0,602

Tabela 7 – Herdabilidade no sentido amplo na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

(conclusão)

Cruzamentos¹	Herdabilidade				
	NDM	VA	PG	TO	PO
5 x 13	0,814	0,814	0,681	-0,039	0,400
5 x 14	0,800	0,696	0,605	0,604	0,628
6 x 8	0,681	0,277	-0,033	0,307	0,218
6 x 9	0,766	0,503	0,435	0,026	0,482
6 x 10	0,746	-0,025	0,213	0,159	0,553
6 x 11	0,343	0,332	0,157	0,101	0,145
6 x 12	0,677	0,382	0,036	0,357	0,345
6 x 13	0,792	0,227	0,149	0,103	0,030
6 x 14	0,816	0,437	0,041	0,312	0,253
7 x 8	0,680	0,272	0,187	0,062	0,070
7 x 9	0,627	0,400	0,098	-0,102	0,257
7 x 10	0,550	-0,650	-0,088	-0,955	0,020
7 x 11	0,444	0,152	0,129	0,647	0,093
7 x 12	0,676	0,064	0,288	0,641	0,010
7 x 13	-0,069	-0,022	0,200	0,532	0,180
7 x 14	0,265	0,350	0,223	0,608	0,083

¹Para identificar os cruzamentos, consultar as Tabelas 1 e 2.

Tabela 8 – Comparação de médias na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

(continua)

Cruzamentos¹	NDM (dias)	VA (notas)	PG (g.planta⁻¹)	TO (%)	PO (g.planta⁻¹)
1 x 8	140 b	2,07 c	114 c	20,70 c	19,70 c
1 x 9	133 d	1,69 e	115 c	21,75 b	21,97 b
1 x 10	136 c	2,04 c	121 b	21,19 c	24,38 b
1 x 11	135 c	1,96 d	130 b	21,17 c	24,56 b
1 x 12	136 c	2,28 b	151 a	21,35 c	31,87 a
1 x 13	142 a	2,40 b	133 b	22,02 b	26,33 b
1 x 14	139 b	2,16 c	126 b	20,94 c	22,99 b
2 x 8	141 a	1,85 d	131 b	21,52 c	23,53 b
2 x 9	135 c	1,56 e	110 c	21,49 c	21,75 b
2 x 10	135 c	2,10 c	123 b	21,45 c	23,96 b
2 x 11	133 d	2,16 c	142 a	21,53 c	29,66 a
2 x 12	136 c	2,28 b	162 a	21,64 c	33,21 a
2 x 13	140 b	2,28 b	142 a	22,20 b	28,55 a
2 x 14	140 b	2,16 c	134 b	21,15 c	26,05 b
3 x 8	140 b	1,90 d	128 b	20,53 c	23,76 b
3 x 9	136 c	1,44 f	104 c	21,67 c	20,01 c
3 x 10	136 c	1,88 d	115 c	21,41 c	18,96 c
3 x 11	136 c	1,96 d	137 b	21,54 c	25,27 b
3 x 12	137 c	2,22 c	146 a	22,17 b	29,54 a
3 x 13	141 a	2,19 c	122 b	22,42 b	24,20 b
3 x 14	142 a	2,13 c	141 a	21,55 c	27,12 a
4 x 8	140 b	1,82 e	123 b	21,21 c	24,70 b
4 x 9	137 c	1,44 f	103 c	21,09 c	18,35 c
4 x 10	137 c	1,74 e	108 c	21,20 c	20,96 c
4 x 11	132 d	1,77 e	109 c	21,33 c	19,19 c
4 x 12	134 d	2,10 c	125 b	21,46 c	25,85 b
4 x 13	142 a	2,37 b	136 b	22,24 b	30,36 a
4 x 14	140 b	2,07 c	130 b	21,37 c	26,50 b
5 x 8	122 e	1,19 g	55 e	19,58 d	11,24 d
5 x 9	119 f	1,21 g	47 e	20,83 c	8,19 d
5 x 10	119 f	1,37 f	55 e	20,45 c	14,00 d
5 x 11	121 e	1,93 d	73 d	21,10 c	15,56 c
5 x 12	119 f	1,77 e	87 d	20,45 c	17,03 c
5 x 13	123 e	1,96 d	91 d	21,99 b	20,54 c

Tabela 8 – Comparação de médias na geração F₂, em covas, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

(conclusão)

Cruzamentos¹	NDM (dias)	VA (notas)	PG (g.planta⁻¹)	TO (%)	PO (g.planta⁻¹)
5 x 14	118 f	1,46 f	59 e	19,29 d	12,05 d
6 x 8	139 b	2,10 c	107 c	19,04 d	19,88 c
6 x 9	133 d	1,74 e	96 c	19,62 d	17,24 c
6 x 10	133 d	1,99 d	96 c	19,58 d	18,31 c
6 x 11	134 d	2,04 c	103 c	20,05 d	18,83 c
6 x 12	133 d	2,16 c	119 c	19,45 d	23,44 b
6 x 13	139 b	2,34 b	128 b	20,75 c	25,57 b
6 x 14	137 c	2,13 c	108 c	19,77 d	21,03 c
7 x 8	136 c	1,99 d	122 b	21,19 c	23,23 b
7 x 9	139 b	1,69 e	103 c	20,74 c	20,74 c
7 x 10	136 c	2,19 c	124 b	21,48 c	27,53 a
7 x 11	135 c	1,80 e	113 c	21,23 c	22,52 b
7 x 12	135 c	2,34 b	135 b	21,31 c	27,38 a
7 x 13	143 a	2,59 a	133 b	22,33 b	27,24 a
7 x 14	137 c	2,28 d	121 b	21,16 c	24,74 b
Genitores					
1 - USP 14-10-38	138 b	2,16 c	108 c	20,78 c	21,60 b
2 - USP 14-01-20	142 a	2,43 b	142 a	21,53 c	28,51 a
3 - USP 14-07-05	143 a	2,34 b	117 c	21,31 c	23,66 b
4 - USP 14-13-16	139 b	2,02 d	111 c	20,93 c	21,80 b
5 - PI 520733	110 g	1,00 g	16 f	17,66 e	2,62 e
6 - IAC 100	134 d	2,56 a	115 c	17,99 e	17,81 c
7 - M-Soy 8001	138 b	2,59 a	125 b	21,29 c	25,15 b
8 - USP 70006	138 b	1,90 d	109 c	21,76 b	21,01 c
9 - USP 70057	130 d	1,10 g	86 d	21,81 b	16,95 c
10 - USP 70004	123 e	1,72 e	101 c	22,34 b	20,94 c
11 - USP 70109	130 d	1,90 d	100 c	22,09 b	21,93 b
12 - USP 70080	134 d	2,76 a	151 a	21,52 c	31,31 a
13 - A 7002	145 a	2,46 b	104 c	23,90 a	25,68 b
14 - USP 70123	136 c	2,16 c	125 b	21,42 c	25,86 b

Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente entre si pelo Teste de Scott e Knott a 5% de probabilidade.

¹Para identificar os cruzamentos, consultar as Tabelas 1 e 2.

Tabela 9 – Análise de variância do dialelo parcial dos genitores dos grupos 1 e 2 e de suas combinações híbridas para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO) pelo método de Griffing (1956) adaptado a um dialelo parcial. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

FV	GL	Quadrados médios				
		NDM	VA	PG	TO	PO
		(dias)	(notas)	(g/planta)	(%)	(g/planta)
Tratamentos	62	308,79**	0,114**	4213,49**	3,21**	92,64**
Grupos (G1 vs G2)	1	27,43**	0,059**	756,00**	38,19**	108,77**
CGC - Grupo 1	6	2512,31**	0,476**	31119,17**	17,23**	576,77**
CGC - Grupo 2	6	487,97**	0,565**	7779,90**	6,15**	245,05**
CEC	49	22,78**	0,016**	552,78**	0,42**	14,37**
Resíduo	309	1,10	0,001	33,77	0,0545	1,71

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

Tabela 10 – Estimativa dos efeitos da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (adaptado por Geraldi e Miranda Filho, 1988), na geração F₂, em covas, para número de dias para maturidade. Dialelo parcial 7 x 7. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

$G_1 \backslash G_2$	USP 70006	USP 70057	USP 70004	USP 70109	USP 70080	A 7002	USP 70123	s_{ij}	Efeito CGC (gi_1)
Efeito CEC (s_{ij})									
USP 14-10-38	1,03	-2,15	2,12	0,39	0,3	0,67	0,85	-1,61	2,21
USP 14-01-20	1,39	-0,79	0,48	-2,24	-0,33	-1,97	1,21	1,12	2,84
USP 14-07-05	-0,52	-0,7	0,58	-0,15	-0,24	-1,88	2,3	0,3	3,75
USP 14-13-16	0,76	2,58	2,85	-2,88	-1,97	0,39	1,58	-1,15	2,48
PI 520733	-0,97	-0,15	1,12	2,39	-0,7	-2,33	-4,15	2,39	-13,79
IAC 100	1,94	-0,24	1,03	1,3	-0,79	-0,42	0,76	-1,79	0,3
M-Soy 8001	-2,97	3,85	2,12	0,39	-0,7	1,67	-1,15	-1,61	2,21
s_{ii}	-0,33	-0,7	-5,15	0,39	2,12	1,94	-0,7		
Efeito CGC (gi_2)	2,14	-1,68	-2,95	-2,22	-1,13	4,51	1,32		
D.P (s_{ii}) =	0,36								
D.P (s_{jj}) =	0,36								
D.P (s_{ij}) =	0,42								
D.P (gi_1) =	0,12								
D.P (gi_2) =	0,12								

D.P = Desvio Padrão

Tabela 11 – Estimativa dos efeitos da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (adaptado por Geraldi e Miranda Filho, 1988), na geração F₂, em covas, para valor agronômico. Dialelo parcial 7 x 7. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

G ₁ \ G ₂	USP 70006	USP 70057	USP 70004	USP 70109	USP 70080	A 7002	USP 70123	s _{ij}	Efeito CGC (gi ₁)
Efeito CEC (s _{ij})									
USP 14-10-38	0,036	0,029	0,025	-0,03	-0,003	-0,009	0,0001	-0,024	0,032
USP 14-01-20	-0,053	-0,03	0,036	0,031	-0,012	-0,058	-0,009	0,048	0,041
USP 14-07-05	-0,006	-0,053	-0,017	-0,012	-0,005	-0,061	0,008	0,072	0,013
USP 14-13-16	-0,003	-0,019	-0,034	-0,048	-0,011	0,033	0,022	0,03	-0,02
PI 520733	-0,101	0,043	-0,022	0,174	0,031	0,055	-0,046	-0,067	-0,182
IAC 100	0,025	0,028	-0,016	-0,021	-0,064	-0,05	-0,031	0,064	0,052
M-Soy 8001	-0,027	0,003	0,042	-0,123	-0,015	0,018	0,007	0,051	0,064
s _{ii}	0,065	-0,002	-0,007	0,014	0,039	0,036	0,024		
Efeito CGC (gi ₂)	-0,032	-0,165	-0,031	-0,006	0,077	0,123	0,034		
D.P (s _{ii}) =	0,01								
D.P (s _{ij}) =	0,01								
D.P (s _{ij}) =	0,012								
D.P (gi ₁) =	0,004								
D.P (gi ₂) =	0,004								

D.P = Desvio Padrão

Tabela 12 – Estimativa dos efeitos da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (adaptado por Geraldi e Miranda Filho, 1988), na geração F₂, em covas, para produtividade de grãos (g.planta⁻¹). Dialelo parcial 7 x 7. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

G₁ \ G₂	USP 70006	USP 70057	USP 70004	USP 70109	USP 70080	A 7002	USP 70123	s_{ij}	Efeito CGC (gi₁)
	Efeito CEC (s_{ij})								
USP 14-10-38	-5,09	9,36	6,82	10,09	1,09	5,27	0,45	-19,00	8,29
USP 14-01-20	0,82	-6,73	-2,27	11,00	11,00	3,18	-2,64	-7,18	19,38
USP 14-07-05	7,00	-3,55	-1,09	15,18	4,18	-7,64	13,55	-13,83	10,19
USP 14-13-16	8,45	1,91	-1,64	-6,36	-10,36	12,82	9,00	-6,91	3,74
PI 520733	-8,91	-3,45	-4,00	8,27	2,27	18,45	-11,36	-0,64	-46,90
IAC 100	-1,27	1,18	-7,36	-6,09	-10,09	11,09	-6,73	9,64	-2,53
M-Soy 8001	3,36	-2,18	10,27	-6,45	-4,45	5,73	-4,09	-1,09	7,83
s_{ii}	-2,18	1,73	-0,36	-12,82	-1,82	-24,45	0,91		
Efeito CGC (gi₂)	-2,62	-16,08	-7,53	-1,80	18,19	6,01	3,83		
D.P (s_{ii}) =	2,02								
D.P (s_{ij}) =	2,02								
D.P (s_{ij}) =	2,37								
D.P (gi₁) =	0,73								
D.P (gi₂) =	0,73								

D.P = Desvio Padrão

Tabela 13 – Estimativa dos efeitos da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (adaptado por Geraldi e Miranda Filho, 1988), na geração F₂, em covas, para teor de óleo (%).Dialelo parcial 7 x 7. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

G ₁ \ G ₂	USP 70006	USP 70057	USP 70004	USP 70109	USP 70080	A 7002	USP 70123	s _{ij}	Efeito CGC (gi ₁)
Efeito CEC (s _{ij})									
USP 14-10-38	-0,24	0,49	-0,12	-0,21	0,09	-0,23	-0,07	0,14	0,25
USP 14-01-20	0,28	-0,07	-0,17	-0,15	0,07	-0,36	-0,16	0,28	0,55
USP 14-07-05	-0,7	0,12	-0,2	-0,13	0,61	-0,12	0,25	0,08	0,54
USP 14-13-16	0,17	-0,26	-0,21	-0,14	0,1	-0,11	0,26	0,1	0,35
PI 520733	-0,3	0,63	0,2	0,78	0,25	0,8	-0,66	-0,86	-0,81
IAC 100	-0,4	-0,14	-0,24	0,17	-0,32	-0,07	0,26	0,34	-1,25
M-Soy 8001	0,13	-0,64	0,04	-0,27	-0,07	-0,04	0,03	0,41	0,37
s _{ii}	0,52	-0,06	0,35	-0,025	-0,37	0,04	0,04		
Efeito CGC (gi ₂)	-0,41	-0,09	0,03	0,03	-0,08	0,91	-0,34		
D.P (s _{ii}) =	0,15								
D.P (s _{jj}) =	0,15								
D.P (s _{ij}) =	0,17								
D.P (gi ₁) =	0,05								
D.P (gi ₂) =	0,05								

D.P = Desvio Padrão

Tabela 14 – Estimativa dos efeitos da Capacidade Geral de Combinação (CGC) e da Capacidade Específica de Combinação (CEC) pelo método 2 de Griffing (adaptado por Geraldi e Miranda Filho, 1988), na geração F₂, em covas, para produtividade de óleo (g.planta⁻¹). Dialelo parcial 7 x 7. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, safra 2008/2009

G₁ \ G₂	USP 70006	USP 70057	USP 70004	USP 70109	USP 70080	A 7002	USP 70123	s_{ij}	Efeito CGC (gi₁)
	Efeito CEC (s_{ij})								
USP 14-10-38	-2,65	1,97	1,85	1,17	3,8	-0,21	-1,56	-2,18	1,47
USP 14-01-20	-1,44	-0,86	-1,18	3,66	2,53	-0,61	-1,11	-0,49	4,08
USP 14-07-05	1,3	-0,1	-3,68	1,77	1,36	-2,45	2,46	-0,33	1,58
USP 14-13-16	2,84	-1,15	-1,07	-3,7	-1,72	4,31	2,45	-0,98	0,97
PI 520733	-1,01	-1,7	1,58	2,27	-0,94	4,1	-2,39	-0,95	-8,64
IAC 100	0,71	0,43	-1,03	-1,37	-1,44	2,21	-0,33	0,41	-1,72
M-Soy 8001	0,09	-0,05	4,21	-1,66	-1,48	-0,09	-0,6	-0,21	2,26
s_{ii}	0,08	0,73	-0,34	-1,07	-1,05	-3,63	0,54		
Efeito CGC (gi₂)	-1,57	-3,92	-1,39	-0,53	4,15	2,62	0,63		
D.P (s_{ii}) =	0,82								
D.P (s_{ij}) =	0,82								
D.P (s_{ij}) =	0,97								
D.P (gi₁) =	0,3								
D.P (gi₂) =	0,3								

D.P = Desvio Padrão

Tabela 15 – Teste do modelo para os grupos 1 (G1) e 2 (G2), estimativas dos componentes genéticos da variância e dos parâmetros genéticos do modelo aditivo-dominante de Jinks e Hayman, para os caracteres avaliados na geração F₂. Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

(continua)

Caracteres	NDM (dias)	VA (notas)	PG (g.planta ⁻¹)	TO (%)	PO (g.planta ⁻¹)
Teste do Modelo					
b (G1)	0,91 ± 0,11	0,69 ± 0,039	0,54 ± 0,089	0,80 ± 0,011	0,66 ± 0,025
Teste t (b=1)	-0,28 ^{ns}	-1,53 ^{ns}	-1,55 ^{ns}	-1,25 ^{ns}	-1,53 ^{ns}
b (G2)	0,89 ± 0,003	1,27 ± 0,079	0,82 ± 0,017	1,17 ± 0,033	1,10 ± 0,025
Teste t (b=1)	-2,12 ^{ns}	1,93 ^{ns}	-1,35 ^{ns}	1,75 ^{ns}	0,86 ^{ns}
R ²	0,99	0,99	0,99	0,99	0,99
Componentes Genéticos de Variância					
D1	128,64**	0,12**	1662,98**	2,40**	70,47**
D2	48,74**	0,13**	448,98**	0,38*	21,22**
D3	75,72**	0,13**	912,88**	3,08**	44,32**
H1 (G1)	62,16 ^{ns}	3,27**	1723,68 ^{ns}	3,23 ^{ns}	75,87 ^{ns}
H1 (G2)	94,54*	3,29**	1770,81 ^{ns}	4,21 ^{ns}	91,01 ^{ns}
H2 médio	36,91 ^{ns}	2,25**	854,80 ^{ns}	2,94 ^{ns}	71,42*
F _{USP 14-10-38}	59,85**	-0,63**	304,96 ^{ns}	-0,44 ^{ns}	-29,68 ^{ns}
F _{USP 14-01-20}	63,76**	-0,64**	-413,51 ^{ns}	0,10 ^{ns}	-40,94*
F _{USP 14-07-05}	84,52**	-0,66**	-161,89 ^{ns}	-1,01 ^{ns}	-27,02 ^{ns}
F _{USP 14-13-16}	57,47**	-0,67**	572,96 ^{ns}	0,23 ^{ns}	-44,81*
F _{PI 520733}	124,42**	-0,68**	-117,13 ^{ns}	-4,39**	-29,16 ^{ns}
F _{IAC 100}	72,80**	-0,61**	715,63 ^{ns}	-1,19 ^{ns}	8,01 ^{ns}
F _{M-SOY 8001}	88,52**	-0,66**	644,77 ^{ns}	-0,98 ^{ns}	23,36 ^{ns}
F (G1)	78,76**	-0,65**	220,83 ^{ns}	-1,16 ^{ns}	-20,03 ^{ns}
F' _{USP 70006}	-75,01**	-0,67**	-1448,24**	-1,19 ^{ns}	-2,09 ^{ns}
F' _{USP 70057}	-53,20**	-0,60**	-132,63 ^{ns}	2,16*	-14,79 ^{ns}
F' _{USP 70004}	-41,20*	-0,64**	-724,15 ^{ns}	1,48 ^{ns}	26,96 ^{ns}
F' _{USP 70109}	75,66**	-0,53**	-69,96 ^{ns}	4,20**	9,89 ^{ns}
F' _{USP 70080}	-35,67*	-0,59**	-537,48 ^{ns}	-0,71 ^{ns}	-57,11*

Tabela 15 – Teste do modelo para os grupos 1 (G1) e 2 (G2), estimativas dos componentes genéticos da variância e dos parâmetros genéticos do modelo aditivo-dominante de Jinks e Hayman, para os caracteres avaliados na geração F₂. Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

(conclusão)

Caracteres	NDM (dias)	VA (notas)	PG (g.planta ⁻¹)	TO (%)	PO (g.planta ⁻¹)
F' A 7002	-97,39**	-0,58**	1688,42**	3,71**	107,78**
F' USP 70123	-235,20**	-0,64**	-1746,15**	-0,80 ^{ns}	-45,82*
F (G2)	-66,00**	-0,61**	-424,31 ^{ns}	1,26 ^{ns}	3,55 ^{ns}
Parâmetros Genéticos					
gmd (G1)	0,70	5,18	1,02	0,69	1,04
gmd (G2)	1,39	5,07	1,99	1,39	2,07
d/r (G1)	3,76	0,33	1,28	0,85	0,63
d/r (G2)	0,46	0,35	0,78	0,71	1,05
Simetria (G1)	0,10	0,17	0,12	0,17	0,20
Simetria (G2)	0,15	0,17	0,12	0,23	0,24
r (G1)	0,70	-0,53	-0,14	-0,66	0,04
r (G2)	0,35	-0,13	0,26	-0,50	0,17
h _r ²	0,62	0,09	0,43	0,39	0,45

*, ** e ns: Significativos a 5%, 1% e não significativo pelo teste t.

Tabela 16 – Análise de variância das testemunhas no experimento das progênes F_{2:3}, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

FV	GL	Quadrados médios						
		NDM	APM	AC ^t	VA ^t	PG	TO	PO
		(dias)	(cm)	(notas)	(notas)	(g/parcela)	(%)	(g/parcela)
Testemunhas (T)	3	8193,83**	3033,59**	2,340**	0,0930**	496927,60**	58,130**	25450,00**
Conjuntos (C)	48	6,01	113,24	0,025	0,0140**	9560,02	0,944	505,24
Repetições	1	6,90	1434,95	0,450**	0,0310*	169944,50**	9,600**	9972,15**
T x C	144	8,86**	101,90	0,027	0,0089	8557,81	0,803	425,30
Resíduo	195	4,38	98,41	0,032	0,0078	10608,73	0,828	511,37
Média		130	93	1,39	2,72	361,79	22,01	79,79
CV (%)		1,6	10,6	11,4	4,1	28,4	4,1	28,3

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 17 – Análise de variância das testemunhas no experimento dos genitores, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

FV	GL	Quadrados médios						
		NDM	APM	AC ^t	VA ^t	PG	TO	PO
		(dias)	(cm)	(notas)	(notas)	(g.planta ⁻¹)	(%)	(g.planta ⁻¹)
Testemunhas	3	312,28**	340,28**	0,200**	0,029	7259,72	1,48	240,86
Repetições	5	4,70*	196,67**	0,009	0,018	14146,97	0,86	779,69
Resíduo	15	1,21	36,11	0,023	0,011	16486,80	0,65	860,47
Média		129	95	1,7	2,8	372	22,26	83,04
CV (%)		0,9	6,4	10,2	5,6	24,4	3,6	25,3

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 18 – Teste t para verificar a uniformidade ambiental entre os experimentos das progênes F_{2:3} e dos genitores para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura de plantas na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

Caráter	NDM	APM	AC	VA	PG	TO	PO
Valor de t calculado	2,36*	0,99	3,01**	2,29*	0,46	1,44	0,66

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Tabela 19 – Comparação das médias das testemunhas da geração F_{2:3}, no experimento com progênies, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

Testemunhas	Médias						
	NDM	APM	AC ^t	VA ^t	PG	TO	PO
	(dias)	(cm)	(notas)	(notas)	(g.m ² ⁻¹)	(%)	(g.m ² ⁻¹)
Conquista	137 a	91 bc	1,04 d	2,76 ab	281,86 d	21,10 c	59,57 c
FMT - Tucunaré	133 b	87 c	1,44 b	2,82 a	443,43 a	21,67 b	96,10 a
UFVS 2002	132 c	100 a	1,93 a	2,59 c	393,78 b	22,50 a	88,69 a
M-Soy 6101	116 d	94 b	1,28 c	2,69 b	328,10 c	22,78 a	74,79 b

Notas: Médias com a mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 20 – Análise de variância das progênes F_{2,3} e genitores, para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

FV	GL	Quadrados médios						
		NDM	APM	AC ^t	VA ^t	PG	TO	PO
		(dias)	(cm)	(notas)	(notas)	(g.m ² ⁻¹)	(%)	(g.m ² ⁻¹)
Repetições	1	368,01**	17237,07**	1,040**	0,920**	279549,28**	59,72**	18712,80**
Tratamentos	1973	149,06**	733,94**	0,039**	0,058**	20089,06**	2,32**	999,91**
Progênes (P)	1959	147,59**	728,96**	0,038**	0,057**	19840,00**	2,24**	985,60**
Genitores (G)	13	380,09**	1509,84**	0,123**	0,110**	52757,00**	14,42**	2943,49**
P vs G	1	20,72	410,73	0,420**	0,090*	83770,82**	1,99	3775,52**
Resíduo	2019	8,90	120,58	0,017	0,014	7309,99	0,77	353,15
Média das progênes		126	81	1,2	2,1	328	21,57	70,96
Média dos genitores		125	82	1,3	2,4	359	21,59	76,65
Média geral		126	81	1,2	2,1	329	21,57	71,10
CV (%)		2,4	13,6	9,4	7,2	25,9	4,1	26,4

Notas: * e ** significativo a 5 e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 21 – Análise de variância das progênies $F_{2:4}$ e genitores, para o caráter podridão vermelha das raízes (PVR). Soja, Casa de vegetação, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

FV	GL	Quadrado Médio
		PVR ^t
		(notas)
Repetições	3	0,253**
Tratamentos	1483	0,0658**
Progênies (P)	1469	0,0634**
Genitores (G)	13	0,319**
P vs G	1	0,322
Resíduo	4290	0,0203
Média das progênies		1,38
Média dos genitores		1,26
Média geral		1,38
CV (%)		10,5

Notas: ** significativo a 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

^tNota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 23 – Estimativas de médias aritméticas ($\bar{X}$), desvio padrão (s), e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênies F_{2,3} de cada cruzamento, para o caráter altura da planta na maturidade (APM, em centímetros). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520.733		IAC 100		M-SOY 8001		Geral		
	USP 70.006	84	10,3	75	12,4	72	13,2	79	11,2	48	8,70	76	9,1	72	9,6	70	10,5
		62	105	63	133	53	120	58	103	38	73	50	98	50	98	50	80
	USP 70.057	75	11,3	72	13,0	70	9,2	72	9,5	49	10,67	72	10,4	72	11,5	87	6,8
		53	115	53	135	45	88	53	110	30	78	50	113	48	103	75	95
	USP 70.004	83	10,0	75	10,6	82	10,5	77	9,2	55	12,06	75	9,1	77	7,7	85	8,9
		65	110	58	108	68	108	55	98	35	85	58	103	63	103	75	100
	USP 70.109	103	20,7	90	14,2	90	22,1	83	17,2	63	11,97	93	17,5	77	15,3	83	5,2
		58	145	55	118	50	130	50	118	35	85	53	123	40	110	80	90
	USP 70.080	85	9,7	82	8,5	85	9,2	81	9,7	55	11,77	80	9,9	78	9,7	88	8,2
		58	110	68	113	65	113	60	103	35	98	60	105	60	105	75	100
A 7002	99	18,5	95	11,9	100	17,1	98	16,8	68	16,00	98	15,6	96	12,5	109	6,6	
	68	130	61	115	60	133	60	125	38	120	55	120	70	123	100	120	
USP 70.123	108	19,2	96	13,4	96	17,5	99	14,7	65	17,82	96	16,4	88	16,0	111	14,6	
	70	148	68	120	55	125	50	120	23	118	53	123	63	125	85	130	
Geral	81	7,4	82	6,8	84	8,0	79	12,0	40	10,6	76	6,6	78	6,1			
	70	90	70	90	70	90	65	100	30	55	65	80	70	85			
Legenda:	$\bar{X}$	s															
	Mín	Máx															

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	USP 70006	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral	
		1,1	0,2	1,1	0,2	1,1	0,2	1,2	0,3	1,0	0,0	1,2	0,3	1,1	0,2	1,0	0,0
		1,0	1,5	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	1,0	1,0	2,0	1,0	1,5	1,0	1,0
	USP 70057	1,2	0,4	1,1	0,2	1,0	0,0	1,1	0,2	1,0	0,0	1,1	0,3	1,0	0,1	1,2	0,4
		1,0	2,5	1,0	1,5	1,0	1,0	1,0	1,5	1,0	1,0	1,0	2,5	1,0	1,5	1,0	2,0
	USP 70004	1,2	0,3	1,2	0,3	1,2	0,3	1,2	0,4	1,0	0,1	1,1	0,2	1,0	0,1	1,5	0,5
		1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,5	1,0	1,5	1,0	2,0	1,0	1,5	1,0	2,0
	USP 70109	1,4	0,4	1,4	0,4	1,2	0,3	1,2	0,3	1,0	0,2	1,5	0,5	1,1	0,2	1,0	0,0
		1,0	2,5	1,0	2,5	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,5	1,0	1,5	1,0	1,0
	USP 70080	1,2	0,3	1,3	0,4	1,2	0,4	1,2	0,4	1,0	0,0	1,2	0,3	1,1	0,2	1,2	0,4
1,0		2,0	1,0	2,5	1,0	2,5	1,0	2,5	1,0	1,0	1,0	2,0	1,0	1,5	1,0	2,0	
A 7002	1,4	0,4	1,4	0,3	1,2	0,3	1,4	0,4	1,1	0,2	1,4	0,5	1,1	0,3	1,2	0,4	
	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	3,0	1,0	2,0	1,0	2,0	
USP 70123	2,0	0,6	1,7	0,6	1,6	0,5	1,9	0,6	1,2	0,4	1,7	0,6	1,4	0,4	2,7	0,8	
	1,0	3,0	1,0	3,0	1,0	3,0	1,0	3,5	1,0	2,5	1,0	3,0	1,0	2,5	2,0	4,0	
Geral	1,2	0,4	1,5	0,5	1,0	0,0	1,3	0,5	1,0	0,0	1,3	0,5	1,0	0,0			
	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	1,0	1,0	2,0	1,0	1,0	1,0	2,0	1,0	1,0			
Legenda:	$\bar{X}$	s															
	Mín	Máx															

Tabela 25 – Estimativas de médias aritméticas ($\bar{X}$), desvio padrão (s), e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes F_{2:3} de cada cruzamento, para o caráter valor agrônômico (VA, em notas de 1 a 5). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	USP 70006	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral	
		2,4	0,3	2,1	0,3	1,9	0,4	2,0	0,4	1,1	0,2	2,2	0,4	2,0	0,4	2,4	0,6
	USP 70057	1,8	3,3	1,5	3,0	1,3	2,8	1,0	2,8	1,0	2,0	1,0	3,0	1,0	2,8	2,0	3,5
		2,1	0,5	1,9	0,3	1,9	0,3	1,9	0,3	1,2	0,5	2,0	0,4	2,0	0,5	2,2	0,4
	USP 70004	1,0	3,0	1,3	2,8	1,0	2,3	1,3	2,5	1,0	3,5	1,0	3,0	1,0	3,0	2,0	3,0
		2,5	0,4	2,1	0,4	2,3	0,4	2,1	0,4	1,5	0,6	2,2	0,4	2,3	0,3	2,3	0,3
	USP 70109	1,3	3,3	1,3	3,0	1,5	3,3	1,0	2,8	1,0	3,0	1,3	3,3	1,5	2,8	2,0	2,5
		2,3	0,3	2,2	0,4	2,2	0,5	2,0	0,5	1,7	0,6	2,3	0,4	2,0	0,5	2,8	0,3
	USP 70080	1,5	3,0	1,3	3,0	1,0	3,0	1,0	2,8	1,0	3,0	1,0	3,0	1,0	2,8	2,5	3,0
		2,6	0,4	2,4	0,3	2,5	0,4	2,2	0,4	1,3	0,4	2,4	0,3	2,4	0,3	2,8	0,4
	A 7002	1,8	3,8	2,0	3,5	1,5	3,3	1,3	3,0	1,0	2,5	1,8	3,0	1,8	3,0	2,5	3,5
2,6		0,3	2,5	0,3	2,5	0,4	2,4	0,3	1,7	0,6	2,5	0,4	2,5	0,3	2,8	0,3	
USP 70123	1,8	3,3	1,8	3,0	1,5	3,3	1,5	3,0	1,0	2,8	1,5	3,5	1,8	3,3	2,5	3,0	
	2,3	0,3	2,3	0,3	2,3	0,3	2,2	0,4	1,4	0,5	2,1	0,4	2,3	0,3	2,3	0,3	
Geral	2,0	3,3	1,8	2,8	1,8	3,3	1,0	3,0	1,0	2,5	1,0	3,0	1,3	2,8	2,0	2,5	
	2,5	0,4	2,5	0,3	2,5	0,0	2,2	0,3	1,0	0,0	2,3	0,3	2,7	0,3			
Legenda:	2,0	3,0	2,0	3,0	2,5	2,5	2,0	2,5	1,0	1,0	2,0	2,5	2,5	3,0			
	$\bar{X}$	s															
	Mín	Máx															

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral		
	USP 70006	353,3	73,0	355,4	74,2	291,5	72,3	339,2	69,9	168,3	72,5	315,0	95,9	336,9	88,0	425,0	60,2
		202,0	529,0	197,0	486,0	119,0	408,0	160,0	479,0	75,0	405,0	123,0	635,0	119,0	534,0	368,0	536,0
	USP 70057	334,0	89,9	313,4	72,9	316,7	71,1	310,6	74,5	228,9	110,6	330,5	65,2	305,6	105,4	371,7	127,5
		112,0	555,0	155,0	493,0	135,0	477,0	179,0	659,0	61,0	449,0	204,0	487,0	141,0	529,0	270,0	612,0
	USP 70004	365,4	93,4	371,6	78,1	362,9	97,7	360,1	87,5	262,5	148,2	330,8	80,3	413,2	68,0	472,0	98,7
		129,0	576,0	173,0	537,0	217,0	593,0	207,0	560,0	76,0	627,0	151,0	538,0	271,0	567,0	370,0	626,0
	USP 70109	342,0	93,2	354,3	85,0	312,4	81,4	298,9	101,8	244,4	112,3	352,1	75,7	297,2	104,9	367,3	65,1
		176,0	662,0	124,0	524,0	147,0	543,0	53,0	574,0	82,0	490,0	153,0	537,0	56,0	482,0	306,0	466,0
	USP 70080	365,8	86,5	400,1	59,3	380,9	66,8	317,0	71,1	191,9	64,8	357,6	62,0	386,6	81,7	373,0	118,8
194,0		544,0	285,0	511,0	238,0	515,0	154,0	493,0	52,0	333,0	236,0	523,0	178,0	543,0	234,0	570,0	
A 7002	373,9	89,9	381,0	81,5	349,8	70,0	342,5	67,8	228,4	74,5	361,5	71,9	347,4	77,6	342,3	79,8	
	174,0	630,0	173,0	534,0	188,0	472,0	180,0	512,0	85,0	390,0	173,0	488,0	205,0	577,0	252,0	444,0	
USP 70123	359,3	80,9	346,7	89,1	342,2	81,0	361,8	67,6	187,0	86,7	315,9	96,1	408,7	100,3	457,0	141,3	
	184,0	518,0	157,0	480,0	137,0	569,0	184,0	535,0	65,0	441,0	87,0	552,0	212,0	627,0	346,0	700,0	
Geral	322,7	61,3	375,0	50,6	288,7	73,9	267,3	30,3	79,4	27,9	350,7	78,7	441,3	129,5			
	242,0	416,0	334,0	444,0	170,0	372,0	230,0	306,0	48,0	110,0	216,0	460,0	332,0	688,0			
Legenda:		$\bar{X}$	s														
		Min	Max														

Tabela 27 – Estimativas de médias aritméticas ($\bar{X}$), desvio padrão (s), e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 40 progênes F_{2:3} de cada cruzamento, para o caráter teor de óleo (TO, em porcentagem). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	USP 70006	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral	
		21,5	0,8	22,1	0,9	21,2	0,7	22,1	0,7	21,1	1,0	20,3	1,1	22,0	0,8	22,6	0,9
		19,7	23,7	20,1	24,2	19,7	22,7	20,6	23,8	19,2	23,5	17,5	22,6	20,3	23,6	21,4	23,5
	USP 70057	21,8		21,8		21,7		21,7		21,2		19,8		21,9		22,9	
		1,0		0,7		0,8		0,7		0,8		1,1		0,8		0,7	
		19,9	23,7	19,8	23,8	18,8	23,0	20,4	23,4	18,9	23,2	17,8	22,9	19,9	23,2	22,1	23,8
	USP 70004	21,8		22,2		21,9		22,1		21,3		20,9		21,9		22,2	
		0,7		0,7		0,8		0,6		1,0		1,4		0,6		1,4	
		20,7	23,1	20,2	23,8	20,2	24,0	20,9	24,2	19,1	23,4	18,3	24,0	20,0	23,4	20,5	24,3
	USP 70109	21,5		21,7		21,4		21,8		21,5		20,5		21,8		23,2	
0,7			0,7		0,8		0,7		1,0		1,2		0,7		0,5		
	19,8	22,8	20,1	23,2	19,7	23,2	20,3	23,0	19,6	24,0	18,4	22,6	19,8	22,8	22,3	23,8	
USP 70080	21,6		21,9		21,2		21,7		21,2		20,2		21,7		22,0		
	0,7		0,9		0,6		0,6		0,8		1,1		0,6		0,6		
	20,0	22,8	20,0	23,8	19,9	22,7	20,5	23,3	19,4	23,0	18,0	22,3	20,5	22,9	21,1	22,9	
A 7002	22,2		22,7		22,4		22,8		22,2		20,9		22,6		23,8		
	0,8		0,9		0,8		0,9		0,7		1,3		0,7		0,9		
	20,4	24,0	20,7	24,5	20,8	24,1	20,4	24,5	20,8	23,5	16,7	22,8	20,9	24,1	22,3	25,0	
USP 70123	21,0		21,8		21,4		21,9		20,7		20,7		21,9		22,1		
	0,9		0,6		0,8		0,8		1,3		1,2		0,7		0,9		
	19,1	23,2	20,5	23,0	19,4	23,0	18,9	23,2	16,9	22,9	18,2	22,8	20,5	23,4	21,4	23,6	
Geral	20,7		22,0		20,4		21,3		19,7		17,7		21,7				
	0,9		0,9		1,1		0,5		0,9		0,5		0,4				
	19,3	22,1	20,4	23,2	18,6	21,6	20,4	21,7	18,7	20,8	17,2	18,7	21,0	22,1			
Legenda:	$\bar{X}$	s															
	Mín	Máx															

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	USP 70006	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral	
		76,0	16,2	78,5	16,5	61,9	15,8	75,0	16,3	35,6	16,1	63,8	20,4	74,1	20,0	95,9	13,4
		44,1	116,0	41,9	108,1	26,0	89,7	34,3	113,3	16,1	87,3	25,2	143,7	24,2	116,1	78,6	118,1
	USP 70057	73,0	20,4	68,5	16,0	68,7	15,6	67,6	16,7	48,6	23,5	65,7	14,2	66,8	22,9	84,8	27,3
		24,1	131,3	34,0	107,6	28,1	103,0	38,9	147,3	12,9	96,6	39,0	104,9	30,0	115,3	60,1	135,5
	USP 70004	79,7	20,9	82,4	17,7	79,2	21,2	79,4	19,1	56,9	34,3	68,8	16,6	90,4	15,3	104,3	18,6
		27,0	125,0	37,7	117,8	49,7	133,8	46,1	120,3	15,0	143,5	30,8	104,7	59,0	122,2	88,0	133,1
	USP 70109	73,6	20,2	76,9	19,0	67,0	17,6	65,4	22,8	52,7	24,9	72,2	15,5	64,6	22,7	85,2	15,8
		36,6	143,9	26,4	117,5	32,4	115,3	11,6	130,2	19,2	107,2	31,5	109,1	11,9	105,3	68,4	107,6
	USP 70080	79,3	19,5	87,4	12,9	80,7	14,1	68,9	15,4	40,5	14,3	72,1	12,9	84,1	18,5	81,9	25,6
43,5		118,1	61,0	115,4	54,0	105,9	33,1	103,0	11,5	74,4	47,8	112,8	38,1	115,2	53,5	124,6	
A 7002	82,9	19,6	86,7	18,9	78,4	15,9	78,1	16,4	50,4	16,2	75,8	16,1	78,4	17,4	81,7	20,6	
	40,5	143,2	37,3	126,9	39,9	110,5	43,3	123,1	18,8	85,0	29,0	102,9	46,5	123,9	56,1	105,3	
USP 70123	75,8	18,6	75,7	19,5	73,6	18,2	79,2	15,7	38,9	18,6	65,3	19,8	89,7	22,4	100,4	28,5	
	38,7	114,7	34,4	107,0	30,5	123,0	39,0	117,3	11,8	97,8	17,5	113,7	46,7	137,9	74,4	149,9	
Geral	66,6	13,0	82,7	14,1	59,2	16,5	56,8	5,7	15,8	5,9	62,3	15,6	96,0	29,2			
	53,4	88,1	68,9	102,9	35,5	80,3	49,8	64,6	9,2	22,3	37,2	85,9	72,2	152,1			
Legenda:	$\bar{X}$	s															
	Min	Max															

Tabela 29 – Estimativas de médias aritméticas ($\bar{X}$), desvio padrão (s), e valores mínimo e máximo obtidas em 14 genitores e em 30 progênies F_{2:4} de cada cruzamento, para o caráter reação à podridão vermelha das raízes (PVR, em notas de 1 a 5). Soja, Estação Experimental Anhembi, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

GENITORES TOLERANTES																	
GENITORES ALTO ÓLEO	USP 70006	14-10-38		14-01-20		14-07-05		14-13-16		PI 520733		IAC 100		M-Soy 8001		Geral	
		1,2	0,2	1,1	0,2	1,2	0,2	1,2	0,3	1,1	0,2	1,5	0,2	1,3	0,2	1,3	0,1
	USP 70057	1,0	1,7	1,0	1,8	1,0	1,8	1,0	1,8	1,0	1,5	1,0	2,0	1,0	2,0	1,2	1,4
		USP 70004	1,2	0,2	1,1	0,2	1,2	0,2	1,2	0,2	1,1	0,2	1,6	0,3	1,1	0,2	1,1
	USP 70109		1,0	1,8	1,0	1,5	1,0	1,5	1,0	1,8	1,0	1,5	1,0	2,0	1,0	1,5	1,0
		USP 70080	1,2	0,2	1,1	0,1	1,2	0,2	1,2	0,2	1,2	0,2	1,6	0,2	1,2	0,2	1,1
	A 7002		1,0	2,0	1,0	1,5	1,0	1,8	1,0	2,0	1,0	1,7	1,3	2,0	1,0	2,0	1,0
		USP 70123	1,8	0,3	1,8	0,2	1,9	0,1	1,2	0,2	1,5	0,2	1,8	0,2	1,9	0,2	1,9
	Geral		1,0	2,0	1,5	2,0	1,5	2,0	1,0	1,8	1,0	2,0	1,5	2,3	1,3	2,3	1,8
		Legenda:	1,1	0,2	1,1	0,2	1,2	0,2	1,2	0,2	1,2	0,2	1,6	0,2	1,2	0,2	1,1
			1,0	1,5	1,0	1,7	1,0	1,5	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0	2,0	1,0
		1,8	0,2	2,0	0,2	2,0	0,2	1,9	0,2	1,5	0,3	1,9	0,2	1,9	0,2	2,1	0,3
		1,5	2,0	1,5	2,3	1,8	2,3	1,0	2,3	1,0	2,0	1,3	2,3	1,0	2,3	1,8	2,4
		1,1	0,2	1,1	0,2	1,2	0,4	1,1	0,2	1,1	0,2	1,2	0,2	1,1	0,2	1,0	0,0
		1,0	1,5	1,0	1,5	1,0	3,0	1,0	1,8	1,0	1,5	1,0	1,5	1,0	1,8	1,0	1,0
		1,1	0,1	1,0	0,0	1,1	0,1	1,1	0,1	1,0	0,0	1,8	0,3	1,1	0,1		
		1,0	1,3	1,0	1,0	1,0	1,2	1,0	1,3	1,0	1,0	1,6	2,2	1,0	1,2		
		$\bar{X}$	s														
		Mín	Máx														

Tabela 30 – Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre as progêneses $F_{2:3}$ e os genitores para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO) e entre os genótipos com progêneses $F_{2:4}$ para o caráter podridão vermelha das raízes em soja (PVR). Soja, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

CR ¹	Frequência das progênes															
	NDM		APM		AC		VA		PG		TO		PO		PVR	
	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³
1 x 8	13	-	-	-	-	29	21	-	26	1	22	-	25	1	-	27
1 x 9	4	-	-	-	2	32	8	4	23	4	26	-	25	4	-	26
1 x 10	1	-	-	-	3	29	27	1	27	2	28	-	29	2	1	24
1 x 11	7	-	12	-	11	17	15	-	22	2	24	-	22	2	12	3
1 x 12	3	-	-	-	1	24	33	-	29	1	27	-	29	1	-	27
1 x 13	20	-	6	-	9	21	32	-	27	1	35	-	31	1	9	-
1 x 14	4	-	9	-	25	5	15	-	27	1	17	-	23	3	-	28
2 x 8	3	-	1	-	1	31	9	-	26	1	33	-	28	1	-	28
2 x 9	3	-	1	-	-	36	3	2	18	2	30	-	17	2	-	26
2 x 10	1	-	-	-	2	29	10	2	31	2	33	-	33	2	-	29
2 x 11	3	-	-	-	7	16	12	2	29	3	29	-	29	4	12	-
2 x 12	2	-	-	-	5	23	20	-	38	-	29	-	38	-	-	27
2 x 13	16	-	-	-	6	15	29	-	34	2	38	-	34	1	26	-
2 x 14	8	-	2	-	16	11	19	-	23	3	32	-	23	2	-	28
3 x 8	8	-	1	-	1	36	4	5	13	6	17	-	12	7	-	24
3 x 9	11	-	-	1	-	40	-	4	18	4	30	1	18	4	-	25
3 x 10	11	-	-	-	3	28	15	-	24	-	32	-	24	-	-	26
3 x 11	9	-	5	1	2	26	17	4	16	3	22	-	15	4	17	-
3 x 12	8	-	-	-	4	29	23	-	32	-	18	-	31	-	-	26

Tabela 30 – Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre os genótipos dos experimentos com progênies F_{2:3} para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônomico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO) e entre os genótipos com progênies F_{2:4} para o caráter podridão vermelha das raízes em soja (PVR). Soja, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

CR ¹	Frequência das progênies															
	NDM		APM		AC		VA		PG		TO		PO		PVR	
	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³
3 x 13	23	-	4	-	3	24	27	-	24	1	36	-	27	1	25	-
3 x 14	20	-	4	-	14	15	16	-	22	1	25	-	22	1	-	24
4 x 8	10	-	-	-	3	28	10	5	25	3	37	-	27	3	-	22
4 x 9	2	-	-	-	-	34	2	2	14	2	28	-	14	2	-	26
4 x 10	1	-	-	-	3	29	10	3	23	1	39	-	26	1	1	27
4 x 11	2	-	-	1	3	28	8	7	16	6	30	-	17	6	-	26
4 x 12	5	-	-	-	3	26	11	1	20	4	32	-	23	4	1	27
4 x 13	17	-	4	-	7	19	27	-	24	1	38	-	27	1	19	1
4 x 14	1	-	1	1	24	8	12	2	28	1	31	1	29	2	-	26
5 x 8	-	1	-	28	-	40	-	33	2	29	14	-	2	31	-	29
5 x 9	1	6	-	28	-	40	1	31	10	22	22	1	11	22	-	28
5 x 10	-	9	-	21	-	38	7	20	9	24	18	-	9	24	-	26
5 x 11	-	4	-	7	1	38	5	11	13	20	23	-	13	22	3	8
5 x 12	-	4	-	18	-	40	1	20	1	23	18	-	1	27	1	26
5 x 13	-	-	1	3	1	35	4	13	3	20	34	-	5	19	4	13
5 x 14	1	3	-	9	4	27	3	20	2	24	13	4	1	27	-	26
6 x 8	1	-	-	1	4	26	13	1	19	5	5	5	13	7	2	7
6 x 9	1	-	-	1	1	34	8	3	23	1	4	9	19	6	8	7

Tabela 30 – Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre os genótipos dos experimentos com progênies F_{2:3} para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO) e entre os genótipos com progênies F_{2:4} para o caráter podridão vermelha das raízes em soja (PVR). Soja, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

CR ¹	Frequência das progênies															
	NDM		APM		AC		VA		PG		TO		PO		PVR	
	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³
6 x 10	-	-	-	-	1	33	12	1	27	3	15	4	24	4	4	5
6 x 11	2	-	3	-	15	18	15	1	26	1	13	5	22	1	9	-
6 x 12	-	-	-	-	3	28	20	-	30	-	7	9	22	-	3	8
6 x 13	10	-	2	-	9	19	27	-	28	2	15	4	26	2	16	1
6 x 14	1	-	2	-	18	11	6	2	19	3	12	5	18	8	-	23
7 x 8	2	-	-	1	-	33	4	2	22	2	31	-	24	2	1	23
7 x 9	7	-	-	1	-	37	8	4	19	9	30	-	21	9	-	27
7 x 10	-	-	-	-	-	37	16	-	37	-	34	-	38	-	1	24
7 x 11	-	-	-	1	-	35	8	6	16	10	32	-	18	9	17	1
7 x 12	3	-	-	-	-	36	21	-	33	1	27	-	33	2	1	25
7 x 13	9	-	2	-	1	31	27	2	24	2	38	-	26	1	20	1
7 x 14	1	-	1	-	8	20	15	1	31	1	32	-	32	1	-	29
TOTAL⁴	255	27	61	123	224	1344	656	215	1073	260	1255	48	1076	286	213	890
1 - USP 14-10-38	b		d		c		a		a		b		a		c	
2 - USP 14-01-20	b		c		c		a		a		a		a		c	
3 - USP 14-07-05	a		c		c		a		b		b		b		c	
4 - USP 14-13-16	b		d		c		b		b		b		b		c	
5 - PI 520733	g		f		c		d		c		c		c		c	
6 - IAC 100	c		d		c		b		a		d		b		b	
7 - M-Soy 8001	d		d		c		a		a		a		a		c	

Tabela 30 – Teste de comparação de médias de Scott e Knott entre os genótipos dos experimentos com progênies F_{2:3} para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônomico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO) e entre os genótipos com progênies F_{2:4} para o caráter podridão vermelha das raízes em soja (PVR). Soja, Piracicaba – SP, 2010

(conclusão)

CR ¹	Frequência das progênies															
	NDM		APM		AC		VA		PG		TO		PO		PVR	
	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³	> ²	< ³
8 - USP 70006	d		d		c		b		a		a		a		c	
9 - USP 70057	d		c		c		b		a		a		a		c	
10 - USP 70004	g		c		c		b		a		a		a		c	
11 - USP 70109	d		c		c		a		a		a		a		a	
12 - USP 70080	d		c		c		a		a		a		a		c	
13 - A 7002	a		b		c		a		a		a		a		a	
14 - USP 70123	d		b		a		b		a		a		a		c	
Nº de grupos ⁵	9		6		3		4		3		4		3		3	

¹Cada cruzamento tinha 40 progênies, exceto para o caráter PVR que, por sua vez, tinha 30 progênies. Para identificar cruzamentos ver Tabelas 1 e 2.

²São apresentadas as frequências das progênies nos grupos extremos: **maior** (>) = todas as progênies da coluna tem médias letra “a”.

³São apresentadas as frequências das progênies nos grupos extremos: **menor** (<) = todas as progênies da coluna tem médias iguais à menor letra possível de acordo com o grupo; também são apresentadas as letras dos genitores. Médias com a mesma letra não diferem estatisticamente entre si, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste de Scott e Knott.

⁴Total de progênies similares dentro do grupo. Ex: 255 – todas as 255 progênies são iguais entre si.

⁵Nº total de grupos obtidos pelo teste de Scott e Knott. Ex: 6 grupos estão representados pelas letras a, b, c, d, e, f.

Tabela 31 – Estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) entre 40 plantas F_2 e 40 progênes $F_{2:3}$ de cada cruzamento para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, 2010

(continua)

CR ¹	NDM (r_p)	NDM (r_s)	VA (r_p)	VA (r_s)	PG (r_p)	PG (r_s)	TO (r_p)	TO (r_s)	PO (r_p)	PO (r_s)
1 x 8	0,64 **	0,56 **	0,16	0,12	0,06	0,02	0,14	0,18	0,38 *	0,39 *
1 x 9	0,65 **	0,60 **	0,50 **	0,48 **	0,09	0,13	0,57 **	0,53 **	0,11	0,17
1 x 10	0,52 **	0,61 **	0,26	0,18	0,04	0,10	0,37 *	0,30	0,07	0,02
1 x 11	0,58 **	0,57 **	0,22	0,20	0,09	0,11	-0,06	-0,09	0,10	0,15
1 x 12	0,73 **	0,66 **	0,07	0,03	0,57 **	0,50 **	-0,02	-0,06	0,72 **	0,74 **
1 x 13	0,55 **	0,47 **	0,01	0,01	0,15	0,14	0,41 **	0,09	0,11	0,15
1 x 14	0,59 **	0,58 **	-0,01	0,11	0,04	0,13	0,38 *	0,35 *	0,17	0,12
2 x 8	0,24	0,18	0,12	0,14	-0,02	0,00	0,25	0,23	0,12	0,15
2 x 9	0,48 **	0,42 **	0,25	0,22	0,09	0,07	0,31	0,33 *	0,02	0,13
2 x 10	0,81 **	0,79 **	0,23	0,22	0,03	0,06	0,38 *	0,13	0,11	0,07
2 x 11	0,57 **	0,51 **	0,23	0,15	0,32 *	0,25	0,58 *	0,46 *	0,16	0,07
2 x 12	0,36 *	0,44 **	-0,08	0,02	0,03	0,03	0,32 *	0,44 **	0,20	0,21
2 x 13	0,59 **	0,64 **	0,28	0,20	0,45 **	0,38 *	0,36 *	0,38 *	0,45 **	0,38 *
2 x 14	0,62 **	0,57 **	-0,01	-0,02	-0,01	-0,06	0,07	0,07	0,03	0,08
3 x 8	0,30	0,36 *	0,21	0,2	0,16	0,21	0,02	0,00	0,05	0,02
3 x 9	0,54 **	0,56 **	0,14	0,07	0,15	-0,06	0,15	0,25	0,18	0,15
3 x 10	0,75 **	0,70 **	0,39 *	0,35 *	0,17	0,18	0,17	0,31	0,02	0,15
3 x 11	0,62 **	0,46 **	0,34 *	0,34 *	0,20	0,17	0,03	0,24	0,35 *	0,49 **
3 x 12	0,40 *	0,49 **	0,18	0,19	0,16	0,19	0,02	0,12	0,11	0,10
3 x 13	0,34 *	0,40 *	0,21	0,13	-0,19	-0,22	0,31	0,18	0,17	0,15
3 x 14	0,60 **	0,63 **	0,43 **	0,31 *	0,41 **	0,48 **	0,10	0,25	0,48 **	0,46 **

Tabela 31 – Estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) entre 40 plantas F_2 e 40 progênes $F_{2:3}$ de cada cruzamento para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, 2010

(continua)

CR ¹	NDM (r_p)	NDM (r_s)	VA (r_p)	VA (r_s)	PG (r_p)	PG (r_s)	TO (r_p)	TO (r_s)	PO (r_p)	PO (r_s)
4 x 8	0,73 **	0,73 **	0,51 **	0,47 **	0,12	0,05	0,19	0,22	0,12	0,08
4 x 9	0,22	0,37 *	0,15	0,15	0,28	0,24	0,33 *	0,34 *	0,47 **	0,41 **
4 x 10	0,35 *	0,51 **	0,1	0,10	-0,03	0,01	0,07	0,02	0,02	0,01
4 x 11	0,46 **	0,51 **	0,26	0,27	0,34 *	0,27	0,45 **	0,50 **	0,33 *	0,11
4 x 12	0,76 **	0,74 **	0,14	0,15	0,15	0,16	0,23	0,17	0,17	0,07
4 x 13	0,55 **	0,58 **	0,42 **	0,44 **	0,07	0,04	0,49 **	0,26	0,30	0,28
4 x 14	0,66 **	0,69 **	0,31 *	0,33 *	0,28	0,29	0,30	0,41 **	0,28	0,25
5 x 8	0,61 **	0,56 **	0,26	0,37 *	0,32 *	0,18	0,13	0,16	0,13	0,11
5 x 9	0,53 **	0,67 **	0,27	0,24	0,06	0,25	0,05	0,13	0,28	0,45 **
5 x 10	0,33 *	0,44 **	0,34 *	0,23	0,67 **	0,52 **	0,78 **	0,81 **	0,76 **	0,79 **
5 x 11	0,59 **	0,56 **	-0,27	-0,23	0,10	0,26	0,61 **	0,51 **	0,10	0,2
5 x 12	0,59 **	0,51 **	-0,07	0,03	0,30	0,23	0,27	0,25	0,40 **	0,50 **
5 x 13	0,79 **	0,78 **	0,46 **	0,42 **	0,07	0,08	0,23	0,29	0,03	0,02
5 x 14	0,38 *	0,50 **	0,37 *	0,36 *	0,45 **	0,44 **	0,00	0,08	0,25	0,18
6 x 8	0,32 *	0,36 *	0,39 *	0,38 *	0,29	0,31	0,13	0,03	0,13	0,14
6 x 9	0,74 **	0,66 **	0,26	0,23	0,31	0,34 *	0,51 **	0,18	0,13	0,21
6 x 10	0,66 **	0,70 **	0,26	0,27	0,01	0,01	0,35 *	0,28	0,02	0,07
6 x 11	0,76 **	0,70 **	0,61 **	0,54 **	0,23	0,12	0,52 **	0,56 **	0,20	0,07
6 x 12	0,66 **	0,72 **	0,24	0,16	0,18	0,21	0,69 **	0,72 **	0,24	0,23
6 x 13	0,51 **	0,63 **	0,07	0,09	-0,14	-0,01	0,21	0,38 *	-0,03	-0,09
6 x 14	0,47 **	0,58 **	0,03	-0,09	0,27	0,27	0,54 *	0,58 **	0,23	0,17

Tabela 31 – Estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) entre 40 plantas F_2 e 40 progênies $F_{2:3}$ de cada cruzamento para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, 2010

(conclusão)

CR ¹	NDM (r_p)	NDM (r_s)	VA (r_p)	VA (r_s)	PG (r_p)	PG (r_s)	TO (r_p)	TO (r_s)	PO (r_p)	PO (r_s)
7 x 8	0,84 **	0,79 **	0,49 **	0,44 **	0,34 *	0,30	0,44 **	0,56 **	0,34 *	0,30
7 x 9	0,31 *	0,31 *	0,31 *	0,27	0,39 *	0,37 *	0,44 **	0,48 **	0,32 *	0,37 *
7 x 10	0,40 *	0,13	-0,09	-0,08	0,13	0,11	0,16	0,14	-0,01	0,03
7 x 11	0,40 **	0,44 **	0,38 *	0,31 *	0,14	0,09	0,00	0,09	0,35 *	0,41 **
7 x 12	0,81 **	0,84 **	0,24	0,24	0,12	0,07	0,29	0,22	0,27	0,360 *
7 x 13	0,52 **	0,53 **	0,14	0,06	-0,05	-0,02	0,13	0,20	0,24	0,27
7 x 14	0,40 *	0,34 *	0,15	-0,08	0,09	0,04	0,09	0,14	0,26	0,14
Médias	0,55	0,55	0,22	0,20	0,17	0,16	0,27	0,27	0,21	0,21

* e ** significativo a 5% e 1%, respectivamente, pelo teste “t”.

¹Para identificar os cruzamentos, consultar as Tabelas 1 e 2.

Tabela 32 – Correlações fenotípicas simples das capacidades gerais de combinação (CGC) e capacidades específicas de combinação (CEC) entre plantas F_2 e progênies $F_{2:3}$ para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO) e produtividade de óleo (PO). Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, 2010

$r_{CGC(F_2:F_3)}$				
NDM	VA	PG	TO	PO
0,949**	0,853**	0,824**	0,906**	0,797**

$r_{CEC(F_2:F_3)}$				
NDM	VA	PG	TO	PO
0,533**	0,466**	0,374**	0,425**	0,255

** significativo a 1% probabilidade pelo teste t.

Tabela 33 – Coeficientes de correlação fenotípica (acima da diagonal) e de correlação genética (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados na geração $F_{2:3}$ número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (TO), produtividade de óleo (PO) e reação à podridão vermelha das raízes (PVR) avaliada na geração $F_{2:4}$. Soja, ESALQ, Piracicaba-SP, 2010

	NDM	APM	AC	VA	PG	TO	PO	PVR
NDM		0,516**	0,165**	0,574**	0,303**	0,094**	0,305**	-
APM	0,588**		0,453**	0,622**	0,387**	0,045	0,379**	-
AC	0,234**	0,507**		0,208**	0,186**	-0,043	0,173**	-
VA	0,621**	0,672**	0,286**		0,574**	0,060*	0,563**	-
PG	0,353**	0,416**	0,213**	0,611**		0,112**	0,987**	-
TO	0,112**	0,082*	-0,021	0,097*	0,188**		0,261**	-
PO	0,361**	0,394**	0,198**	0,602**	0,989**	0,301**		-
PVR	0,173**	0,265**	0,070*	0,193**	0,062*	0,041	0,065*	

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

Tabela 34 – Classificação dos caracteres, grupos formados pelo método Scott e Knott, intervalo dos valores em cada grupo e a classe à qual pertence determinado(s) grupo(s). Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

Caráter	Grupo (Scott e Knott)	Intervalo no grupo	Classe
NDM	A	142 a 135 dias	semitardio
	B	134 a 130 dias	médio
	C	129 a 126 dias	semiprecoce
	D	125 a 122 dias	
	E	121 a 118 dias	precoce
	F	117 a 113 dias	
	G	112 a 107 dias	
	H	106 a 103 dias	
	I	102 a 96 dias	
APM	A	145 a 118 cm	alto
	B	115 a 103 cm	médio
	C	100 a 82 cm	
	D	81 a 63 cm	baixo
	E	60 a 50 cm	
	F	48 a 20 cm	
AC ¹	A	2,7 a 2	semi-ereta
	B	1,5	
	C	1,3 a 1	ereta
VA ¹	A	3,8 a 2,5	bom
	B	2,4 a 2	médio
	C	1,8 a 1,5	ruim
	D	1,3 a 1	
PG	A	631 a 290 g.parcela ⁻¹	alta
	B	289 a 186 g.parcela ⁻¹	média
	C	185 a 21 g.parcela ⁻¹	baixa
TO	A	24,83 a 21,62 %	alto
	B	21,61 a 20,35 %	médio
	C	20,34 a 19,37 %	baixo
	D	19,31 a 17,00 %	

Tabela 34 – Classificação dos caracteres, grupos formados pelo método Scott e Knott, intervalo dos valores em cada grupo e a classe à qual pertence determinado(s) grupo(s). Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

(conclusão)

Caráter	Grupo (Scott e Knott)	Intervalo no grupo	Classe
PO	A	141,33 a 63,37 g.parcela ⁻¹	alta
	B	63,25 a 41,16 g.parcela ⁻¹	média
	C	41,04 a 5,51 g.parcela ⁻¹	baixa
PVR ¹	A	1,89 a 3,00	suscetível
	B	1,50 a 1,80	moderadamente tolerante
	C	1,00 a 1,33	tolerante

¹Nota transformada pela expressão $(x+0,5)^{1/2}$.

Tabela 35 - Classificação dos cruzamentos para cada caráter avaliado, baseada no agrupamento realizado pelo teste de Scott e Knott, de maneira que, quando a maioria das 40 progênies $F_{2:3}$ estavam num determinado agrupamento, o cruzamento foi classificado segundo as características dos caracteres. Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

Cruzamentos ¹	Classificação							
	NDM	APM	AC	VA	PG	TO	PO	PVR
1 x 8	médio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
1 x 9	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
1 x 10	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
1 x 11	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	moderadamente tolerante
1 x 12	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
1 x 13	semitardio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	moderadamente tolerante
1 x 14	semiprecoce	alta	semi-ereta	médio	alta	médio	alta	tolerante
2 x 8	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
2 x 9	semiprecoce	média	ereta	médio	média	alto	média	tolerante
2 x 10	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
2 x 11	semiprecoce	média	semi-ereta	médio	alta	alto	alta	moderadamente tolerante
2 x 12	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
2 x 13	médio	média	semi-ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
2 x 14	médio	média	semi-ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
3 x 8	médio	média	ereta	médio	média	médio	média	tolerante
3 x 9	médio	média	ereta	médio	média	alto	média	tolerante
3 x 10	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
3 x 11	médio	média	ereta	bom	média	alto	média	suscetível
3 x 12	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	médio	alta	tolerante
3 x 13	semitardio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
3 x 14	semitardio	média	semi-ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante

Tabela 35 - Classificação dos cruzamentos para cada caráter avaliado, baseada no agrupamento realizado pelo teste de Scott e Knott, de maneira que, quando a maioria das 40 progênies $F_{2:3}$ estavam num determinado agrupamento, o cruzamento foi classificado segundo as características dos caracteres. Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

(continua)

Cruzamentos ¹	Classificação							
	NDM	APM	AC	VA	PG	TO	PO	PVR
4 x 8	médio	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
4 x 9	semiprecoce	média	ereta	médio	média	alto	média	tolerante
4 x 10	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
4 x 11	semiprecoce	média	ereta	médio	média	alto	média	tolerante
4 x 12	médio	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
4 x 13	semitardio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
4 x 14	semiprecoce	média	semi-ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
5 x 8	precocce	baixa	ereta	ruim	baixa	médio	baixa	tolerante
5 x 9	precocce	baixa	ereta	ruim	baixa	alto	baixa	tolerante
5 x 10	precocce	baixa	ereta	ruim	baixa	médio	baixa	tolerante
5 x 11	precocce	baixa	ereta	ruim	baixa	alto	baixa	moderadamente tolerante
5 x 12	precocce	baixa	ereta	ruim	baixa	alto	baixa	tolerante
5 x 13	precocce	média	ereta	ruim	baixa	alto	baixa	moderadamente tolerante
5 x 14	precocce	média	ereta	ruim	baixa	médio	baixa	tolerante
6 x 8	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	médio	média	moderadamente tolerante
6 x 9	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	baixo	alta	moderadamente tolerante
6 x 10	precocce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	moderadamente tolerante
6 x 11	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	baixo	alta	moderadamente tolerante
6 x 12	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	médio	alta	moderadamente tolerante
6 x 13	médio	média	ereta	bom	alta	médio	alta	suscetível
6 x 14	semiprecoce	média	semi-ereta	médio	alta	médio	alta	tolerante

Tabela 35 - Classificação dos cruzamentos para cada caráter avaliado, baseada no agrupamento realizado pelo teste de Scott e Knott, de maneira que, quando a maioria das 40 progênies $F_{2,3}$ estavam num determinado agrupamento, o cruzamento foi classificado segundo as características dos caracteres. Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2010

(conclusão)

Cruzamentos ¹	Classificação							
	NDM	APM	AC	VA	PG	TO	PO	PVR
7 x 8	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
7 x 9	médio	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
7 x 10	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
7 x 11	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	suscetível
7 x 12	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
7 x 13	médio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
7 x 14	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
1 - USP 14-10-38	médio	média	ereta	bom	alta	médio	alta	tolerante
2 - USP 14-01-20	médio	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
3 - USP 14-07-05	semitardio	média	ereta	bom	média	médio	média	tolerante
4 - USP 14-13-16	médio	média	ereta	médio	média	médio	média	tolerante
5 - PI 520733	precoces	baixa	ereta	ruim	baixa	baixo	baixa	tolerante
6 - IAC 100	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	baixo	média	moderadamente tolerante
7 - M-Soy 8001	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
8 - USP 70006	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
9 - USP 70057	semiprecoce	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
10 - USP 70004	precoces	média	ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante
11 - USP 70109	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
12 - USP 70080	semiprecoce	média	ereta	bom	alta	alto	alta	tolerante
13 - A 7002	semitardio	alta	ereta	bom	alta	alto	alta	suscetível
14 - USP 70123	semiprecoce	alta	semi-ereta	médio	alta	alto	alta	tolerante

¹Para identificar os cruzamentos, consultar as Tabelas 1 e 2.

Tabela 36 – Polimorfismo dos 25 locos SSR e seus respectivos grupos de ligação (GL) em 93 genótipos de soja. Soja, Piracicaba – SP, 2011

GL	Loco	Nº alelos	Diversidade Genética (He)		
			Pop. RR	Pop. RS	Pop. SS
A1	Satt 545	5	0,600	0,472	0,511
	Satt 599	2	0,123	0,511	0,499
C1	Satt 578	2	0,125	0,125	0,181
	Satt 277	3	0,032	0,420	0,069
C2	Satt 371	4	0,555	0,537	0,124
	Satt 307	7	0,608	0,595	0,633
	Satt 202	3	0,514	0,157	0,526
D1a	Satt 071	4	0,502	0,229	0,347
	Satt 574	2	0,095	0,510	0,002
D2	Satt 389	4	0,532	0,538	0,392
	Satt 226	4	0,183	0,538	0,094
	Satt 115	4	0,690	0,503	0,645
	Satt 163	3	0,484	0,178	0,463
	Satt 309	4	0,623	0,538	0,566
G	Satt 303	4	0,548	0,567	0,002
	Satt 324	4	0,128	0,583	0,502
	Satt 570	3	0,447	0,566	0,508
	Satt 038	4	0,124	0,633	0,613
H	Satt 222	3	0,473	0,515	0,658
	Satt 270	7	0,344	0,574	0,418
I	Satt 354	5	0,284	0,533	0,651
	Satt 239	4	0,245	0,185	0,701
L	Satt 166	3	0,152	0,606	0,541
N	Satt 080	4	0,498	0,537	0,607
	Satt 387	4	0,552	0,665	0,561
Média		3,84	0,378	0,473	0,433

Tabela 37 - Avaliação do desequilíbrio de ligação entre os pares de locos SSR por grupo de ligação em 93 genótipos de soja. Piracicaba – SP. 2011

GL	Distância genética entre os pares de locos (cM)			Total
	1 - 10	11 - 20	> 20	
A1	-	1	-	1
C2	1	2	2	5
D2	3	-	-	3
G	5	3	7	15
I	2	1	-	3
N	1	-	-	1
Total	12	7	9	28
r² médio	0,089	0,076	0,061	0,077

Tabela 38 – Valores de probabilidades significativas, pela análise de associação, de locos SSR associados aos caracteres teor de óleo e reação a PVR em 93 genótipos de soja. Piracicaba – SP. 2011

GL	Loco	Teor de Óleo	PVR
		(valor de P)	(valor de P)
C2	Satt 307	0,00017***	-
C2	Satt 277	-	0,0308*
G	Satt 038	-	0,0062**
N	Satt 080	0,00049***	-

*, ** e ***: significativo a 5%, 1% e 0,1%, respectivamente, pelo teste F.

Tabela 39 – Comparação entre os métodos de avaliação fenotípica e molecular para os caracteres TO e PVR em genótipos da população RR nos locos SSR significativos e associados. Soja. Piracicaba – SP. 2011

Critério de Seleção	Reação a PVR			Teor de óleo (TO)		
	Fenótipo	Locos SSR		Fenótipo	Locos SSR	
	tolerante	Satt 277	Satt 038	alto	Satt 307	Satt 080
Genótipos Avaliados	31	31	31	31	31	31
Gen. com característica superior	30	31 ¹	28 ¹	26 ¹	18 ¹	13 ¹
Seleção (%)	96,7	100	90,3	83,8	58,1	41,9

¹ número de genótipos com os alelos mais freqüentes na população RR.

Tabela 40 – Valores médios de reação a PVR nas populações RR e SS, para os alelos dos locos SSR Satt 277 e Satt 038, associados a PVR. Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2011

Locos ¹	População RR			População SS		
	Alelos ²	Média ³	Classe ⁴	Alelos ²	Média ³	Classe ⁴
Satt 277	194 ⁽³¹⁾	1,09 c	tolerante	191 ⁽²⁸⁾	1,81 b	moderamente tolerante
	-	-	-	266 ⁽³⁾	1,83 b	moderamente tolerante
	193 ⁽²⁸⁾	1,09 c	tolerante	190:196 ⁽¹¹⁾	1,86 b	moderamente tolerante
	196 ⁽³⁾	1,03 c	tolerante	196 ⁽⁸⁾	1,82 b	moderamente tolerante
Satt 038	-	-	-	193:196 ⁽⁵⁾	1,85 b	moderamente tolerante
	-	-	-	190 ⁽⁴⁾	1,67 b	moderamente tolerante
	-	-	-	190:193 ⁽³⁾	1,80 b	moderamente tolerante
	-	-	-	-	-	-

¹ refere-se aos loci associados ao caráter PVR.

² os números em parênteses referem-se ao número de progênies que possuem o alelo.

³ notas de severidade de sintomas de PVR nas raízes; letras iguais não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (p<0,05).

⁴ classificação de acordo com o teste de Scott e Knott apresentado na Tabela 34.

Tabela 41 – Valores médios de teor de óleo (TO) nas populações RR e SS, para os alelos dos locos SSR Satt 307 e Satt 080, associados ao TO. Soja, ESALQ, Piracicaba – SP, 2011

Locos ¹	População RR			População SS		
	Alelos ²	Média ³	Classe ⁴	Alelos ²	Média ³	Classe ⁴
Satt 307	190:202 ⁽⁹⁾	22,53 a	alto	172 ⁽¹⁰⁾	21,53 b	médio
	202 ⁽⁹⁾	22,79 a	alto	181 ⁽⁸⁾	19,69 c	baixo
	190 ⁽⁷⁾	22,40 a	alto	172:181 ⁽⁸⁾	20,59 b	médio
	202:214 ⁽³⁾	21,76 a	alto	190 ⁽²⁾	21,30 b	médio
	190:211 ⁽¹⁾	22,25 a	alto	181:193 ⁽²⁾	22,15 a	alto
	181:202 ⁽¹⁾	22,97 a	alto	202:214 ⁽¹⁾	23,17 a	alto
	211 ⁽¹⁾	22,54 a	alto	-	-	-
Satt 080	173 ⁽¹⁵⁾	22,32 a	alto	200 ⁽¹³⁾	21,42 b	médio
	197 ⁽⁸⁾	22,76 a	alto	173:200 ⁽⁷⁾	20,63 b	médio
	173:197 ⁽⁷⁾	22,70 a	alto	173 ⁽⁵⁾	20,72 b	médio
	173:200 ⁽¹⁾	21,57 a	alto	170 ⁽³⁾	21,60 b	médio
	-	-	-	170:200 ⁽²⁾	19,21 d	baixo
	-	-	-	170:173 ⁽¹⁾	17,69 d	baixo

¹refere-se aos loci associados ao caráter TO.

²os númros em parênteses referem-se ao número de progênies que possuem o alelo.

³notas de severidade de sintomas de PVR nas raízes; letras iguais não diferem entre si pelo teste de Scott e Knott (p<0,05).

⁴classificação de acordo com o teste de Scott e Knott apresentado na Tabela 34.

ANEXO B – Figuras

Figura 1 – Regressão linear entre o teor de óleo dos genitores do experimento da safra 2009/2010 avaliados tanto na metodologia Near InfraRed (NIR), quanto na metodologia de Ressonância Magnética (NMR). Soja, Piracicaba – SP, 2010

* Repetição K: K variando de 1 a 6

** 1 parcela = 12 plantas espaçadas de 0,80 m x 0,80 m

Foram avaliadas 864 plantas/Repetição

Figura 2 – Esquema de campo do experimento da geração F₂, em covas, realizado na ESALQ. Soja, Piracicaba – SP, safra 2008/2009

*Repetição K: K variando de 1 a 2

** Foram avaliadas 1960 progênies/Repetição

Figura 3 – Esquema de campo dos experimentos com progênies $F_{2,3}$ e com genitores, realizado na Estação Experimental Anhembi. Soja, Piracicaba – SP, safra 2009/2010

Figura 4 – Esquema do experimento com progênies $F_{2:4}$ e com genitores para avaliação da reação a PVR, realizado em casa-de-vegetação na ESALQ. Soja, Piracicaba – SP, 2010

a PVR*

Grupo 1: Genitores tolerantes a PVR*

Grupo 2: Genitores produtivos em óleo*

*Para identificar genitores dos grupos 1 e 2 consultar a Tabela 1.

Figura 5 – Regressão de W_i em função de V_i para o caráter número de dias para a maturidade (NDM) nos grupos 1 e 2 e análise de Jinks-Hayman do dialelo parcial 7 x 7 com 49 cruzamentos F_2 . Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

Grupo 1: Genitores tolerantes a PVR*

Grupo 2: Genitores produtivos em óleo*

*Para identificar genitores dos grupos 1 e 2 consultar a Tabela 1.

Figura 6 – Regressão de W_i em função de V_i para o caráter valor agrônomo (VA) nos grupos 1 e 2 e análise de Jinks-Hayman do dialelo parcial 7 x 7 com 49 cruzamentos F_2 . Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

Grupo 1: Genitores tolerantes a PVR*

Grupo 2: Genitores produtivos em óleo*

*Para identificar genitores dos grupos 1 e 2 consultar a Tabela 1.

Figura 7 – Regressão de W_i em função de V_i para o caráter produtividade de grãos (PG) nos grupos 1 e 2 e análise de Jinks-Hayman do dialelo parcial 7 x 7 com 49 cruzamentos F_2 . Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

*Para identificar genitores dos grupos 1 e 2 consultar a Tabela 1.

Figura 8 – Regressão de W_i em função de V_i para o caráter teor de óleo (TO) nos grupos 1 e 2 e análise de Jinks-Hayman do dialelo parcial 7 x 7 com 49 cruzamentos F_2 . Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

Grupo 1: Genitores tolerantes a PVR*

Grupo 2: Genitores produtivos em óleo*

*Para identificar genitores dos grupos 1 e 2 consultar a Tabela 1.

Figura 9 – Regressão de W_i em função de V_i para o caráter produtividade de óleo (PO) nos grupos 1 e 2 e análise de Jinks-Hayman do dialelo parcial 7 x 7 com 49 cruzamentos F_2 . Soja, ESALQ, 2010. Piracicaba – SP

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 10 – Dispersão das progênes $F_{2,3}$ e dos genitores para o número de dias para a maturidade. Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 11 – Dispersão das progênes F_{2:3} e dos genitores para o caráter altura da planta na maturidade (cm). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 12 – Dispersão das progênies F_{2:3} e dos genitores para o caráter acamamento (AC, notas de 1 a 5). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 13 – Dispersão das progênes $F_{2.3}$ e dos genitores para o caráter valor agrônomico (VA, notas de 1 a 5). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14, apresentados na Tabela 1.

Figura 14 – Dispersão das progênies $F_{2,3}$ e dos genitores para o caráter produtividade de grãos (g.m^{-2}). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 15 – Dispersão das progênies $F_{2,3}$ e dos genitores para o caráter teor de óleo (%). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 16 – Dispersão das progênes F_{2:3} e dos genitores para o caráter produtividade de óleo (g.m²⁻¹). Soja, Piracicaba – SP, 2010

*Genótipos de 1 a 49 compreendem os cruzamentos do dialelo 7x7 e genótipos de 50 a 63 referem-se aos genitores de 1 a 14 apresentados na Tabela 1.

Figura 17 – Dispersão das progênies $F_{2:3}$ e dos genitores para o caráter reação a PVR (notas). Soja, Piracicaba – SP, 2010

Figura 18 - Resultado da análise Bayseana de 93 acessos de soja por meio de 25 locos SSR indicando a formação de três grupos, aqui representados pelas barras azuis (população RR), barras vermelhas (população RS) e barras verdes (população SS). Soja, Piracicaba – SP, 2011

Figura 19 – Resultado do número provável de populações por meio de 25 locos SSR em uma amostra de 93 genótipos de soja. O maior valor da curva indica o número mais provável. Soja, Piracicaba – SP, 2011

Figura 20 – Padrão do desequilíbrio de ligação indicado pela correlação das frequências alélicas contra a distância genética (cM) entre os pares de locos. Soja, Piracicaba – SP, 2011