

**POTENCIALIDADE DE PROGÊNIES $F_{4:3}$ E $F_{5:3}$ DERIVADAS DE
CRUZAMENTOS EM CADEIA PARA PRODUTIVIDADE DE ÓLEO EM SOJA**

JOÃO TOMÉ DE FARIAS NETO

Engenheiro Agrônomo

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

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

PIRACICABA

Estado de São Paulo - Brasil

Dezembro - 1995

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
DIVISÃO DE BIBLIOTECA E DOCUMENTAÇÃO - Campus "Luiz de Queiroz"/USP

Farias Neto, João Tomé de

Potencialidade de progênies F4:3 e F5:3 derivadas de cruzamentos em
cadeia para produtividade de óleo em soja. Piracicaba, 1995.

153p.

Tese - ESALQ
Bibliografia.

1. Delineamento de experimento 2. Óleo de soja - Produtividade 3. Soja -
Melhoramento 4. Soja - Progênie - Cruzamento I. Escola Superior de Agricultura
Luiz de Queiroz, Piracicaba

CDD...633.34

**POTENCIALIDADE DE PROGÊNIES F_{4:3} E F_{5:3} DERIVADAS DE
CRUZAMENTOS EM CADEIA PARA PRODUTIVIDADE DE ÓLEO EM SOJA**

JOÃO TOMÉ DE FARIAS NETO

Aprovada em 07.02.1996

Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

ESALQ/USP

Prof. Dr. Roland Vencovsky

ESALQ/USP

Prof. Dr. Deonísio Destro

UEL/Londrina

Dr. Manoel Albino Coelho de Miranda

IAC/Campinas

Dr. Luciano Lourenço Nass

CENARGEN/EMBRAPA

7-1-1/115

Prof. Dr. Natal Antonio Vello

- Orientador -

Aos meus pais

João Tomé de Farias Filho

Zilma Carvalho da Conceição Farias

DEDICO

À minha esposa Analice,
aos meus filhos David,
Letícia e Camila

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- Desejamos expressar o reconhecimento de que apenas pela vontade de Deus foi realizado este trabalho e também expressar sinceros agradecimentos a todos aqueles que, de uma forma ou de outra, contribuíram para a execução do presente trabalho, em especial:

- Ao Prof. Dr. Natal Antonio Vello, pela orientação, ensinamentos, amizade e constante incentivo;

- À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA e à Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ, pela oportunidade de realizar o curso de pós-graduação;

- À minha esposa Analice e aos meus filhos David, Letícia e Camila pela compreensão, carinho, estímulo e apoio;

- Aos Docente do Departamento de Genética da ESALQ pelos ensinamentos recebidos;

- Ao CNPq, EMBRAPA, FAPESP e FINEP, pelo apoio financeiro aos projetos de pesquisa relacionados às diferentes fases que originaram esta tese;

- Ao Prof. Roland Vencovsky, Claudio Takeda e Daniel Furtado pelas sugestões e auxílio nas análises estatísticas;

- Aos funcionários do Laboratório de Soja, Antônio Roberto Cogo, Claudinei Antonio Didoné, José Roberto Alonso, Marcos Custódio Nekatschalow e Osmair José da Silva, pela cooperação nos trabalhos experimentais;

- Às funcionárias da Biblioteca do Departamento de Genética da ESALQ, Silvana Marchizelli Gregório e Aparecida Elizabeth Santos da Silva, pelo profissionalismo e amizade durante o curso;

- Aos colegas do grupo de soja Ângela Celis de Almeida Lopes, Dario Minoru Hiromoto, Francilene Leonel, Gilberto Ken-Iti Yokomizo, Joaquim Adelino de Azevedo Filho, José Baldin Pinheiro, Jorge R. Láinez Mejía, Juan Carlos Montaña-Velasco, Luís Fernando Alliprandini, Milton Krieger, Mônica Cagnin Martins, Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, Regina Lúcia Ferreira Gomes, Sérgio Augusto Morais Carbonell e Wagner Pereira Reis pela amizade, estímulo e companheirismo.

SUMÁRIO

RESUMO.....	ix
SUMMARY.....	xii
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	4
2.1. Melhoramento da soja visando teor de óleo.....	4
2.2. Intensidade de seleção, progresso genético e interação genótipo x ambiente	13
2.3. Delineamentos aumentados.....	15
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	21
3.1. Ambiente de condução dos experimentos.....	21
3.2. Obtenção do material experimental.....	22
3.3. Execução experimental.....	23
3.3.1. Geração $F_{4;3}$	23
3.3.2. Geração $F_{5;3}$	24
3.4. Análises estatístico-genéticas.....	26
3.4.1. Análises de variância.....	26

	vii
3.4.1.1. Geração $F_{4:3}$	26
3.4.1.2. Geração $F_{5:3}$	28
3.4.2. Critério de agrupamento de médias de SCOTT-KNOTT.....	30
3.4.3. Parâmetros genéticos.....	31
3.4.3.1. Geração $F_{4:3}$	31
3.4.3.1.1. Herdabilidade no sentido amplo e coeficientes de variação genética.....	31
3.4.3.1.2. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais.....	32
3.4.3.2. Geração $F_{5:3}$	33
3.4.3.2.1. Coeficientes de variação genética.....	33
3.4.3.2.2. Ganhos genéticos esperados com a seleção.....	34
3.4.3.3. Análises reunindo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$	35
3.4.3.3.1. Herdabilidade no sentido restrito.....	35
3.4.3.3.2. Associação entre as gerações.....	38
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	40
4.1. Análise de Variância.....	40
4.1.1. Geração $F_{4:3}$	40
4.1.2. Geração $F_{5:3}$	41

	viii
4.2. Avaliação geral dos parentais e das progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$	43
4.2.1. Número de dias para a maturidade e altura da planta na maturidade.....	44
4.2.2. Acamamento e valor agrônômico.....	50
4.2.3. Produtividade de grãos, teor de óleo e produtividade de óleo...	52
4.3. Agrupamento de médias pelo critério de Scott-Knott.....	58
4.4. Geração $F_{4:3}$	62
4.4.1. Herdabilidade no sentido amplo.....	62
4.4.2. Correlações entre caracteres.....	66
4.5. Análise reunindo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$	70
4.5.1. Herdabilidade no sentido restrito.....	70
4.5.2. Associação entre as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$	75
4.6. Geração $F_{5:3}$	78
4.6.1. Ganhos genéticos com a seleção.....	78
 5. CONCLUSÕES.....	 82
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	84
TABELAS.....	101
FIGURAS.....	141
APÊNDICE.....	149

**POTENCIALIDADE DE PROGÊNIES $F_{4:3}$ E $F_{5:3}$ DERIVADAS DE
CRUZAMENTOS EM CADEIA PARA PRODUTIVIDADE DE ÓLEO EM SOJA**

Autor: JOÃO TOMÉ DE FARIAS NETO

Orientador: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

RESUMO

Progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ provenientes de duas séries de cruzamentos em cadeia envolvendo 40 parentais foram avaliadas com a finalidade de determinar o potencial genético das mesmas, visando a prática de seleção para aumento do teor e produtividade de óleo em soja. Na cadeia mista, cada um dos 20 cruzamentos envolveu um parental adaptado e um exótico. Na cadeia adaptada, todos os 20 parentais eram genótipos adaptados.

A avaliação experimental dos parentais, testemunhas e das progênies foi realizada em Piracicaba-SP (Latitude 22°42' Sul) nos anos agrícolas 1991/92 e 1992/93. Foi utilizado o delineamento em blocos aumentados, sendo a parcela experimental representada por uma fileira de 2,0 x 0,6 m. Foram avaliadas 60 progênies/cruzamento $F_{4:3}$, totalizando 2400 progênies; um total de 2000 progênies $F_{5:3}$ foram testadas,

correspondendo a 50 progênies/cruzamento. Foram avaliados os seguintes 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 nas sementes (%OL) e produtividade de óleo (PO).

Os resultados das análises de variância permitiram concluir que o delineamento em blocos aumentados apresentou precisão semelhante comparativamente a outros delineamentos, visto que os coeficientes de variação experimental obtidos estão dentro dos limites aceitáveis e encontrados em pesquisa com soja.

A alta significância encontrada para tratamentos regulares (progênies) nas análises de variância e a constatação de variabilidade remanescente após a seleção para os caracteres avaliados, permitem antever progressos com práticas seletivas. Na avaliação de PG, o cruzamento EMGOPA-301 x IAC-9 mostrou ótimo desempenho produtivo, com progênies aptas a participarem de testes de produtividade visando a liberação de novos cultivares e/ou servirem de parentais para um novo ciclo de seleção. Quanto ao caráter %OL, os cruzamentos FT81-2129 x Cobb, Cobb x BR-8 e BR 80-15725B-s x Planalto-s apresentaram as maiores médias.

Tanto em $F_{4,3}$ quanto em $F_{5,3}$, as estimativas de média e variância foram geralmente superiores para a cadeia adaptada, exceto para o caráter %OL, que apresentou médias semelhantes nas duas cadeias e variâncias superiores na cadeia mista.

As estimativas dos coeficientes de correlação genética foram positivas e altas entre os caracteres NDM, APM, Ac, VA, PG e PO. Entre esses caracteres e %OL, a correlação genética foi praticamente nula, indicando que a seleção para o

acrécimo na média de um carácter poderá ou não alterar a média do outro. As maiores estimativas médias dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo ocorreram nos caracteres NDM, Ac, VA e %OL; já os caracteres PG ($h^2 = 30\%$) e PO ($h^2 = 34\%$) apresentaram as menores estimativas. Os ganhos esperados com intensidades variáveis de seleção foram semelhantes para PG e PO e, também, superiores ao obtido para %OL.

**POTENTIALITY OF F_{3:4} AND F_{3:5} PROGENIES DERIVED
FROM CHAIN CROSSES FOR SOYBEAN OIL YIELD**

Author: JOÃO TOMÉ DE FARIAS NETO

Adviser: Prof. Dr. NATAL ANTONIO VELLO

SUMMARY

Progenies F_{3:4} and F_{3:5} from two series of chain crosses involving 40 parents were evaluated in order to have their genetical potential determined to increase both content and yield of soybean oil. In the mixed chain of 20 crosses, each cross involved one adapted and one exotic parent. In the adapted chain of 20 crosses, all the 20 parents were adapted genotypes.

The experimental evaluation of parents, checks and progenies was accomplished in Piracicaba, SP (Latitude 22° 42' South) in the 1991/92 and 1992/93 seasons. An augmented block design was performed and the experimental plot was represented by a 2.0 x 0.6 m row. Sixty F_{3:4} progenies per cross, totaling 2400 progenies, were evaluated; a total of 2000 F_{3:5} progenies, corresponding to 50 progenies per cross were tested. The following characters were evaluated: number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (APM), lodging (Ac), agronomic value (AV), grain yield (PG), seed oil content (%OL), and oil yield (PO).

The results of the analysis of variance showed that the augmented block design presented similar accuracy in comparison with other designs since the coefficients of the experimental variation obtained were within acceptable limits and compatible with those found in researches with soybean.

The high significance found for regular treatments (progenies) in the variance analyses and the remaining variability verified after selection for the evaluated characters indicate the possibility to obtain progress through selective practices. For the PG evaluation, EMGOPA-301 x IAC-9 cross showed the best yield performance, having progenies liable to participate in tests of agronomic performance aiming the release of new cultivars and/or to be used as parents in a new selection group. The FT 81-2129 x Cobb, Cobb x BR-8 and BR 80-15725B-s x Planalto-s crosses presented highest averages for %OL.

In $F_{3:4}$ and $F_{3:5}$ generations, the mean and variance estimates were generally greater in the adapted chain, except for the %OL, which character showed similar means in both chains and superior variances in the mixed chain.

Estimates of the genetic correlation coefficients were positive and high between NDM, APM, Ac, VA, PG, and PO. Between these characters and %OL the correlations were practically null, thus, indicating that selection for increasing mean of a character will or not induce any change in the mean of another character. The highest mean estimates of the coefficient of heritability in a broad sense was observed for NDM, APM, Ac, VA and %OL. For PG ($h^2 = 30\%$) and PO ($h^2 = 34\%$), the lowest estimates were found. The expected gain with variable selection intensities were similar for PG and PO, and both were greater than the gain obtained for %OL.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a mais importante leguminosa cultivada no mundo, graças aos seus altos teores de proteína (aproximadamente 40%) e de óleo comestível (aproximadamente 20%). No Brasil, sua expansão em área e produção, foi acentuada nas duas últimas décadas passando a constituir uma das principais alavancas do progresso na agroindústria brasileira no período, caracterizando-se como importante fator de renda interna e representando, através do complexo grão-farelo-óleo, mais de 20% do total das exportações dos produtos básicos brasileiros. Nesse sentido, constitui-se na principal fonte de receita cambial do setor agropecuário, ao lado do café.

A rápida expansão do cultivo da soja no Brasil, pode ser visualizada pela evolução da área cultivada que passou de 1,2 milhão de hectares em 1970 para cerca de 8,8 milhões em 1980, correspondendo a uma taxa anual de crescimento de 22,01%. No início da década de 80, a expansão da produção e da área cultivada tiveram continuidade, porém, a um ritmo significativamente mais lento. Com relação à produção, verificou-se um crescimento substancial, passando de 1,5 milhão de toneladas em 1970 para 15 milhões em 1980 e alcançando em 1992 um total de 20 milhões correspondendo a um aumento de 1.333% em duas décadas (VASCONCELOS, 1994) e representando 92% da produção total de oleaginosas.

A demanda de soja e outras leguminosas tem origem nos seus dois produtos originários do esmagamento, ou seja, o óleo e o farelo. Embora o óleo seja um importante produto do complexo das leguminosas, o principal responsável pelo crescimento da produção desses vegetais tem sido os farelos protéicos. A sua relação direta com o consumo de carnes, principalmente de aves e suínos, comprova que a demanda desse produto é derivada da demanda mundial de carnes.

A sustentação da demanda de soja e outras leguminosas depende também, embora em menor escala, da demanda mundial de óleos vegetais comestíveis. A participação média do óleo de soja no mercado mundial de óleos comestíveis é de 27,5%. De modo semelhante ao ocorrido nos mercados de grãos e farelo, os Estados Unidos lideram a produção, sendo o Brasil o segundo maior produtor mundial. A participação brasileira nas exportações do óleo de soja é, no entanto, relativamente pequena, pois grande porção do produto é consumida no mercado interno.

Em condições brasileiras, são raras as informações experimentais que possam subsidiar programas de melhoramento genético que visam incrementar o teor de óleo em soja. A busca dessas informações é de extrema importância, haja vista que em condições tropicais e subtropicais o potencial de produção de óleo de soja pode ser otimizado, pois, nessas condições os cultivares apresentam teor de óleo mais elevado. Dentro desse contexto, há perspectivas positivas do aumento da participação da soja brasileira num futuro próximo no mercado mundial de óleo, ofertando grande parte do produto que a demanda mundial irá requerer.

Diferenças genéticas entre cultivares de soja têm sido detectadas quanto ao teor de óleo, fato este que abre possibilidade de sucesso na seleção para alterar esse caráter. Nas condições brasileiras, estudos realizados com diversos genótipos adaptados e exóticos de soja, evidenciaram alguns materiais promissores para utilização em programas de melhoramento, visando aumentar o teor de óleo nos grãos. A utilização de germoplasma exótico em populações adaptadas visando melhorar caracteres quantitativos é um assunto de grande interesse (VELLO, 1985).

Dentre as várias linhas de pesquisas envolvendo a cultura da soja, encontra-se em andamento no Departamento de Genética da ESALQ/USP, programa de melhoramento cujo objetivo envolve a formação de população com base genética ampla, por meio da introdução de germoplasma exótico e, simultaneamente, a identificação de linhagens superiores quanto à produtividade de óleo, na população sob seleção (VELLO, 1992).

De acordo com o exposto, este trabalho visa dar continuidade ao programa de melhoramento da soja em andamento no Departamento de Genética da ESALQ/USP, tendo como objetivos específicos:

- a) avaliar o potencial genético das gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ ao nível de campo, para fins de melhoramento quanto à produtividade de óleo e outros caracteres de valor agrônômico.
- b) estimar parâmetros genéticos ao nível de cruzamentos para os caracteres agrônômicos.
- c) determinar em laboratório o teor de óleo em sementes F_5 e F_6 em espectrômetro de ressonância nuclear magnética (NMR).
- d) identificar e selecionar as progênes que apresentem boa produtividade de óleo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Melhoramento visando o teor de óleo em soja

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma planta anual pertencente à família **Leguminosae**, subfamília **Papilionoideae** e subgênero **Soja** (Moench) F.J. Herm. Conta com $2n = 4x = 40$, possui flores hermafroditas pequenas e se reproduz por autofecundação natural. Apresenta pouca dificuldade em cruzamentos com a espécie ancestral selvagem *G. soja*, que também é anual (Fehr, 1980)¹, citado por VELLO (1985).

HYMOWITZ (1970) admite que a soja tornou-se planta cultivada por volta do século XI A.C., provavelmente na região nordeste da China. Foi introduzida nos Estados Unidos em 1804, onde se tornou economicamente importante a partir da década de 1950-59. A primeira notícia da soja no Brasil data de 1892, quando Gustavo D'utra introduziu alguns cultivares e os estudou na Bahia. Em 1892, Daffert iniciou o estudo da soja em São Paulo. No Rio Grande do Sul, a primeira informação data de 1901. Em Minas Gerais, os estudos com soja foram iniciados pela Escola Superior de Agricultura de Lavras, em 1908.

¹ FEHR, W.R. Soybean. In: FEHR, W.R. & HADLEY, H.H., ed. **Hybridization of crops plants**. Madison, American Society of Agronomy, 1980. p.589-99.

No Brasil, apesar da expansão de cultivo verificado durante as décadas de 30 a 60, foi somente a partir da década de 1970-79 que o cultivo da soja tornou-se expressivo, colocando o Brasil como segundo produtor mundial de grãos de soja.

Mundialmente é a espécie de maior importância entre as leguminosas, em função do alto teor de proteína, cuja única deficiência (aminoácidos sulfurados: metionina, cistina) é facilmente contornável e ao teor moderado de óleo bem adequado para fins alimentícios e industriais.

A composição do óleo de soja, segundo WILCOX (1989) mostra que 86% são representados pelos ácidos graxos insaturados oléico (22%), linoléico (56%) e linolênico (8%) sendo que o restante corresponde aos ácidos graxos saturados palmítico (11%) e esteárico (3%). O alto conteúdo de ácido linolênico, ausente em quantidade significativa em outros óleos, tem sido associado ao aroma desagradável e a instabilidade, caracterizada pela reversão do aroma durante o armazenamento (DUTTON et al., 1951; SMOUSE & CHANG, 1967; SMOUSE, 1979). Os menores teores de ácido linolênico (4,2%) encontrados em genótipos existentes em coleções de germoplasma têm níveis superiores aos 2% encontrados nos óleos nobres em qualidade como o milho, girassol e arroz.

Sucessos em reduzir o teor de ácido linolênico têm sido obtidos em programas de melhoramento que utilizam: (a) recombinação de genótipos com teores mais baixos de ácido linolênico e seleção de segregantes transgressivos (WHITE et al., 1961; WILSON et al., 1981; entre outros); (b) indução de mutação por etilmetanosulfonato (HAMMOND & FEHR, 1983; WILCOX & CAVINS, 1985). A

herança do conteúdo de ácido linolênico depende dos genótipos utilizados como parentais. WILCOX & CAVINS (1985) relatam que a redução do ácido linolênico no mutante C 1640 é controlada por genes principais. Por outro lado, GRAEF et al. (1988) demonstraram que este caráter apresenta herança típica de caráter quantitativo.

Programas de melhoramento genético visando aumento do teor de óleo em soja tiveram significativo avanço após a criação da técnica de avaliação do teor de óleo em espectrômetro de ressonância nuclear magnética (NMR), a qual permite avaliar com precisão grande número de genótipos num tempo relativamente pequeno e, principalmente, por ser uma técnica não destrutiva, possibilitando a utilização das sementes analisadas para o próximo ciclo de seleção.

No melhoramento de plantas é importante o conhecimento de como as interações genótipos x fatores bióticos ou abióticos interferem na expressão de um caráter. Dados relatados por HOWELL & COLLINS (1957), COLLINS & SEDGWICK (1959), MAINI & BAINS (1965), TEIXEIRA et al. (1979 a,b) e CIANZIO et al. (1985) mostram variações nos teores de óleo, proteína, ácidos graxos e carboidratos nas sementes de soja em função de locais, cultivares, adubação química, anos agrícolas, tipos de solo e práticas culturais. MASCARENHAS et al. (1981), relataram que a superioridade em teor de óleo encontrada é decorrente da interferência da acidez no processo simbiótico de fixação de nitrogênio. Estes autores relatam aumento do teor de proteína com conseqüente diminuição dos teores de ácidos graxos, com o aumento das dosagens de calcário.

Há um consenso geral entre os melhoristas de plantas de que o teor de óleo nas sementes de soja é controlado principalmente por genes localizados na planta-mãe das sementes (herança nuclear materna) (BRIM et al., 1968; SINGH & HADLEY, 1968; MIRANDA et al., 1984). Tal fato, se por um lado inviabiliza a seleção para teor de óleo dentro da planta machoestéril, ao nível de semente, mesmo que cada semente apresente constituição genética diferente, por outro lado, viabiliza a seleção entre plantas machoestéreis (MIRANDA, 1994).

A variação genética propicia ao melhorista subsídios na tomada de decisões durante o planejamento e condução dos programas de melhoramento. Auxilia também na escolha da população base e no método de seleção, permitindo inclusive avaliações para definir a viabilidade da continuação de um programa em andamento (HALLAUER & MIRANDA FILHO, 1988).

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 & WEBER (1956), que isolaram os componentes da variação genética através das gerações segregantes do cruzamento envolvendo duas linhagens homozigóticas. As estimativas obtidas mostraram que a maior parte da variância genética é aditiva. Trabalhos posteriores como os de GATES et al. (1960), BRIM & COCKERHAM (1961), HANSON & WEBER (1962), usando o mesmo método para separação dos componentes da variação genética, também indicaram uma preponderância da variação genética aditiva, com contribuição menor da variação genética epistática.

A utilização de retrocruzamentos, em associação com a geração F_2 , como método para separação dos componentes da variação genética foi relatada por SINGH & HADLEY (1968), que constataram que 85% da variabilidade da geração F_2 foi representada pelos efeitos genéticos e que o modelo considerando apenas a variação genética aditiva explicou 60% de toda a variação genética presente.

No Apêndice 1 encontram-se as estimativas da variabilidade genética para o teor de óleo em soja. Nota-se que, de um modo geral, as estimativas apresentam uma boa concordância. As diferenças encontradas podem ser devidas ao método analítico, material genético, ambiente, procedimento experimental, entre outros. Entretanto, estas estimativas indicam que a variação genética aditiva é o principal componente da variabilidade genética para o teor de óleo em soja.

Os valores encontrados na literatura para as estimativas de herdabilidade no sentido amplo variam de 12% a 93% com valores médios oscilando de 49,7% a 82% (WEBER & MOOTHY, 1952; JOHNSON et al. (1955); HANSON & WEBER, 1962; KNOW & TORRIE, 1964; SHORTER et al., 1976; BONETI, 1978; MONTEVERDE (1984); OPENSHAW & HADLEY, 1984; McKENORY & McVETTY, 1985; ZIMBACK, 1992; PHUL & SHARMA, 1993; MONTAÑO-VELASCO, 1994).

Para a herdabilidade no sentido restrito, os valores variam de 1% a 86%, com valores médios apresentando intervalo de variação de 43% a 76,6% (Apêndice 2). De acordo com essas estimativas, nota-se que os valores médios de herdabilidade para o teor de óleo em soja podem ser considerados como médios a altos

e superiores aos encontrados para a produtividade de grãos, o que permite a obtenção de progresso com a seleção fenotípica.

Outro aspecto de fundamental importância no melhoramento de plantas e que deve merecer atenção especial dos melhoristas, envolve o estudo das correlações. As informações disponíveis sobre as estimativas de correlação em soja, apontam para uma correlação negativa pronunciada entre os teores de óleo e de proteínas (JOHNSON et al., 1955; JOHNSON & BERNARD, 1962; KNOW & TORRIE, 1964; THORNE & FEHR, 1970; SHORTER et al., 1976; BRIM & BURTON, 1979; WILCOX, 1985). A estimativa obtida entre esses caracteres foi de -0,60 (SMITH & CIRCLE, 1978). Isto indica claramente a remota possibilidade de desenvolver, através dos métodos convencionais de melhoramento, genótipo com altos teores de óleo e proteína. De fato, MILLER & FEHR (1979), através da seleção recorrente, estimaram o percentual no decréscimo do teor de óleo via seleção para aumento de proteína. Em apenas um ciclo de seleção detectaram incremento de 1,5% na média do conteúdo de proteína e redução de 0,7% no teor de óleo. Estima-se que, para cada dois pontos percentuais de acréscimo no conteúdo de proteína, corresponda uma redução de um ponto percentual no teor de óleo (JOHNSON, 1961).

Número de dias para o florescimento (NDF), período reprodutivo (PR) e peso de cem sementes (PCS) são caracteres correlacionados positivamente com o teor de óleo (%OL) (WILCOX, 1985; ZIMBACK, 1992). Entretanto, resultados contrastantes envolvendo esses caracteres são encontrados na literatura. WEBER & MOOTHY (1952), estudando três populações de soja, constataram correlações fenotípicas (r_F) e

genotípicas (r_G) negativas entre %OL e NDF, número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) em todas as populações; entre %OL e produtividade de grãos (PG), as r_F e r_G foram negativas em duas populações e entre PR e %OL apresentaram valores negativos em uma população. Associações entre %OL e NDF e NDM variaram de acordo com o cruzamento e locais de avaliação (SHORTER et al., 1976). Em condições brasileiras, FONTES et al. (1980) em Minas Gerais encontraram correlações negativas entre %OL e NDF, NDM e PG.

Estudo desenvolvido por ZIMBACK (1992) em Piracicaba-SP, envolvendo progênies F_2 provenientes de 40 cruzamentos em soja, detectou correlações negativas de pequena magnitude (-0,30) entre %OL e acamamento (Ac), altura da planta no florescimento (APF), APM e valor agrônômico (VA). Valores próximos a zero foram verificados entre %OL e VA e APM. Correlações envolvendo %OL e PG foram negativas ($r_G = -0,07$). O caráter produtividade de óleo (PO) mostrou-se positivamente correlacionado com PG, VA, Ac, APF, APM e NDF, porém com %OL mostrou ausência de correlação.

Dando continuidade ao trabalho de ZIMBACK (1992), MONTAÑO-VELASCO (1994) estudou as progênies F_3 encontrando r_G e r_F negativas de pequena magnitude entre %OL e NDF, APF, NDM, Ac e PR. Correlações positivas, porém de pequena magnitude foram detectadas entre %OL e PG. Envolvendo os caracteres PO e APF, NDM, APM, Ac e VA, as r_G e r_F foram positivas e altas ($> 0,70$); entre PO e PG, as correlações tiveram magnitudes elevadas ($r_G = r_r = 0,99$) indicando forte interferência do caráter PG em PO.

A metodologia clássica de melhoramento visando incrementar o teor de óleo em soja, envolve a hibridação de dois genótipos superiores e seleção na população segregante sendo o método genealógico o mais usado. Os ganhos esperados e/ou observados no teor de óleo em um ciclo de seleção variaram de 0,7% a 1,0%, dependendo da magnitude da variação genética e do método de seleção usado (JOHNSON et al., 1955; BRIM & COCKERHAM, 1961; THORNE & FEHR, 1970). Por outro lado, BRIM (1973) relata que a média de aumento no teor de óleo em cultivares do sul dos Estados Unidos foi de 1,0% durante a década de 1960-70 e de 0,6% nos cultivares do norte. Esse pequeno incremento, reflete a importância secundária dada para esse caráter e/ou a base genética estreita dos parentais usados nos programas de melhoramento. Esse segundo fator é de máxima importância, pois segundo HIROMOTO & VELLO (1986) a base genética entre os cultivares americanos e os nacionais é praticamente a mesma, o que diminui também as chances de sucesso para aumento do teor de óleo em condições brasileiras.

A preocupação com a restrição da base genética da soja, sobre a qual se pratica melhoramento é preocupante, uma vez que quase todos os cultivares obtidos por melhoramento apresentam grande similaridade com a sua genealogia. A utilização de germoplasma exótico em programas de melhoramento é um mecanismo de elevado potencial para aumentar a variabilidade genética das populações. SANTOS (1985) e NASS (1992) em milho, VELLO (1985), ZIMBACK (1994) e MONTAÑO-VELASCO (1994) em soja, apresentam definições, utilização, potencialidades e metodologias desenvolvidas para o aproveitamento de germoplasmas exóticos em programas de melhoramento genético.

Uma estratégia que os melhoristas passaram a adotar no desenvolvimento de novos cultivares possuidores de caracteres quantitativos desejáveis, como o alto teor de óleo, envolve o uso da seleção recorrente. De acordo com BURTON & BRIM (1981) o uso dessa seleção, aliado à machoesterilidade, é promissor no melhoramento desse caráter, por duas razões: a) o caráter ser determinado pelo parental feminino, o que possibilita avaliar a performance de plantas machoestéreis; b) um pequeno número de sementes é necessário na determinação do teor de óleo através da técnica de ressonância nuclear magnética (NMR), o que é particularmente importante visto que plantas machoestéreis produzem número reduzido de sementes. Esses autores, empregando a seleção recorrente, detectaram incremento significativo no teor de óleo em três ciclos de seleção, sendo que em cada ciclo empregou-se conjuntamente a seleção entre e dentro de progênies de meio-irmãos.

No Brasil, o Instituto Agronômico de Campinas iniciou, em 1989, o processo seletivo no composto IAC-1 visando incrementar o teor de óleo por meio da seleção recorrente com o uso da machoesterilidade (MIRANDA, 1994).

Um sistema de seleção recorrente para maior teor de óleo em soja está sendo aplicado pelo Departamento de Genética, em Piracicaba. Em linhas gerais, esse sistema envolve a síntese de uma população com base genética ampla, a ser utilizado em programa de seleção recorrente para aumentar a expressão dos dois caracteres concomitantemente: teor de óleo e produtividade de grãos (VELLO, 1992).

Em suma, nota-se que os estudos genéticos envolvendo o caráter teor de óleo são raros. Informações experimentais são necessárias de modo a servirem de

subsídio no planejamento e condução de programas de melhoramento genético, que visam incrementar o teor de óleo, principalmente nas condições brasileiras.

2.2. Intensidade de seleção, progresso genético e interação genótipo x ambiente

O sucesso de um programa de melhoramento genético está na dependência da presença da variabilidade genética e da capacidade de se identificar genótipos superiores na população sob seleção. A seleção a ser praticada depende dessa variabilidade que, estimada por parâmetros genéticos, permite fundamentar os trabalhos de melhoramento em bases mais sólidas.

O efeito da seleção sobre a estrutura genética de uma população depende da precisão das estimativas das médias das progênies avaliadas, das frequências gênicas dos caracteres selecionados e da intensidade de seleção. Evidentemente, quanto maior a intensidade de seleção, maior será o progresso e, conseqüentemente, mais rapidamente é exaurida a variabilidade genética, caracterizando um programa de melhoramento a curto prazo.

De grande importância para o melhoramento de plantas é o conhecimento de como as interações genótipos x ambientes afetam os progressos por seleção. Por exemplo, com qual extensão pode-se prever as conseqüências da seleção em um ambiente e a resposta em outro ambiente relacionado, e quais as modificações que devem ser feitas em um programa de melhoramento visando selecionar para ampla adaptação, adaptação restrita ou baseada no comportamento médio de vários ambientes? (PERKINS & JINKS, 1971; JINKS & CONNOLLY, 1973).

Segundo COMSTOCK & MOLL (1963) a interação genótipos x ambientes tem como um dos efeitos reduzir a correspondência entre o fenótipo e o genótipo, fazendo com que as inferências sobre eles tornem-se complexas, comprometendo o progresso esperado com a seleção. VENCOVSKY (1973) apresentou, didaticamente, algumas dificuldades na avaliação de genótipos: i) elevado número de genótipos disponíveis; ii) grau de diferença fenotípica entre os genótipos; iii) tipo de ação gênica; iv) efeito ambiental e v) frequência genotípica.

A magnitude da interação genótipos x ambientes dependerá dos materiais genéticos avaliados e das condições ambientais em que esses materiais serão testados. VENCOVSKY (1987) destaca que a interação genótipos x ambientes é devida à diferença na variabilidade genética do material dentro dos ambientes; também é devida à falta de correlação entre o material genético, de um ambiente para outro. Entende-se que pode haver interação mesmo na presença de alta correlação.

Várias estratégias têm sido propostas no sentido de reduzir a interação genótipos x ambientes. TAI (1971) sugeriu que o controle da interação genótipos x ambientes poderia ser feito pela subdivisão de uma área heterogênea em sub-regiões mais homogêneas. Porém, a subdivisão da área pode ser pouco eficiente, em virtude das interações de genótipos x anos. Com a interação genótipos x anos, pode ocorrer que com uma alta intensidade de seleção, os genótipos promissores num determinado ano tenham uma adaptação muito específica para as condições ambientais do ano e do local em que se realizou a seleção. Nesse contexto, a seleção dos poucos genótipos mais produtivos poderá resultar em um progresso inferior ao esperado (PATERNIANI & MIRANDA FILHO, 1978).

Em relação ao que foi exposto, muitos melhoristas preferem empregar intensidades de seleção mais brandas, caracterizando um programa a longo prazo, de modo a aumentar as chances de que o progresso obtido com a seleção em um ambiente possa ser extrapolado para outras regiões e para os anos subseqüentes.

Em soja, JOHNSON et al. (1955) e ALLARD & BRADSHAW (1964) enfatizaram a importância da interação genótipos x ambientes no desenvolvimento de cultivares e seu efeito na seleção de genótipos superiores de soja, e determinaram que a altura da planta e o teor de óleo nas sementes eram mais consistentes do que a produtividade de grãos em diversos ambientes.

Estimativa da interação genótipos x anos obtida por KNOW & TORRIE (1964), foi maior do que a interação genótipos x locais para a maioria dos caracteres, especialmente a produtividade de grãos, sendo que a baixa estimativa da herdabilidade deste caráter foi devida, em grande parte, a alta interação genótipos x anos.

2.3. Delineamentos aumentados

O desenvolvimento de cultivares produtivos e possuidores de caracteres agronômicos desejáveis se constitui em meta principal dos programas de melhoramento, sendo necessário para atingir tal meta, extensivos testes das linhagens experimentais ao nível de campo.

É comum nas fases iniciais de programas de melhoramento genético de plantas, o pesquisador planejar experimentos com a inclusão de um número

relativamente grande de tratamentos a serem avaliados. A dificuldade em conseguir áreas relativamente homogêneas, de modo a promover comparações mais precisas entre os tratamentos e os altos custos na implantação e condução são alguns fatores limitantes deste tipo de experimento.

O delineamento experimental em blocos completos casualizados proposto por FISHER (1925), tem sido de grande valia para os estudiosos das mais diversas áreas do conhecimento. No tocante à pesquisa agropecuária, sua aplicação é comprovada pela extensa literatura existente. De certo modo, seu emprego pode ser justificado pela grande simplicidade e alta eficiência.

No entanto, se por um lado os blocos completos casualizados são recomendáveis, por outro eles podem apresentar o inconveniente de fugir ao controle do experimentador. Em experimentos com número de tratamentos relativamente grande, como neste estudo, a perda de eficiência desse tipo de delineamento está diretamente associada ao tamanho dos blocos.

Outro fator limitante normalmente presente em programas de melhoramento genético, que pode inviabilizar o emprego desse delineamento, é a escassez de sementes de cada genótipo.

Diante das inconveniências apresentadas, FEDERER (1956) desenvolveu uma classe de delineamentos experimentais conhecida por "delineamentos aumentados", num programa de seleção de novos clones de cana-de-açúcar no "Hawaiian Sugar Planter's Association".

A expressão delineamento experimental aumentado foi definida por FEDERER (1961) como um delineamento padrão qualquer (inteiramente casualizados,

blocos completos casualizados, quadrado latino e outros) onde novos tratamentos são adicionados sem repetição.

Estes esquemas apresentam dois grupos de tratamentos:

a) tratamentos comuns, que são repetidos j vezes e estão presentes em todos os blocos.

Entende-se por tratamentos comuns, aqueles genótipos que apresentam comportamentos já conhecidos e atuarão como controles ou testemunhas para os tratamentos regulares ou novos que se têm interesse em testar.

b) tratamentos regulares, que aparecem uma única vez em todo o experimento.

Delineamentos aumentados permitem avaliar um número elevado de genótipos sem repetição e conseqüentemente, ocupam área menor, possibilitando que um número maior de genótipos seja testado em uma área de terreno previamente fixada; número grande de genótipos em teste, é um fator de máxima importância para aumentar as chances de sucesso em programas de melhoramento. Todavia, conforme salientado por BEARZOTI (1994) esses esquemas provocam aumento do erro padrão das médias. Com base neste fato, é aconselhável o emprego de um delineamento aumentado somente nas fases iniciais de um programa de melhoramento genético e associado a pressões de seleção brandas, visto que em gerações mais avançadas as linhagens experimentais deverão ser avaliadas através de experimentos com repetição.

Uma característica inerente do delineamento blocos completos aumentados é que o número de tratamentos adicionais ou regulares pode variar dentro dos blocos. Em outras palavras, não há restrições quanto ao tamanho dos blocos que pode variar ao longo do experimento. Tal propriedade confere uma grande flexibilidade

ao modelo, pois a análise de variância não é prejudicada pela perda de tratamentos regulares (BEARZOTI, 1994). Além disso, o número de tratamentos regulares não obedece a um número fixo de tratamentos como verificado nos delineamentos blocos incompletos balanceados (BIB), blocos incompletos parcialmente balanceados (PBIB) e látice.

FEDERER & RAGHAVARAO (1975) apresentaram as expressões das estimativas dos contrastes para efeitos de tratamentos comuns, para efeitos de tratamentos regulares e para efeitos de tratamentos comuns versus tratamentos regulares.

Análise conjunta de experimentos em blocos aumentados foi apresentada por NOGUEIRA (1976). Cada experimento apresentou os mesmos $t = c + z$ tratamentos distribuídos em r blocos onde os c tratamentos, tidos como comuns aparecem nos r blocos e os z tratamentos tidos como regulares foram incluídos uma única vez em um dos r blocos. Nessa pesquisa, o autor apresenta expressões para efeito de tratamentos e soma de quadrados.

Em seu estudo, SILVA (1987) determinou para a análise de covariância: o sistema de equações normais, as estimativas dos efeitos dos parâmetros, as somas de quadrados e suas esperanças matemáticas e também as distribuições das formas quadráticas.

Em cana-de-açúcar, VIZONI (1984) estudou o emprego do delineamento em blocos aumentados com parcelas subdivididas no tempo. No desenvolvimento da metodologia, o autor considerou c tratamentos comuns dispostos em b blocos, z tratamentos regulares que aparecem uma única vez em todo o experimento

e v anos. De modo a facilitar o tratamento algébrico, considerou iguais o número de parcelas e sub-parcelas por bloco. Sob essas condições, foram determinados: sistema de equações normais, somas de quadrados dos parâmetros, as matrizes de dispersão e os critérios para as comparações múltiplas pelo teste de Tukey. Empregando dados experimentais, o autor concluiu que: a) a análise de variância de delineamentos aumentados no esquema de parcelas subdivididas no tempo é perfeitamente viável; b) a análise deve ser feita após o teste de homogeneidade e uniformidade de variâncias; e c) quando os tratamentos regulares aparecem somente uma vez em todo o experimento os resíduos podem ser obtidos por meio dos valores singulares da matriz uniforme ou através de uma análise feita somente com os tratamentos comuns ou através do modelo adotado.

Sobre a eficiência do experimento em blocos aumentados em relação ao látice, BEARZOTI (1994) concluiu que: a) de maneira geral os delineamentos em látice e em blocos aumentados apresentaram coeficientes de variação semelhantes; b) o delineamento em blocos aumentados foi mais eficiente que o látice em relação ao custo, visto que demandou uma área experimental 28% menor, com uma redução proporcional dos insumos; c) o delineamento em blocos aumentados conferiu maiores facilidades de planejamento e condução através de maior flexibilidade quanto ao número de tratamentos e sem comprometer a análise estatística pelo descarte de perda ou parcelas.

As estimativas para comparação de tratamentos delineados em blocos aumentados baseia-se apenas na informação intrabloco que, como o próprio nome indica, é a informação obtida através de comparações entre os valores em parcelas de um mesmo bloco. A aplicação de testes de médias e a obtenção de parâmetros genéticos

usando médias não ajustadas, não é uma prática correta, devido à presença de diferenças entre blocos. Recentemente, MOMENTÉ (1994) apresentou a expressão para o cálculo da estimativa do quadrado médio do resíduo efetivo. O autor apresentou ainda a análise em blocos aumentados, usando médias de tratamentos ajustados e como resíduo, o erro efetivo. Este procedimento permite estimar os parâmetros genéticos com maior precisão.

Até o presente momento, não foi demonstrada a maneira de como aproveitar a informação sobre efeito de tratamentos contida nas comparações entre totais de blocos, denominada de informação interblocos. A análise da variância em blocos aumentados com a recuperação da informação interblocos deverá conferir estimativas mais precisas, relativamente à análise intrablocos.

Mais recentemente, MARCOS (1994) desenvolveu metodologia de análise de grupos de experimentos em blocos aumentados por meio do pacote computacional SAS.

Os trabalhos de NOGUEIRA (1976) e MARCOS (1994) têm uma limitação em comum: os tratamentos e ambientes são ortogonais entre si. Trata-se, portanto, de uma situação em que nem todos os tratamentos ocorrem nos vários locais, o que é comum em programas de melhoramento de plantas, e que merece ser pesquisada.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Ambiente de condução dos experimentos

As progênies $F_{4;3}$ e $F_{5;3}$ foram avaliadas durante os anos agrícolas de 1991/92 e 1992/93, respectivamente, em área experimental pertencente ao Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" (ESALQ) da Universidade de São Paulo (USP).

Piracicaba situa-se a $22^{\circ} 42' 30''$ de latitude Sul, $47^{\circ} 39' 00''$ de longitude Oeste e altitude de 540 m acima do nível do mar. O solo da área é do tipo terra roxa estruturada série "Luiz de Queiroz". Dados fornecidos pelo Departamento de Física e Meteorologia da ESALQ/USP, referente às temperaturas, umidades relativas médias, total de precipitação pluvial e fotoperíodo durante as fases experimentais encontram-se nos Apêndices 3 e 4. Fazendo-se a comparação dos dados apresentados nos Apêndices 3 e 4, nota-se que a temperatura média, mínima e máxima e a umidade relativa variaram muito pouco nos meses considerados entre os dois anos agrícolas. A precipitação pluvial, no entanto, mostrou tendência de aumento no ano de 1992/93.

3.2. Obtenção do material experimental

Utilizaram-se nos experimentos, progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ oriundas de 40 cruzamentos de soja. A obtenção das progênies foi iniciada no ano agrícola de 1987/88. Inicialmente, os 40 genótipos parentais (Apêndice 5) foram divididos em dois grupos de 20 genótipos, de modo a formar dois grupos de cruzamentos biparentais em cadeia circulante conforme proposto por LONNQUIST (1961). O primeiro grupo de genótipos foi composto por 10 genótipos exóticos e 10 genótipos adaptados, originando uma cadeia de cruzamento chamada mista, pois todas as combinações híbridas resultantes apresentam 50% de genes exóticos. O segundo grupo de cruzamentos em cadeia envolveu 20 genótipos adaptados, dando origem à cadeia de cruzamento adaptado.

Todos os parentais fazem parte da coleção de genótipos do Setor de Genética Aplicada às Espécies Autógamas do Departamento de Genética da ESALQ/USP e foram selecionados por serem possuidores de caracteres altamente desejáveis, como alto teor de óleo e produtividade de grãos satisfatória (exóticos) e alta produtividade de grãos e teor de óleo satisfatório (adaptados) detectados em experimentos conduzidos em Piracicaba, pela diversidade genética, avaliada por meio das genealogias (VELLO, 1992; ZIMBACK, 1992) e pela presença de genes para resistência a doenças (p.ex. nematóide de cisto, cancro da haste, mancha olho-de-rã; VELLO, 1995).

As gerações F_1 e F_2 foram conduzidas e estudadas por ZIMBACK (1992); a geração F_3 foi avaliada por MONTAÑO-VELASCO (1994); as gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ são objeto de estudo da presente pesquisa.

3.3. Execução experimental

3.3.1. Geração F_{4,3}

As progênies F_{4,3} foram avaliadas no ano agrícola de 1991/92, no Campo Experimental do Areão, Piracicaba-SP, pertencente à ESALQ/USP. A semeadura ocorreu em 3-12-91, sendo semeadas 2400 progênies (60 progênies/cruzamento), 40 parentais e as testemunhas (os cultivares: IAS-5, IAC-8, IAC-Santa Maria 702 e Cristalina). Foi empregado o delineamento em blocos aumentados, com as progênies e as testemunhas arranjadas em cinco blocos experimentais (Figura 1, página 142). Cada bloco compreendeu 12 progênies de cada cruzamento, perfazendo um total de 480 progênies/bloco, sendo que as progênies de cada cruzamento nos blocos foram arranjadas de tal forma a compor um conjunto de 12 progênies contínuas. As testemunhas obedeceram igual arranjo nos blocos. Os parentais foram avaliados em bloco adicional juntamente com as testemunhas, totalizando seis blocos em todo o experimento. As parcelas experimentais foram representadas por uma fileira de 2 metros lineares, espaçadas de 60 centímetros.

A semeadura foi efetuada após preparo do solo, por meio de uma aradura e duas gradagens. A adubação foi feita diretamente no sulco, por ocasião da semeadura, aplicando-se 25 g por metro linear da fórmula 4-20-20. Para assegurar boa nodulação, fez-se inoculação das sementes no momento da semeadura com inoculante comercial *Bradyrhizobium japonicum*.

A densidade de semeadura correspondeu a 30 sementes por metro linear. Durante o período experimental, sempre que necessário, foram realizadas irrigações por aspersão e o controle de pragas e plantas daninhas.

Após a obtenção dos dados experimentais, foi realizada uma seleção das melhores progênies $F_{4:3}$, sendo que os critérios mais importantes empregados conjuntamente foram: teor de óleo, produtividade de grãos e valor agrônômico. A intensidade de seleção empregada foi diferente para cada cruzamento, de modo que todos aqueles cruzamentos que não atingiram 50 progênies selecionadas, foram complementados com progênies superiores selecionadas em um experimento paralelo denominado "avanço", contendo progênies excedentes dos cruzamentos.

3.3.2. Geração $F_{5:3}$

As progênies $F_{5:3}$, selecionadas em $F_{4:3}$, foram avaliadas no ano agrícola de 1992/93 no Campo Experimental do Departamento de Genética da ESALQ/USP. A semeadura ocorreu em 02-12-1992, sendo semeadas 2000 progênies $F_{5:3}$ (50 progênies/cruzamento), 40 parentais e as testemunhas (cultivares: Bossier, UFV-4, IAC-Santa Maria 702, e IAS-5). As progênies foram delineadas em experimento de blocos aumentados, sendo cada bloco representado por 40 progênies e as quatro testemunhas, totalizando desse modo, 44 parcelas experimentais por bloco (Figura 1, página 142). Os parentais foram avaliados em bloco adicional, juntamente com as testemunhas, perfazendo um total de 51 blocos em todo o experimento.

O tamanho da parcela experimental, bem como todos os procedimentos adotados na instalação e condução do experimento, foram idênticos aos empregados na avaliação da geração $F_{4,3}$.

Em cada experimento foram tomados os dados de sete caracteres, conforme descrição que se segue:

- **Número de dias para a maturidade (NDM)**: efetuado pela contagem em dias a partir da data da semeadura até a data em que 50% das plantas da parcela apresentavam 95% das vagens maduras (Estádio R_8 da escala de FEHR & CAVINESS, 1977);
- **Altura da planta na maturidade (APM)**: obtida em uma única planta representativa da parcela; a altura de planta foi medida em centímetros da superfície do solo até o ápice da haste principal, avaliada no estágio R_8 ;
- **Acamamento (Ac)**: avaliado na maturidade. Para esse caráter foi usada uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas na parcela) a 5 (todas as plantas prostradas na parcela);
- **Valor agronômico (VA)**: avaliado na maturidade por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (ruim) a 5 (excelente); representa um conjunto de caracteres adaptativos: quantidade de vagens formadas, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento, altura da planta e retenção foliar na maturidade;
- **Produtividade de grãos (PG)**: obtido em gramas após a trilhagem das plantas e secagem dos grãos;

- **Teor de óleo (%OL)**: caráter expresso em porcentagem e quantificado por meio da técnica de análise de sementes no espectrômetro de ressonância nuclear magnética (NMR), utilizando-se uma amostra de aproximadamente 17 sementes inteiras, após período de 24 horas em câmara seca; detalhes sobre esta técnica de quantificação do teor de óleo em soja foram apresentados por MONTAÑO-VELASCO (1994);

- **Produtividade de óleo (PO)**: obtido em gramas, multiplicando-se o teor de óleo pela produtividade de grãos de cada parcela.

No Apêndice 6 estão mencionados os caracteres com as abreviaturas e as unidades empregadas.

3.4. Análises estatístico-genéticas

3.4.1. Análises de variância

3.4.1.1. Geração $F_{4,3}$

Para cada caráter avaliado estimaram-se as médias ajustadas, variâncias fenotípicas e o intervalo de variação das progênes de cada cruzamento. Para os parentais e testemunhas, estimou-se apenas a média. A estimação das médias ajustadas das progênes por cruzamento foi feita através da média aritmética, após o ajuste; o ajuste foi efetuado para todos os caracteres ao nível de fileiras dentro de cada bloco, sendo o valor ajustado obtido como se segue:

$$Y_{aj} = Y + (\bar{Y}_T - \bar{Y}_B), \quad \text{onde}$$

Y_{aj} : valor ajustado do caráter;

Y : valor observado do caráter na fileira;

Y_T : valor médio observado do caráter envolvendo todas as testemunhas do experimento;

Y_B : valor médio observado do caráter nas testemunhas em cada bloco.

Na estimação da variância fenotípica entre progênies dentro de cada cruzamento, considerou-se a variância ponderada pelo número de progênies ($p = 1, \dots, n$, sendo $n =$ até 12 progênies) em cada bloco. Cada variância fenotípica entre progênies dentro de cada bloco ($B = 1, 2, 3, 4, 5$) foi estimada de maneira usual, ou seja:

$$S_B^2 = \frac{\sum (Y_B - \bar{Y}_B)^2}{n - 1}$$

As análises de variância com os dados originais foram realizadas inicialmente entre e dentro de testemunhas de cada bloco de acordo com os procedimentos comuns a um delineamento inteiramente casualizado (Tabela 1). Os quadrados médios foram examinados quanto à homogeneidade, obedecendo-se ao critério de relação máxima igual a quatro para o quociente entre a maior e a menor variâncias residuais (BOX, 1954). A seguir, realizou-se análise de variância conjunta reunindo as testemunhas nos diferentes blocos (Tabela 2). A última etapa envolveu a obtenção da análise de variância das progênies e testemunhas (Tabela 3), utilizando-se o seguinte modelo matemático:

$$Y_{ijk} = u + b_j + t_{i(j)} + p_{k(ij)} + e_{ijk}$$

sendo:

Y_{ijk} : observação da progênie k do tratamento i, no bloco j;

u : média geral;

b_j : efeito do bloco j;

$t_{i(j)}$: efeito do tratamento i, dentro do bloco j;

$p_{k(ij)}$: efeito da progênie k do tratamento i, dentro do bloco j;

e_{kij} : erro experimental associado a progênie k do tratamento i, no bloco j.

A soma de quadrados de blocos foi decomposta em:

G: efeito de grupos (tratamentos regulares, não repetidos);

R: efeito de repetições (tratamentos comuns ou testemunhas repetidas).

A soma de quadrados de tratamentos dentro dos blocos foi decomposta em:

C/G: efeito dos cruzamentos dentro dos grupos;

T/R: efeito das testemunhas dentro das repetições;

C vs T: cruzamentos versus testemunhas.

Assim, a obtenção da análise de variância envolvendo as progênies $F_{4:3}$ e testemunhas, seguiu o esquema apresentado na Tabela 3.

3.4.1.2. Geração $F_{5:3}$

As médias ajustadas, variâncias fenotípicas e o intervalo de variação foram estimadas para cada cruzamento com os caracteres estudados na geração $F_{5:3}$. O ajuste e a estimação das médias ajustadas seguiu o mesmo procedimento relatado em 3.4.1.1. A estimação da variância fenotípica entre progênies dentro de cada cruzamento ($S_c^2 = S_{C1 \times 2}^2, S_{C2 \times 3}^2, \dots, S_{C40 \times 21}^2$, sendo que o número máximo de progênies por

cruzamentos = 50), foi feita empregando-se as médias ajustadas, obedecendo-se a expressão usual:

$$S_C^2 = \frac{\sum (Y_C - \bar{Y}_C)^2}{n - 1}$$

Na análise de variância em blocos aumentados utilizou-se o programa computacional "MAPGEN" desenvolvido por FERREIRA (1993)¹. Para todos os caracteres avaliados, o modelo matemático utilizado foi:

$$Y_{ij} = u + b_j + t_i + e_{ij} ,$$

sendo:

Y_{ij} : observação do tratamento i no bloco j ;

u : média geral;

b_j : efeito do bloco j ($j = 1, 2, \dots, J$), aleatório;

t_i : efeito do tratamento i ($i = 1, 2, \dots, I$), o qual é decomposto em efeitos entre tratamentos regulares dentro de blocos (R/B), entre tratamentos comuns (T) e R/B vs T;

e_{ij} : erro experimental associado à parcela do bloco j que recebeu o tratamento comum ou o tratamento regular dentro de blocos.

O esquema da análise de variância está apresentado na Tabela 4, juntamente com as frações relativas aos testes F.

MOMENTÉ (1994) cita que para a melhoria na precisão das estimativas dos parâmetros genéticos, a partir das médias ajustadas, é necessário estimar o quadrado médio do resíduo efetivo, o qual foi estimado de acordo com a expressão seguinte:

¹ "MAPGEN" não publicado. Daniel Furtado Ferreira, Professor do Departamento de Ciências Exatas da Universidade Federal de Lavras (UFLA).

$$QM \text{ do Resíduo Efetivo} = \frac{(\sum_{i=1}^B P_{1i} \cdot \sigma_1^2 + \sum_{j < j'}^B P_{2jj'} \cdot \sigma_2^2)}{(\sum_{i=1}^B P_{1i} + \sum_{j < j'}^B P_{2jj'})}$$

sendo:

B : número de blocos;

P_{1i} : número de combinações dos tratamentos regulares no bloco i tomados dois a dois;

$P_{2jj'}$: número de combinações possíveis entre os tratamentos regulares de um bloco j qualquer com os tratamentos regulares de um bloco j', tomados dois a dois;

σ_1^2 : variância entre tratamentos regulares do mesmo bloco;

σ_2^2 : variância entre tratamentos regulares de blocos diferentes.

3.4.2. Critério de agrupamento de médias de SCOTT-KNOTT

Sendo detectadas diferenças significativas para vários caracteres nas gerações $F_{4;3}$ e $F_{5;3}$ através do teste "F", aplicou-se o critério de agrupamento de médias de SCOTT-KNOTT (1974). Segundo PACOVA (1992), tal critério é indicado para detectar diferenças entre grupos de médias de tratamentos para delineamentos balanceados, em especial, nos casos em que se compara grande número de genótipos. O método consiste essencialmente no processo hierárquico ou ramificado, no qual n médias de tratamentos são divididas em dois grandes grupos, sendo em seguida cada grupo subdividido em dois subgrupos e, assim por diante, caracterizando um processo contínuo de divisões, pelo qual cada subgrupo contém padrões de similaridade mútua do conjunto de dados. O processo de subdivisões é encerrado quando a diferença entre dois subgrupos não for significativa.

3.4.3. Parâmetros genéticos

3.4.3.1. Geração F_{4:3}

3.4.3.1.1. Herdabilidade no sentido amplo e coeficientes de variação genética

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo para cada cruzamento. Para cada caráter estudado, com base no esquema da Tabela 5, estimou-se o coeficiente de herdabilidade no sentido amplo (h^2), fazendo-se:

$$\begin{aligned} \text{Cruzamento 1 x 2} : h^2_{1x2} &= \frac{QM_4 - QM_{44}}{QM_4} \times 100 \\ &\vdots \\ \text{Cruzamento 40 x 21} : h^2_{40x21} &= \frac{QM_{43} - QM_{44}}{QM_{43}} \times 100 \end{aligned}$$

Ainda com base no esquema da Tabela 5, foram estimados os coeficientes de variação genética (CVg) envolvendo todos os cruzamentos. Para isso, fez-se:

$$CV_g = \frac{\sqrt{QM_3 - QM_{44}}}{m} \times 100$$

sendo:

m : média geral ajustada do caráter.

3.4.3.1.2. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais

KEMPTHORNE (1969) cita que a correlação entre dois caracteres (X, Y) é determinada pela relação entre a covariância entre as duas variáveis e a raiz quadrada do produto entre as variâncias de cada variável, ou seja:

$$r(X,Y) = \frac{CÔV_{(X,Y)}}{[V_{(X)} \cdot V_{(Y)}]^{\frac{1}{2}}}$$

Com base nessa expressão e no esquema da Tabela 6, estimaram-se as correlações descritas a seguir:

. Correlação Fenotípica (r_F)

$$r_F = \frac{CÔV_{F(X,Y)}}{[V_{F(X)} \cdot V_{F(Y)}]^{\frac{1}{2}}}$$

sendo:

$CÔV_{F(X,Y)}$ = estimador da covariância fenotípica entre os caracteres X e Y; e

$V_{F(X)}$ e $V_{F(Y)}$ = estimadores das variâncias fenotípicas dos caracteres X e Y.

. Correlação Genotípica (r_G)

$$r_G = \frac{CÔV_{G(X,Y)}}{[V_{G(X)}^2 \cdot V_{G(Y)}^2]^{\frac{1}{2}}}$$

sendo:

$CÔV_{G(X,Y)}$ = estimador da covariância genotípica entre os caracteres X e Y; e

$V_{G(X)}$ e $V_{G(Y)}$ = estimadores dos componentes quadráticos associados às variabilidades genotípicas dos caracteres X e Y.

. Correlação Ambiental (r_E)

$$r_E = \frac{C\hat{O}V_{E(X,Y)}}{[V_{E(X)} \cdot V_{E(Y)}]^{\frac{1}{2}}}$$

sendo:

$C\hat{O}V_{E(X,Y)}$ = estimador da covariância ambiental entre os caracteres X e Y; e

$V_{E(X)}$ e $V_{E(Y)}$ = estimadores das variâncias de ambiente dos caracteres X e Y.

3.4.3.2. Geração $F_{5:3}$

3.4.3.2.1. Coeficientes de variação genética

Os efeitos da seleção praticada em $F_{4:3}$ foram estimados pela diferença entre os coeficientes de variação ocorrida de $F_{4:3}$ para $F_{5:3}$.

Os componentes necessários para o cálculo do coeficiente de variação genética para cada caráter avaliado em $F_{5:3}$, foram estimados a partir da análise de variância cujo esquema é baseado na Tabela 7 e representado de forma resumida a seguir:

Fontes de Variação	QM	E(QM)
Progênes/Cruzamentos	QM ₃	$\sigma_e^{2'} + \sigma_{g:cn}^2$
Resíduo efetivo	QM ₄₄	$\sigma_e^{2'}$

sendo:

QM_3 : quadrado médio de progênies/cruzamentos obtido com as médias ajustadas, sem inclusão dos tratamentos comuns;

QM_{44} : quadrado médio do resíduo efetivo;

σ_e^2 : variância do resíduo efetivo;

$\sigma_{g:cn}^2$: componentes quadrático da variação entre progênies dentro dos n cruzamentos, sendo $n = 40$

Dessa forma, os coeficientes de variação genética foram estimados pela seguinte expressão:

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{QM_3 - QM_{44}}}{m} \times 100$$

sendo:

m : média geral ajustada do caráter.

3.4.3.2.2. Ganhos genéticos esperados com a seleção

A comparação entre médias para a determinação dos diferenciais de seleção foi feita a partir das médias ajustadas para os caracteres produtividade de grãos (PG), teor de óleo (%OL) e produtividade de óleo (PO).

Foram adotados valores de intensidade de seleção variáveis para os cálculos relativos dos diferenciais de seleção e ganhos esperados: 5% (85 progênies),

10% (170 progênies) e 20% (340 progênies). As intensidades de seleção 5%, 10% e 20% simulam programas de melhoramento no curto, médio e longo prazos, respectivamente.

Três tipos de diferenciais de seleção foram calculados: ds_1 , representado pela diferença do caráter em questão entre as médias das progênies selecionadas e a média de todas as progênies antes da seleção; ds_2 , tendo como referência a média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UFV-4; ds_3 , estimado somente para o caráter %OL, tendo como referência a média da testemunha comum UFV-4 (alto teor de óleo).

De posse dos diferenciais de seleção (DS) e dos componentes dos quadrados médios para cada caráter estimados com base na Tabela 7, foram calculados os valores do ganho genético esperado com a seleção (G_s) entre progênies. Para isso, fez-se:

$$G_s = ds \cdot \frac{QM_3 - QM_{44}}{QM_3} = ds \cdot h^2$$

sendo:

ds : diferencial de seleção

h^2 : herdabilidade no sentido amplo

O ganho genético esperado, expresso em porcentagem, foi calculado pelas seguintes expressões:

$$G_{s1}\% = \frac{G_s}{\bar{X}_{POP}} \times 100$$

sendo:

X_{POP} : média do caráter nas progênieas antes da seleção.

$$G_{32}\% = \frac{G_s}{\bar{X}_{TC}} \times 100$$

sendo:

X_{TC} = média do caráter nas testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UFV-4.

$$G_{33}\% = \frac{G_s}{\bar{X}_{UFV-4}} \times 100$$

sendo:

X_{UFV-4} : média do caráter na testemunha comum UFV-4.

3.4.3.3. Análises reunindo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$

Os dados da geração F_3 foram obtidos de MONTAÑO-VELASCO (1994); dados das gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ foram obtidos conforme anteriormente relatado.

3.4.3.3.1. Herdabilidade no sentido restrito

O método de estimação da herdabilidade no sentido restrito por cruzamento baseou-se na regressão parental-descendente (b) proposto por SMITH & KINMAN (1965) considerando-se o coeficiente de parentesco (f_{XY}) envolvido, pela aplicação da fórmula:

$$h_r^2 = \frac{b}{2f_{XY}}$$

e padronizando-se:

$$h_{r'}^2 = \frac{b'}{2f_{XY}} = \frac{(\sigma_Y / \sigma_X)b}{2f_{XY}}$$

conforme preconizam FREY & HORNER (1957). Esses autores recomendam o uso do coeficiente de regressão padronizado (b'), isto é, a razão entre os desvios padrões das gerações X e Y (σ_Y/σ_X) multiplicada pelo coeficiente de regressão, em situação envolvendo avaliações de gerações em épocas distintas, como na presente pesquisa (plantas F_3 avaliadas no ano agrícola 1990/91, progênies $F_{4:3}$ avaliadas em 1991/92 e progênies $F_{5:3}$ em 1992/93), de modo a corrigir possíveis problemas de diferenças nas variâncias das populações segregantes decorrentes de diferentes efeitos ambientais.

Desse modo, a estimação da herdabilidade utilizou as fórmulas dadas acima, sendo:

h_r^2 e $h_{r'}^2$ = estimativas da herdabilidade no sentido restrito;

b = estimador do coeficiente de regressão da média das plantas ou progênies da geração Y sobre plantas ou progênies da geração anterior X;

b' = estimador do coeficiente de regressão da média das plantas ou progênies da geração Y sobre plantas ou progênies da geração anterior X, em unidades de desvio-padrão; e

f_{XY} = estimador do coeficiente de parentesco entre as gerações X e Y, sendo $f_{XY} = 1/2(1 + F_y)$ em que F_y corresponde ao coeficiente de endogamia da geração parental.

No caso presente, tem-se:

$$F_{(F_3)} = 3/4 \text{ e}$$

$$F_{(F_{4:3})} = 7/8, \text{ assim:}$$

$$f(F_{4:3}, F_3) = 1/2(1 + 3/4) = 7/8; \text{ e}$$

$$f(F_{5:3}, F_{4:3}) = 1/2(1 + 7/8) = 15/16; \text{ portanto:}$$

$$h_r^2 = \frac{b}{2f(F_{4:3}, F_3)} = \frac{b}{2(7/8)} \quad e$$

$$h_r^2 = \frac{b}{2f(F_{5:3}, F_{4:3})} = \frac{b}{2(15/16)} \quad \text{desse modo}$$

$$h_r^2 = (4/7) b \quad e \quad h_r'^2 = (4/7) b' = (4/7) (\sigma_3 / \sigma_{4:3}) b$$

correspondem à herdabilidade no sentido restrito envolvendo as gerações F_3 e F_4 . A partir das gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$, tem-se:

$$h_r^2 = (8/15) b \quad e \quad h_r'^2 = (8/15) b' = (8/15) (\sigma_{4:3} / \sigma_{5:3}) b$$

3.4.3.3.2. Associação entre as gerações

Procedimentos eficientes de seleção efetuados durante as gerações iniciais de forma a permitir que apenas genótipos superiores sejam levados até a fase de testes de linhagens, são de grande valia no melhoramento de plantas, por tornarem os programas menos onerosos.

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 os caracteres promissores para realizar seleção em fases iniciais de um programa. Mesmo na ausência de interação genótipos x ambientes, estimativa positiva de correlação é esperada mesmo se na geração parental a variabilidade genotípica for pequena.

Desse modo, foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson (r_p) e os de ordem ("rank") de Spearman (r_s) entre as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ para todos os caracteres estudados. O método de estimação desses coeficientes bem como os respectivos testes "t" de significância basearam-se na recomendação de STEEL & TORRIE (1980).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de Variância

4.1.1. Geração F_{4,3}

Os valores e significâncias dos quadrados médios (teste F) detectados na análise de variância, as médias ajustadas e os coeficientes de variação experimental para os caracteres números de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), teor de óleo nos grãos (%OL), produtividade de grãos (PG) e produtividade de óleo (PO) são apresentados na Tabela 8.

Conforme pode ser observado, os coeficientes de variação experimental (CVe's) oscilaram de 1% (NDM) até 20,3% (PG) indicando ótima precisão experimental. Vale ressaltar que, teoricamente, essas estimativas podiam ser consideradas como subestimadas, visto que o erro experimental foi estimado a partir somente dos tratamentos comuns (Testemunhas). Entretanto, comparando-se as estimativas dos CVe's obtidas nessa pesquisa com as obtidas por ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994) que utilizaram delineamento em blocos ao acaso,

verificou-se que as estimativas foram similares para todos os caracteres, mesmo para aqueles de natureza complexa como %OL, PG e PO.

Ao nível de cruzamentos foram observadas diferenças altamente significativas para todos os sete caracteres avaliados, indicando que houve um comportamento diferencial entre os cruzamentos dentro dos diferentes grupos. Estes resultados mostram considerável variação existente entre os cruzamentos, o que já era esperado visto que envolve um grande número de cruzamentos, além do fato de que a seleção dos parentais levou em consideração também a diversidade genética existente entre eles, maior adaptação e potencial produtivo.

Ao nível de progênes dentro dos cruzamentos, o qual foi testado com o quadrado médio do resíduo médio obtido da análise da variância envolvendo só as testemunhas, foram detectadas diferenças altamente significativas para todos os caracteres. Tais resultados indicam ampla variação genética existente entre as progênes utilizadas, fato este confirmado quando se observa o gráfico de dispersão das progênes para os caracteres PG, %OL e PO (Figuras 2, 3 e 4; páginas 143 a 145).

Observa-se ainda, na Tabela 8, que as testemunhas apresentam comportamento diferenciado para todos os caracteres, evidenciado pela significância ao nível de 1% de probabilidade dos quadrados médios.

4.1.2. Geração $F_{5,3}$

Os valores e significâncias dos quadrados médios (teste F) detectados na análise de variância em blocos aumentados, as médias ajustadas e os coeficientes de

variação experimental para os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), teor de óleo nos grãos (% OL), produtividade de grãos (PG) e produtividade de óleo (PO) são apresentados na Tabela 9.

Os valores estimados dos coeficientes de variação experimental estão dentro dos limites aceitáveis da experimentação agrícola, pois variaram de 3,6% (%OL) até 21,1% (PO). Novamente, observou-se grande semelhança entre as estimativas dos coeficientes de variação experimental obtidos nas gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ (delineamento em blocos aumentados) com as obtidas nas gerações F_2 (ZIMBACK, 1992) e F_3 (MONTAÑO-VELASCO, 1994) com o uso do delineamento blocos ao acaso. Esta constatação assume grande importância quando se considera que, nas fases iniciais do programa de melhoramento, normalmente, poucas sementes estão disponíveis. Também há limitação de espaço, tempo e mão-de-obra. Nestas condições, o uso do delineamento em blocos aumentados pode ser útil e interessante ao melhorista de plantas.

Nota-se que, ao nível de tratamentos ajustados, foram constatadas diferenças altamente significativas para todos os caracteres. O desdobramento dos quadrados médios de tratamentos ajustados indicam diferenças entre tratamentos regulares (progênies) para o carácter %OL ao nível de 5% de probabilidade e para NDM, APM, Ac, VA, PG e PO ao nível de 1% de probabilidade. As significâncias dos teste F evidenciam a grande variação presente, fato confirmado pela ampla dispersão observada entre as progênies para os caracteres PG, %OL e PO (Figuras 5, 6 e 7; páginas 146 a 148), indicando possibilidades de resultados promissores pela seleção de linhagens superiores entre as progênies.

Entre as testemunhas, foram detectadas diferenças altamente significativas para todos os caracteres. As comparações entre testemunhas e tratamentos regulares/bloco (T vs R/B) apresentaram significância ao nível de 1% de probabilidade.

4.2. Avaliação geral dos parentais e das progênes $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$

As estimativas de médias ajustadas, variâncias fenotípicas e intervalos de variação das progênes nas gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ 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 nos grãos (%OL) e produtividade de óleo (PO) encontram-se nas Tabelas 10 a 16. Para os parentais estimaram-se apenas as médias em cada ano de experimentação.

A visualização total dos dados dos caracteres estimados nas gerações $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ mostram algumas tendências com relação à média, variância e intervalo de variação. Com relação à média geral, envolvendo todos os cruzamentos e a média de cada cruzamento, nota-se uma tendência na geração $F_{5:3}$ de maiores valores para APM, Ac, VA, PG e PO, em função da seleção praticada em $F_{4:3}$ principalmente sobre os caracteres VA, PG e %OL. Para os caracteres NDM e %OL praticamente não ocorreram variações de uma geração para outra. A geração $F_{5:3}$ também mostrou uma tendência de maiores variâncias fenotípicas e intervalo de variação nos cruzamentos em relação à geração $F_{4:3}$. Esta tendência de aumento na variabilidade entre as progênes dentro dos cruzamentos, com conseqüente diminuição da variabilidade dentro da progê-

nie à medida em que se avança nos ciclos de endogamia, evidencia que as progênes estão alcançando a homogeneidade fenotípica como esperado, aumentando desse modo as chances de se detectar segregantes transgressivos para os diversos caracteres.

4.2.1. Número de dias para a maturidade e altura da planta na maturidade

Estimativas de médias, variâncias fenotípicas e intervalos de variação para número de dias para a maturidade (NDM) e altura da planta na maturidade (APM) das progênes $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ são apresentados nas Tabelas 10 e 11, respectivamente. Com relação ao caráter NDM (Tabela 10), para o primeiro ano de experimentação (1991/92), os parentais apresentaram vários grupos de maturação, com intervalo de variação de 130 a 162 dias. Os parentais mais precoces foram PI 371.610 e Jackson 4028-s com 130 dias. Já os parentais mais tardios foram IAC-9 e IAC-6 com 150 dias; UFV-Araguaia, Paranagoiana, EMGOPA-301, Cristalina-s e UFV-4 com 155 dias; e BR-11 com 162 dias.

No segundo ano de experimentação (1992/93) ocorreu um intervalo de variação de 130 a 160 dias, verificando-se uma diminuição média de três dias (Tabela 10) no ciclo das plantas em relação ao ano anterior, além do fato de que 19 parentais apresentaram 130 dias para a maturidade. Em 1992/93, os parentais mais tardios foram: Paranagoiana, IAC-6 e IAC-9 com 150 dias; UFV-4, Cristalina-s, BR-9 e UFV-Araguaia com 155 dias; BR-11 e EMGOPA-301 com 160 dias. É fácil notar que os parentais adaptados de uma maneira geral foram mais tardios que os exóticos.

Ao nível de cruzamentos, observa-se que para NDM, a média geral dos 40 cruzamentos na geração $F_{4,3}$ foi de 142 dias. O intervalo de variação entre os cruzamentos foi, em média, de 133 a 154 dias. O cruzamento mais precoce foi verificado entre N-82-2764-s x SOC 81-127-s com média de 133 dias, apresentando porém pequena variância (18 dias²) e não diferindo de acordo com o critério de agrupamento de médias de SCOTT-KNOTT (Tabela 19) a 5% de probabilidade dos seguintes cruzamentos:

SOC 81-127-s	x	Wright	: 134 dias
FT 81-2706	x	PI 371610	: 135 dias
Paraná-s	x	Kirby	: 135 dias
GO 81-8491	x	BR 80-15725-B-s	: 135 dias
FT 79-3408	x	Ax 5355-s	: 136 dias
FT-8	x	OC 79-7	: 136 dias
Wright	x	SOC 81-76	: 137 dias
SOC 81-76	x	Foster	: 137 dias
FT-2	x	N 82-2764-s	: 138 dias

todos apresentando pequenas magnitudes de variâncias.

O cruzamento mais tardio foi EMGOPA-301 x IAC-9, com média de 154 dias, diferindo dos demais cruzamentos. Destaque especial deve ser dado ao cruzamento BR-11 x FT-8 que apresentou média de 147 dias e alta variância (50 dias²). ZIMBACK (1992) na geração F_2 e MONTAÑO-VELASCO (1994) na geração F_3 ,

também verificaram a superioridade das estimativas de médias e variâncias envolvendo este cruzamento. Destaca-se ainda a ocorrência de um agrupamento estatístico para precocidade com os seguintes cruzamentos:

N 82-2764-s	x	SOC 81-127-s	: 133 dias
SOC 81-127-s		x Wright	: 134 dias
FT 81-2706	x	PI 371.610	: 135 dias
Paraná-s	x	Kirby	: 135 dias
FT 79-3408	x	Ax 5355-s	: 136 dias
GO 81-8491	x	BR 80-15.725-B-s	: 136 dias
FT-8	x	OC 79-7	: 136 dias
Wright	x	SOC 81-76	: 137 dias
SOC 81-76		x Foster	: 137 dias
Foster	x	FT 79-3408	: 142 dias

Quanto à geração $F_{5,3}$, a média geral de NDM envolvendo os 40 cruzamentos foi de 141 dias, semelhante ao observado na geração anterior (Tabela 10). O cruzamento FT 81-2706 x PI 371610 foi o mais precoce, com 131 dias, não diferindo de outros 23 cruzamentos (Tabela 20). O cruzamento EMGOPA-301 x IAC-9 foi o mais tardio, com 154 dias, não diferindo de outras médias de cruzamentos:

GO 81-11094	x	BR-11	: 142 dias
Bossier-s	x	UFV-2	: 145 dias
PI 200521	x	SOC 81-216	: 145 dias

BR-11	x	FT-8	: 146 dias
GO 79-1030	x	Cristalina-s	: 146 dias
Paranagoiana	x	Jackson 4028-s	: 147 dias
BR 80-16309	x	UFV-1	: 147 dias
OC 79-7	x	BR-9	: 148 dias
UFV-Araguaia	x	Bossier-s	: 149 dias
SOC 81-216	x	Andrews Purpura	: 150 dias
IAC-9	x	GO 79-1030	: 150 dias
Cristalina-s	x	IAC-6	: 150 dias
IAC-6	x	UFV-4	: 150 dias
Ax 5355-s	x	Paranagoiana	: 151 dias
BR-9	x	EMGOPA-301	: 153 dias

Dentre esses cruzamentos, as maiores variâncias foram verificadas para: Paranagoiana x Jackson 4028-s (130 dias²), GO 81-11 094 x BR-11 (137 dias²) e BR-11 x FT-8 (139 dias²). Estes resultados evidenciam a influência dos genes para período juvenil longo no sentido de aumentar a média e a variância do caráter NDM. A constatação dos maiores intervalos de variação existentes nos cruzamentos envolvendo o parental BR-11 (GO 81-11094 x BR-11 e BR-11 x FT-8), permitem supor que os genes para período juvenil longo presentes nesse parental são recessivos. Este fato confirma resultados anteriores obtidos por KIIHL & GARCIA (1989), HINSON (1989) e RAY et al. (1995).

Na Tabela 11, para o caráter altura da planta na maturidade (APM), a média geral dos parentais no primeiro ano de experimentação (1991/92) foi de 72 cm.

O intervalo de variação entre os parentais foi de 45 cm, observado no cultivar Kirby até 102 cm verificado no cultivar IAC-6. No segundo ano (1992/93) a média geral foi de 85 cm, sendo que o parental FT-8 apresentou a menor altura (55 cm) e EMGOPA-301, a maior altura (125 cm). Em ambos os anos observa-se um melhor desenvolvimento dos parentais adaptados.

O comportamento dos segregantes $F_{4,3}$ indicam que aqueles oriundos do cruzamento N 82-2764-s x SOC 81-127-s apresentaram a menor APM (43 cm), diferindo estatisticamente de todos os outros cruzamentos (Tabela 19). O cruzamento com maior média de APM foi BR-9 x EMGOPA-301 (96 cm), não diferindo estatisticamente de outros dois cruzamentos: EMGOPA-301 x IAC-9 (95 cm) e IAC-9 x GO 79-1030 (92 cm). ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994) também identificaram esses cruzamentos como possuidores de maior APM nas gerações F_2 e F_3 , respectivamente. Além desses cruzamentos, vale ressaltar o comportamento dos seguintes cruzamentos pelas médias e variâncias altas:

FT 81-2129	x	Cobb	: 70 cm e 210 cm ²
Paranagoiana	x	Jackson 4028-s	: 71 cm e 195 cm ²
UFV-Araguaia	x	Bossier-s	: 75 cm e 281 cm ²
BR 80-16309	x	UFV-1	: 75 cm e 195 cm ²
OC 79-7	x	BR-9	: 80 cm e 237 cm ²
IAC-6	x	UFV-4	: 86 cm e 197 cm ²

Com relação à geração $F_{5:3}$, a estimativa de média mais baixa foi obtida novamente para o cruzamento N 82-2764-s x SOC 81-127-s com APM de 58 cm, não diferindo estatisticamente de outras 19 médias de cruzamentos, sendo aproximadamente 70% dessas pertencentes ao grupo de cadeia de cruzamento mista. De modo semelhante ao verificado na geração $F_{4:3}$, a média mais alta foi mostrada pelo cruzamento BR-9 x EMGOPA-301 (APM = 104 cm), pertencendo a um agrupamento estatístico composto de outras 19 médias (Tabela 20). Dentre estes, são notáveis as altas médias e variâncias obtidas pelos cruzamentos:

Paraná-s	x	Kirby	: 75 cm e 467 cm ² ;
GO 81-8491	x	BR 80-15725-B-s	: 83 cm e 422 cm ² ;
BR-11	x	FT-8	: 87 cm e 425 cm ² ;
OC 79-7	x	BR-9	: 96 cm e 441 cm ² ;
GO 81-11094	x	BR-11	: 99 cm e 497 cm ² ;

sendo a grande maioria pertencente à cadeia de cruzamentos envolvendo parentais adaptados.

É oportuno salientar os valores de médias e variâncias encontradas considerando as duas cadeias de cruzamento. Tem sido demonstrado (VELLO et al., 1984) que cruzamentos envolvendo materiais adaptados e exóticos apresentam tendências de promoverem menores médias e altas variâncias comparativamente aos cruzamentos envolvendo somente parentais adaptados. Esta tendência foi verificada na geração $F_{4:3}$ para NDM (Tabela 17), não ocorrendo o mesmo para a geração $F_{5:3}$ (Tabela 18), na

qual maiores médias e variâncias foram verificadas nos cruzamentos entre parentais adaptados. Quanto ao caráter APM, tanto na geração $F_{4:3}$ quanto na $F_{5:3}$ foram obtidas maiores médias e variâncias nos cruzamentos entre parentais adaptados. Estes resultados contraditórios podem ser explicados através de duas hipóteses: a) a presença de genes para período juvenil longo em alguns parentais adaptados; b) a seleção praticada em $F_{4:3}$, cujo efeito foi o de aumentar a frequência de progênies superiores nos cruzamentos entre parentais adaptados em $F_{5:3}$, aumentando desse modo a média e conservando ainda alto nível de variação.

4.2.2. Acamamento e valor agronômico

Estimativas de médias, variâncias fenotípicas e intervalos de variação do acamamento (Ac) e valor agronômico (VA) avaliados nos parentais e progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ são apresentados nas Tabelas 12 e 13, respectivamente. Os valores obtidos para o caráter Ac (Tabela 12) mostram estimativas médias superiores na avaliação realizada no segundo ano de experimentação (92/93), relativamente ao primeiro ano (91/92): notas médias de 2,5 contra 1,7 verificado para os parentais e 1,9 contra 1,4 para as progênies. Somente os parentais GO 81-8491 e IAC-6 apresentaram notas altas para Ac (em torno de 4,0) nos dois anos de cultivo; os demais parentais apresentaram médias inferiores de Ac, fato este favorável à produtividade de grãos em soja, visto que na literatura são relatadas correlações negativas entre Ac e PG (FEHR & WEBER, 1968; PASCHAL II & WILCOX, 1975, entre outros).

O critério de SCOTT-KNOTT identificou estatisticamente dois grupos de médias para Ac na geração $F_{5:3}$ (Tabela 20). A maior nota foi registrada para o cruzamento GO 81-8491 x BR 80-15725-B-s, com $Ac = 2,9$, semelhante estatisticamente a outras nove notas médias. A menor média foi alcançada pelos cruzamentos SOC 81-127-s x Wright e Wright x SOC 81-76, com $Ac = 1,2$, semelhante a outras 28 médias.

Ao nível de progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$, com médias de 1,4 e 1,9 para Ac, respectivamente, nota-se que as maiores estimativas ocorreram na cadeia de cruzamentos entre os parentais adaptados; a maior suscetibilidade ao Ac pode estar associada às maiores alturas das plantas desses cruzamentos. Embora a média de Ac das progênies $F_{5:3}$ tenha sido mais elevada do que nas progênies $F_{4:3}$, pode-se verificar através do intervalo de variação, a existência de segregantes com potencialidade para a prática de seleção visando diminuir o grau de acamamento em todos os cruzamentos.

O estudo do caráter VA (Tabela 13), que corresponde a uma avaliação subjetiva baseada essencialmente na experiência do melhorista com a cultura, mostra uma maior concentração de médias superiores na cadeia de cruzamentos entre parentais adaptados, resultado já esperado em virtude de apresentarem maior altura das plantas, maior número de vagens e, conseqüentemente, maior produtividade de grãos. Os parentais Andrews Púrpura, FT 81-2706, N 82-2764-s, Paranagoiana, BR-11, BR-9, EMGOPA-301, IAC-9 e GO 79-1030 destacaram-se pelos altos valores de VA nos dois anos agrícolas. Por outro lado, os parentais PI 371610, Paraná-s, Wright, SOC 81-216, GO 81-8491 e Planalto foram os que apresentaram o pior desempenho em VA.

Foram identificados cinco grupos distintos em VA, sendo a maior nota média alcançada pelo cruzamento BR-9 x EMGOPA-301 (VA = 3,8), não diferindo estatisticamente de outros dois cruzamentos: EMGOPA-301 x IAC-9 e IAC-9 x GO 79-1030 com notas médias de 3,7 e 3,4, respectivamente. Na geração F_{5:3}, apesar da formação de apenas um grupo (Tabela 20), ficou comprovado a superioridade dos cruzamentos citados acima, os quais obtiveram as maiores médias de VA. Este fato evidencia ser a avaliação do caráter VA um importante instrumento auxiliar na seleção de linhagens na fase inicial de um programa de melhoramento genético, embora não se encontrem na literatura informações sobre a eficiência do emprego do VA no melhoramento da soja.

4.2.3. Produtividade de grãos, teor de óleo e produtividade de óleo

As médias, variâncias fenotípicas e intervalos de variação estimados nas gerações F_{4:3} e F_{5:3} para produtividade de grãos (PG), teor de óleo nos grãos (%OL) e produtividade de óleo (PO) encontram-se nas Tabelas 14, 15 e 16, respectivamente.

Dentre os 40 parentais avaliados nos dois anos de experimentação (1991/92 e 1992/93) observa-se um intervalo de variação acentuado para PG (Tabela 14). Nota-se também um melhor desempenho dos parentais em 1992/93, com média geral de 341 g contra 261 g em 1991/92. Em 1991/92, o parental IAC-9 foi o mais produtivo com média de 396 g, seguido por BR-9 com 372 g e BR-11 com 354 g; o menos produtivo foi o parental Kirby com 131 g. No ano de 1992/93, a maior PG foi

estimada para GO 79-1030 com 599 g, seguido por UFV-4 com 597 g e PI 200521 com 560 g. Considerando as 10 melhores performances ao nível de médias em PG nos dois anos de experimentação, destacaram-se pela estabilidade apresentada os parentais BR-11, BR-9, FT 81-2706, PI 200521 e Andrews Púrpura, sendo os dois últimos considerados como parentais exóticos.

Na geração $F_{4;3}$, o cruzamento N 82-2764-s x SOC 81-127-s foi o que apresentou a menor média (168 g) estatisticamente diferente de todas as outras. Os cruzamentos com maiores médias de PG, semelhantes estatisticamente, foram: BR-9 x EMGOPA-301 com 416 g, IAC-9 x GO 79-1030 com 379 g e Cristalina-s x IAC-6 com 365 g, todos apresentando altos valores de variância. Comparando-se estas estimativas com a obtida por N 82-2764-s x SOC 81-127-s, nota-se a considerável superioridade e potencialidade dos primeiros cruzamentos, fato confirmado por ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994). Para a geração $F_{5;3}$, o cruzamento N 82-2764-s x SOC 81-127-s apresentou 241 g de média sendo novamente a menor PG estimada, confirmando a baixa capacidade específica de combinação deste cruzamento. A maior estimativa de PG foi obtida para BR-9 x EMGOPA-301 com 434 g agrupando-se com outras 24 médias estatisticamente semelhantes (Tabela 20), destacando-se os seguintes cruzamentos com altos valores de média ($g/1,2 m^2$) e variância ($g/1,2 m^2$)², respectivamente:

FT-2	x	N 82-2764-s	: 341 g e 8.973;
FT 81-2129	x	Cobb	: 346 g e 9.842;
Bienville	x	UFV-Araguaia	: 349 g e 10.696;
Planalto-s	x	GO 81-11094	: 363 g e 9.530;

Andrews Púrpura	x	FT 81-2706	: 369 g e 8.786;
SOC 81-216	x	Andrews Púrpura	: 369 g e 8.718;
PI 371610	x	Paraná-s	: 374 g e 8.281;
Ax 5355-s	x	Paranagoiana	: 376 g e 12.040;
IAC-9	x	GO 79-1030	: 410 g e 10.466;
EMGOPA-301	x	IAC-9	: 432 g e 14.318;

Observando-se os intervalos de variação nas duas gerações, verifica-se que a grande maioria dos 40 cruzamentos, apresentam progênes com potencialidade para a prática de seleção, visando aumento de produtividade. A progênie com produtividade superior pertence ao cruzamento Planalto-s x GO 81-11094 com 756 g/1,2 m². De um modo geral, as progênes mais promissoras foram verificadas nos cruzamentos pertencentes à cadeia de cruzamento entre parentais adaptados. Tal fato era esperado, visto ser sabido que a probabilidade de obtenção de linhagens superiores é função da frequência gênica da população, o que significa que melhores linhagens são mais facilmente obtidas em populações básicas formadas através da recombinação de cultivares elites.

Na Tabela 15, são apresentadas as estimativas relativas ao caráter teor de óleo (%OL). Entre os parentais, verificaram-se, nos dois anos de experimentação (1991/92 e 1992/93) pequenos intervalos de variação entre as médias, em função do alto teor de óleo dos parentais. Em relação às médias dos parentais e às médias gerais, praticamente não ocorreram mudanças nos valores de um ano para outro, evidenciando uma menor complexidade deste caráter quando comparado com a produtividade de

grãos. No ano de 1991/92, o intervalo de variação encontrado foi de 22,5% para PI 371610 e 24,0% para UFV-4. Para o ano 1992/93, 22,2% para Wright e 24,9% para BR 80-16309. ZIMBACK (1992) ressaltou o baixo desempenho em %OL do parental PI 371610.

De modo semelhante ao verificado com os parentais, nota-se um baixo intervalo de variação entre as médias ao nível de cruzamentos. Na geração $F_{4,3}$, o valor mais baixo foi obtido para os cruzamentos UVF-Araguaia x Bossier-s, EMGOPA-301 x IAC-9 e IAC-9 x GO 79-1030, todos com 22,7%, agrupada com outras 10 médias estatisticamente semelhantes (Tabela 19). A melhor performance para %OL foi verificada para os cruzamentos Paraná-s x Kirby, Wright x SOC 81-76, Foster x FT 79-3408, Jackson 4028-s x FT 81-2129 e Cobb x BR-8, todas com 24,0% e estatisticamente semelhantes com as médias de outros dois cruzamentos: GO 81-8491 x BR 80-15725-B-s com 23,9% e UFV-4 x BR 80-16309 com 23,7%. Na geração $F_{5,3}$ menor intervalo de variação para %OL foi encontrado em relação à geração anterior, visto que o critério de SCOTT-KNOTT (Tabela 20) não detectou diferenças significativas entre as médias dos cruzamentos. Entretanto, verifica-se ao nível de progênies, considerável intervalo de variação dentro de todos os cruzamentos. Tal fato é comprovado através da análise de variância (Teste F) realizada ao nível de progênies, no qual o quadrado médio de tratamentos regulares dentro dos blocos (R/B) foi altamente significativo (Tabela 9). O menor valor encontrado no limite máximo do intervalo de variação nos 40 cruzamentos para %OL foi 24,5% em SOC 81-127-s x Wright. As progênies com %OL superior pertencem aos cruzamentos Bossier-s x UFV-2 e GO 81-11094 x BR-11, com 26,3%.

Estes resultados mostram que existe potencial genético para selecionar linhagens superiores para %OL.

Na Tabela 16, são apresentadas as estimativas relativas ao caráter produtividade de óleo (PO). Vale ressaltar que o caráter PO é obtido através da multiplicação dos caracteres PG e %OL, de modo que PG apresentando maior variabilidade em relação a %OL é que determinará os valores de PO. Comparando-se as maiores e menores estimativas de PG, percebe-se uma concordância plena nas maiores e menores estimativas de PO. Assim, entre os parentais no ano de 1991/92, a menor média de PO foi 30 g/1,2 m² observada no parental Kirby e a maior de 91 g no parental IAC-9. No ano de 1992/93 a menor e a maior médias foram obtidas pelos cultivares Wright (39 g) e UFV-4 (143 g). A comparação destes valores reflete uma considerável variação na capacidade dos parentais em PO. Ao nível de cruzamentos, constata-se que N 82-2764-s x SOC 81-127-s apresentou a média mais baixa (40 g), estatisticamente diferente de todas as outras médias (Tabela 19); este fato também ocorreu para PG, conforme anteriormente discutido. Os cruzamentos BR-9 x EMGOPA-301 (96 g), IAC-9 x GO 79-1030 (86 g) e Cristalina-s x IAC-6 (85 g), apresentaram as maiores médias e também as maiores variâncias. Destaque na cadeia mista foram os cruzamentos PI 371610 x Paraná-s e SOC 81-216 x Andrews Púrpura que apresentaram média e variância altas.

Quanto à geração F_{5,3} (Tabela 20) foram detectados somente dois grupos de médias estatisticamente diferentes, refletindo um menor intervalo de variação entre as médias dos cruzamentos, provavelmente em função da seleção praticada em F_{4,3} para PG, %OL e VA. A menor média foi de 58 g obtida para N 82-2764-s x SOC 81-127-s, não diferindo de outras 14 médias; a maior média foi 101 g para BR-9 x

EMGOPA-301, semelhante estatisticamente a outras 24 médias. Os seguintes cruzamentos, destacaram-se pelas altas magnitudes de média ($\text{g}/1,2 \text{ m}^2$) e variância ($\text{g}/1,2 \text{ m}^2$)², respectivamente:

FT-2	x	N 82-2764-s	: 78 g e 486;
Bienville	x	UFV-Araguaia	: 82 g e 601;
FT 81-2129	x	Cobb	: 82 g e 570;
BR-8	x	PI 200521	: 83 g e 494;
Planalto-s	x	GO 81-11094	: 84 g e 509;
Ax 5355-s	x	Paranagoiana	: 85 g e 621;
SOC 81-216	x	Andrews Púrpura	: 85 g e 469;
Andrews Púrpura	x	FT 81-2706	: 87 g e 472;
Cristalina-s	x	IAC-6	: 93 g e 422;
IAC-9	x	GO 79-1030	: 95 g e 639;
EMGOPA-301	x	IAC-9	: 98 g e 729.

É interessante notar que a maioria dos cruzamentos apresentaram segregantes transgressivos, com PO superior ao melhor parental envolvido no cruzamento. Esta amplitude de dados possibilita a seleção de linhagens para alta produtividade de óleo. A progênie com PO superior pertence ao cruzamento Planalto-s x GO 81-11094 com 178g, a qual apresentou também a maior produtividade de grãos 756 g.

Comparando-se a média e a variância encontradas nas cadeias de cruzamentos mista e adaptada para PG, %OL e PO verifica-se nas gerações $F_{4,3}$ (Tabela 17) e $F_{5,3}$ (Tabela 18), que as maiores médias e variâncias de PG e PO foram obtidas na cadeia de cruzamento entre parentais adaptados. Por outro lado, %OL apresentou em

ambas as gerações, médias semelhantes e variâncias superiores na cadeia de cruzamentos mista.

4.3. Agrupamento de médias pelo critério de SCOTT-KNOTT

Considerando-se as significâncias dos quadrados médios nas análises de variância visualizadas nas Tabelas 8 e 9 foi analisado o desempenho das médias das progênies por cruzamento, caráter e geração empregando-se o critério de agrupamento de médias de SCOTT-KNOTT (1974) a 5% de probabilidade.

Para os sete caracteres estudados na geração $F_{4,3}$ (Tabela 19) houve a formação de números distintos de grupos, indicando a capacidade diferenciadora de alguns caracteres em discriminar divergências genéticas entre os genótipos. Em ordem decrescente de formação de grupos, temos: sete grupos (A até G) para o caráter APM; seis grupos (A até F) para NDM; cinco grupos (A até E) para VA e PG; quatro grupos (A até D) para PO; e três grupos (A até C) para Ac e %OL. Portanto, APM e NDM foram os melhores caracteres para representar a diversidade genética entre os genótipos. Em outras palavras, esses caracteres teriam uma notável participação em um possível índice para medir a diversidade entre esses genótipos. De fato, PACOVA (1992) destaca a capacidade discriminatória dos caracteres NDM e APM em soja, haja vista que promoveram maior número na formação de grupos, seis e sete, respectivamente.

De um modo geral, comparando-se os valores, verifica-se que as combinações híbridas derivadas de material adaptado apresentaram superioridade de valores para todos os caracteres, com exceção dos caracteres Ac e %OL.

Para os caracteres APM e NDM verifica-se que houve concordância quase plena, notadamente entre os três primeiros grupos (A, B e C), haja vista que a **maioria das combinações híbridas presentes nos três primeiros em NDM (UFV-Araguaia x Bossier-s, BR-9 x EMGOPA-301, EMGOPA-301 x IAC-9, IAC-9 x GO 79-1030, GO 79-1030 x Cristalina-s, Cristalina-s x IAC-6, IAC-6 x UFV-4 e BR 80-16309 x UFV-1)** também estão presentes nos três primeiros grupos em APM, o que reflete uma alta associação entre esses caracteres. Vários trabalhos comprovam existir alta associação entre APM e NDM (JOHNSON et al., 1955; ANAND & TORRIE, 1963; KNOW & TORRIE, 1964; FREIRE FILHO, 1988; PACOVA, 1992; entre outros). Além disso, esses caracteres foram os de melhor discriminação, havendo a formação de maior número de grupos comparativamente aos demais. É fácil também notar que os parentais de melhor desempenho em APM e NDM (UFV-Araguaia, BR-11, FT-8, BR-9, EMGOPA-301, IAC-9, GO-70-1030, Cristalina-s, IAC-6 e UFV-4) foram verificados em combinações híbridas, sendo todos pertencentes à cadeia de cruzamentos envolvendo parentais adaptados e provavelmente possuidores de genes para período juvenil longo. Estas evidências permitem assumir que o período juvenil longo tem controle poligênico com número limitado de genes recessivos, de tal forma que esse caráter já estaria fixado nas gerações iniciais. De fato, HINSON (1989), KIIHL & GARCIA (1989) e DESTRO (1991) reportaram ser o período juvenil longo controlado por poucos genes recessivos. Recentemente, RAY et al. (1995), estudando populações segregantes envolvendo o genótipo PI 159925 possuidor do caráter período juvenil longo, demonstraram ser este caráter controlado por apenas um par de genes recessivos, o qual recebeu a designação

de J/j. Por outro lado, todas as combinações híbridas envolvendo material exótico foram incluídas nos três últimos grupos (D, E e F) para APM. Conseqüentemente, tais combinações apresentam-se nos primeiros grupos quanto ao grau de acamamento. Portanto, o acréscimo na resistência ao acamamento foi devido à menor altura das plantas.

É interessante notar que para o caráter %OL, foram discriminados três grupos (A, B e C) enquanto que para os caracteres PG e PO houve a formação de cinco e quatro grupos, respectivamente, indicando menor divergência genética entre os genótipos para %OL.

Houve concordância plena entre as combinações híbridas quanto aos caracteres PO e PG. As combinações híbridas de maior PO foram também aquelas que apresentaram maior valor médio de PG, sendo todas provenientes de cruzamentos entre parentais adaptados: (BR-9 x EMGOPA-301, IAC-9 x GO 79-1030 e Cristalina-s x IAC-6). A concordância obtida nesse estudo entre os caracteres PG e PO e as evidências experimentais obtidas por ZIMBACK (1992) permitem afirmar uma interferência maior do caráter PG em PO, visto que a variabilidade encontrada para %OL é menor. Tal fato implica em enfatizar que a recomendação de cruzamentos para programas de melhoramento entre genótipos divergentes devem considerar também maior adaptação e potencial produtivo.

Não houve concordância entre os caracteres %OL e PO, pois as combinações de melhor desempenho médio para %OL foram: Paraná-s x Kirby, Whight x SOC 81-76, SOC 81-76 x Foster, Foster x FT 79-3408, Jackson 4028-s x FT 81-2129, Cobb x BR-8, GO 81-8491 x BR 80-15725-B-s, UFV-4 x BR 80-16309. Observa-se que das oito combinações, a maioria (seis) são provenientes da cadeia considerada

mista que envolve cruzamentos entre parentais adaptados x exóticos. Tais resultados sugerem uma notável superioridade dos parentais exóticos em relação aos adaptados quanto ao teor de óleo, o que permite antever grandes possibilidades de sucesso na seleção de linhagens com alto teor de óleo nos cruzamentos da cadeia mista.

Quanto à geração $F_{5:3}$ (Tabela 20), verificou-se, de uma maneira generalizada, a formação de menor número de grupos para todos os caracteres, comparativamente à geração $F_{4:3}$ (Tabela 19). Com exceção de VA e %OL, todos os demais caracteres apresentaram dois grupos (A e B), o que indica uma redução da divergência genética entre os genótipos de uma geração para outra. Para os caracteres VA e %OL não houve a formação de grupos distintos.

Estes resultados estão de acordo com o esperado, visto que além da redução do número de progênies avaliadas por cruzamento ocorrida da geração $F_{4:3}$ para $F_{5:3}$, foi praticada seleção em $F_{4:3}$, principalmente para os caracteres produtividade de grãos, teor de óleo nos grãos e valor agrônômico.

O efeito da redução do número de progênies e da seleção na variabilidade genética pode ser visualizado por meio da comparação dos coeficientes de variação genética dos caracteres antes e após a seleção (Tabela 21). Com exceção do caráter NDM onde ocorreu um aumento da variabilidade genética, para os outros caracteres verificou-se uma redução na variabilidade genética. Em termos relativos, a maior redução de variabilidade ocorreu no caráter VA (12,42%) sendo a menor para %OL (0,86%) até porque este caráter foi o que apresentou a menor variabilidade inicial. Entretanto, vale ressaltar que a comparação da variabilidade genética entre gerações ou

ciclos de seleção, por meio dos coeficientes de variação genética deve ser analisado com cuidado. Redução da variabilidade como verificada na geração $F_{5;3}$ para a maioria dos caracteres, pode ser devida ao aumento da média causada pela seleção praticada em $F_{4;3}$ bem como devido aos diferentes quadrados médios dos resíduos empregados em cada geração, e não necessariamente a uma redução da variabilidade genética.

4.4. Geração $F_{4;3}$

4.4.1. Herdabilidade no sentido amplo

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo (h^2) ao nível de cada cruzamento do 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 (%OL) e produtividade de óleo (PO) são apresentadas na Tabela 22.

Para o caráter NDM, as estimativas de herdabilidade (h^2) apresentaram valores altos, variando de 93% a 98%, com média de 96%, indicando existir considerável variabilidade em todos os cruzamentos. Altas estimativas de h^2 para NDM são comuns na literatura. Realmente, no levantamento realizado por BRIM (1973), as estimativas variaram de 78% a 94% com média de 84%; a pesquisa realizada por FREIRE FILHO (1985) constatou um intervalo de variação de 71% à 86% com valor médio de 80%. O valor médio de h^2 foi um pouco superior àqueles encontrados na

literatura. Convém ressaltar que esta superioridade pode ser devida à baixa estimativa do erro experimental encontrado para NDM, o que pode ser comprovado pela pequena magnitude do coeficiente de variação experimental (Tabela 8).

O caráter APM apresentou baixos valores de h^2 , com intervalo de variação ao nível de cruzamentos entre zero (um cruzamento) e 71%, com valor médio de 36%, estimativa de magnitude inferior à normalmente relatada na literatura (JOHNSON et al., 1955; HANSON & WEBER, 1962; ANAND & TORRIE, 1963; KNOW & TORRIE, 1964; FEHR & WEBER, 1968; ZIMBACK, 1992, entre outros). Nota-se que apenas quatro cruzamentos apresentaram valores de h^2 acima de 60%, valores estes semelhantes aos encontrados nos trabalhos citados acima, sendo todos provenientes de cruzamentos entre parentais que apresentaram as maiores divergências para APM. Por outro lado, as menores estimativas foram obtidas nos cruzamentos envolvendo pelo menos um parental adaptado possuidor de genes para período juvenil longo como BR-9, EMGOPA-301, IAC-9, Cristalina-s. Tal resultado sugere uma herança relativamente simples do caráter período juvenil longo presente nesses parentais, de tal modo que em poucas gerações de autofecundação, a frequência de progênies com período juvenil longo pode tornar-se alta, com conseqüente aumento da média e diminuição da variabilidade em APM.

Em relação ao caráter acamamento (A_c), a estimativa média de h^2 foi de 45%, com valores oscilando desde zero (cinco cruzamentos) até 88%. Maior frequência de valor zero foi observada para cruzamentos pertencentes à cadeia mista (adaptados x exóticos). A menor suscetibilidade ao acamamento pode ser explicada pelas

menores alturas das plantas, fato verificado nos parentais envolvidos nesses cruzamentos. A estimativa média de h^2 encontrada para Ac é semelhante à encontrada por JOHNSON et al. (1955), HANSON & WEBER (1962), ANAND & TORRIE (1963).

Ao nível de cruzamentos, as estimativas de h^2 para o caráter valor agronômico (VA) apresentaram intervalo de variação de 50% a 81%, com média de 68%; este valor foi muito próximo das médias relatadas por ZIMBACK (1992), PACOVA (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994) que foram de 61,6%, 63,0% e 67,7%, respectivamente; todavia, foi inferior à estimativa média obtida por FREIRE FILHO (1988) de 80,4%.

As estimativas de h^2 para a produtividade de grãos (PG) mostram uma ampla variação entre os cruzamentos, oscilando desde zero (oito cruzamentos) até 60%, com média geral de 30%. Variações acentuadas de estimativas de h^2 para PG porém com valores médios baixos é uma tendência verificada, visto que WEBER & MOOTHY (1952) obtiveram estimativas que variaram de 25,2% a 39,5%; JOHNSON et al. (1955) de 25% a 40%; ANAND & TORRIE (1963) de 23% a 50%; MARTIN & WILCOX (1973) de 15% a 68%, WEAVER & WILCOX (1982) de 24% a 54%; OLIVEIRA (1985) de 5% a 41%. No levantamento realizado por BRIM (1973) envolvendo 12 populações, o autor constatou variações de h^2 entre 3% a 58%, com valor médio de 36,6%, semelhante ao encontrado nesta pesquisa. ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994) estudando os mesmos cruzamentos nas gerações F_2 e F_3 respectivamente, encontraram valores médios superiores de 57,3% e 46,4%, não detectando nenhum valor nulo nos cruzamentos.

Diferenças nas estimativas de h^2 são esperadas, uma vez que elas dependem das condições ambientais em que as estimativas foram obtidas, da variabilidade genética presente nos materiais utilizados, bem como do método utilizado para sua obtenção (FALCONER, 1981). Provavelmente, o fator agravante na determinação de h^2 nulas encontradas (oito dentre 40 cruzamentos), foi a baixa variabilidade exibida pelos oito cruzamentos envolvidos desde a geração F_2 , indicando a inexistência de variabilidade positiva a ser explorada, demonstrando que a frequência de genes favoráveis para este caráter complexo está em níveis muito baixos, o que limita o sucesso da seleção nestes oito cruzamentos.

O caráter teor de óleo (%OL) apresentou estimativas oscilando de zero até 74%, com média geral de 46% dentro dos cruzamentos. Comparando-se essa média com as médias apresentadas no Apêndice 2, verifica-se que ela foi semelhante às estimativas reportadas por WEBER & MOOTHY (1952), KNOW & TORRIE (1964); MONTEVERDE (1984); PHUL & SHARMA (1993) e MONTAÑO-VELASCO (1994), sendo inferior às estimativas obtidas por JOHNSON et al. (1955); HANSON & WEBER (1962); SHORTER et al. (1976); BONETTI (1978); OPENSHAW & HADLEY (1984); McKENDRY & McVETTY (1985) e ZIMBACK (1992). No Apêndice 2, nota-se ainda que, de um modo geral, as h^2 encontradas apresentam menor variação em magnitude e valores médios considerados como altos, superiores a 50%, bem acima das estimativas encontradas para PG. Convém ressaltar que o único valor zero de h^2 obtido para %OL no cruzamento N 82-2764-s x SOC 81-127-s, pode ser devido ao pequeno número de progênies avaliadas (dezoito progênies). De fato, NELDER (1954) destaca que em um

experimento envolvendo um número pequeno de observações como neste caso, podem ocorrer problemas de correlações, conduzindo a estimação de parâmetros genéticos negativos.

Quanto ao caráter produtividade de óleo (PO) foram obtidos valores de h^2 variando de zero (oito cruzamentos) até 77% com média de 34% dentro de cruzamentos. Os resultados encontrados por SHORTER et al. (1976); ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994), apresentam também um grande intervalo de variação de h^2 , com médias de 60,4%, 61,4% e 49,3%, respectivamente, superiores à média encontrada na presente pesquisa. Nota-se uma grande semelhança nas estimativas de h^2 entre PG e PO, até porque PO resulta da multiplicação de PG e %OL, tendo %OL pequena variabilidade. Desse modo, todos os cruzamentos que apresentaram h^2 alta para PG, também exibiram valores altos para PO, destacando-se os cruzamentos tendo como parentais BR-9, IAC-9, GO 79-1030, Cristalina-s, UFV-1, Bienville, Paranagoiana e PI 371610.

4.4.2. Correlações entre caracteres

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental envolvendo os caracteres número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), teor de óleo (%OL), produtividade de grãos (PG) e produtividade de óleo (PO), avaliados na geração $F_{4.3}$ encontram-se na Tabela 23. Comparando-se as estimativas obtidas, verifica-se que

de uma maneira geral, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas, concordando com os resultados verificados por WEBER & MOOTHY (1952), JOHNSON et al. (1955), ANAND & TORRIE (1963), BAYS (1976), ALMEIDA (1979), CAMPOS (1979), FREIRE FILHO (1988), PACOVA (1992), ZIMBACK (1992). Para WEBER & MOOTHY (1952) este fato indica que a expressão fenotípica da associação entre as variáveis é diminuída frente às variações ambientais.

As correções ambientais, com exceção de algumas estimativas, foram de pequena magnitude, proporcionando nestes casos maior semelhança nos valores das correlações genotípicas e fenotípicas. Considerando-se a superioridade encontrada e a sua importância na orientação dos programas de melhoramento, as discussões dos resultados só serão dirigidas às correlações genotípicas.

Estimativas negativas de pequenas magnitudes foram obtidas ($r_G < -0,20$) envolvendo o caráter %OL com APM e Ac. Para as correlações da %OL com NDM, VA, PG e PO, foram encontrados valores positivos, porém quase nulos. Associações positivas e negativas de magnitudes desprezíveis do caráter %OL com outros caracteres agrônômicos são encontradas na literatura (WEBER & MOOTHY, 1952; FONTES et al., 1980; SIMPSON & WILCOX, 1983; SANTOS, 1988; ZIMBACK, 1992; XU & WILCOX, 1992; MONTAÑO-VELASCO, 1994). Estas tendências se por um lado diminuem as chances de se incrementar a produtividade de óleo via somente incremento do teor de óleo nos grãos, por outro lado oferece ao melhorista uma maior flexibilização na escolha de parentais em programas de melhoramento que visam aumentar a produtividade de óleo, visto que o caráter %OL em nada interfere nos demais caracteres.

Quanto ao caráter PO, os maiores valores positivos encontrados foram as correlações com NDM, APM, VA e PG, todas com $r_G > 0,50$. Entre PO e Ac encontrou-se valor de correlação próximo de zero ($r_G = 0,07$). Entre PO e %OL verificou-se valor positivo porém de baixa magnitude ($r_G = 0,17$) quando comparado com os valores obtidos por SHORTER et al. (1976) que encontraram r_G variando de 0,49 a 0,90. Convém ressaltar que as diferenças encontradas nos valores de correlação entre PO e %OL verificados nesta pesquisa com aqueles obtidos por SHORTER et al. (1976) podem estar associadas ao pequeno número de cruzamentos envolvidos (três) e a inclusão de parentais exóticos sem seleção prévia para produtividade de grãos e teor de óleo utilizado pelos últimos autores. Destaque especial deve ser dado à correlação encontrada entre PO e PG que foi de 0,98 que, associada à uma pequena correlação entre %OL e PO e pequena variabilidade no caráter %OL, permite constatar que o caráter PO é fortemente dependente do caráter PG. Valores próximos a 1 para a correlação entre PO e PG também foram encontrados por ZIMBACK (1992) e MONTAÑO-VELASCO (1994).

FEHR (1978) citou três alternativas para aumentar a produtividade de óleo, quais sejam: a) aumento da produtividade de grãos, mantendo-se constante o teor de óleo; b) aumento do teor de óleo mantendo-se constante a produtividade de grãos; c) aumento simultâneo da produtividade de grãos e do teor de óleo. Sem dúvida, maior progresso deve ser encontrado com seleção simultânea para os dois caracteres (alternativa c), mas essa é uma alternativa mais trabalhosa e onerosa. Os resultados das correlações alcançados nesta pesquisa, indicam maiores possibilidades de progresso no

melhoramento genético do caráter PO, viabilizando a adoção da primeira estratégia proposta por FEHR (1978). Em outras palavras, os resultados indicam que a seleção indireta para produtividade de óleo é mais eficiente via produtividade de grãos do que via teor de óleo. Esta estratégia de seleção tem a vantagem de não requerer extensivas análises do teor de óleo nos grãos, nas gerações iniciais de um programa de melhoramento. Nas fases finais do programa, estando as progênies relativamente uniformes em PG, espera-se maior progresso relativo com a seleção dirigida para %OL.

Considerando-se que a maioria dos programas de melhoramento com a soja envolve a síntese de populações segregantes mediante cruzamentos entre duas linhagens homozigóticas, sendo a fixação dos caracteres desejáveis obtida através de autofecundações e/ou retrocruzamentos, com restrição da quantidade de recombinações intracromossômicas, aliada ao fato da estreita base genética do germoplasma brasileiro (HIROMOTO & VELLO, 1986; VELLO, 1985) permitem concluir que o aumento simultâneo da produtividade de grãos e do teor de óleo seria mais viável através do uso de seleção recorrente. De fato, MIRANDA (1994) conclui que o esquema de seleção recorrente divergente, com a utilização da machoesterilidade genética foi eficiente tanto para aumentar o peso das sementes, quanto para elevar o teor de óleo nas sementes de soja no composto IAC-1.

Os valores de correlações do caráter PG com NDM, APM e VA expressam estimativas positivas e altas ($r_G > 0,46$). Estimativas positivas e altas de correlação da produtividade de grãos com NDM, APM e VA também foram relatadas por JOHNSON et al. (1955), ANAND & TORRIE (1963), KNOW & TORRIE (1964),

BAYS (1976), FREIRE FILHO (1988), PACOVA (1992), entre outros. Dessa forma, estas estimativas permitem fundamentar a idéia da facilidade relativa em se selecionar linhagens produtivas, com alto teor de óleo, plantas altas e vigorosas; todavia, é relativamente difícil adicionar precocidade a este conjunto de caracteres favoráveis em uma mesma planta.

O caráter VA apresentou estimativas de correlações altas e positivas com NDM, APM, PG e PO, destacando-se a obtida com APM ($r_G = 0,77$) superior a aquelas encontradas com PG ($r_G = 0,60$). Estimativas semelhantes foram obtidas por ZIMBACK (1992), que constatou a grande influência do caráter APM no julgamento de VA e, conseqüentemente, a eficiência do caráter VA em quantificar caracteres associados à produtividade de grãos.

Com relação aos caracteres APM e NDM verificou-se uma correlação positiva e média/alta ($r_G = 0,56$) semelhante às estimativas obtidas por diversos pesquisadores (JOHNSON et al., 1955; ANAND & TORRIE, 1963; KNOW & TORRIE, 1964, entre outros).

4.5. Análise reunindo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$

4.5.1. Herdabilidade no sentido restrito

As estimativas de herdabilidade no sentido restrito (h^2_r) ao nível de cada cruzamento para os caracteres número de dias para maturidade (NDM), altura da

planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agronômico (VA), produtividade de grãos (PG), teor de óleo (%OL) e produtividade de óleo (PO) são apresentadas nas Tabelas 24 a 29.

Vale ressaltar que a h^2_r foi estimada pelos métodos convencional (SMITH & KINMAN, 1965) e padronizado (FREY & HORNER, 1957), corrigida pelos coeficientes de endogamia envolvidos nas gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$. Para os caracteres PG e PO não foi possível estimar as h^2_r envolvendo as gerações F_3 , $F_{4:3}$, visto que F_3 foi avaliada por meio de plantas individuais e suas respectivas progênes $F_{4:3}$ em fileiras de dois metros de comprimento.

A visualização geral das estimativas de h^2_r ao nível de cruzamentos, mostram diferenças acentuadas entre os dois métodos de estimação e um intervalo de variação superior das estimativas de h^2_r quando estimadas pelo método padronizado, indicando que as relações $S_{F_3}/S_{F_{4:3}}$ e $S_{F_{4:3}}/S_{F_{5:3}}$ (relação entre os desvios padrões das gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$) não foram semelhantes para os diferentes cruzamentos. FREY & HORNER (1957) recomendam o uso da correção da escala ambiental em situação onde as gerações são avaliadas em épocas ou anos distintos, como a ocorrida na presente pesquisa. Em suma, o método padronizado é o mais adequado, visto que discrimina melhor as diferenças na variabilidade entre os materiais utilizados. Face ao exposto, as discussões dos resultados serão pertinentes às estimativas de h^2_r encontradas pelo método padronizado.

A Tabela 24 relata as estimativas de h^2_r encontradas para o caráter NDM. A h^2_r média envolvendo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ (regressão das progênes $F_{4:3}$ sobre

as respectivas plantas F_3) foi de 59%, sendo o menor valor de 28% (BR-8 x PI 200521) e o maior 96% (EMGOPA-301 x IAC-9). Envolvendo as gerações $F_{4,3}$, $F_{5,3}$ (regressão das progênies $F_{5,3}$ sobre as respectivas progênies $F_{4,3}$) a h^2_r média foi de 36%, com intervalo de variação de 21% (N 82 - 2764-s x SOC 81 - 127-s) a 85% (BR-8 x PI 200521).

Para o caráter APM (Tabela 25) a média de h^2_r foi de 59% (F_3 , $F_{4,3}$), com intervalo de variação de 24% (Kirby x FT-2) a 94% (UFV-4 x BR 80-16309). Estes valores extremos refletem uma maior semelhança e divergência quanto ao caráter APM verificado nos parentais envolvidos nos respectivos cruzamentos. Envolvendo as gerações $F_{4,3}$, $F_{5,3}$, a estimativa média de h^2_r foi 54%, com valor inferior de 40% (BR-8 x PI 200521) e superior de 74% (Kirby x FT-2).

Em resumo, nota-se que as maiores estimativas de h^2_r para os caracteres NDM e APM foram encontradas em cruzamentos com a participação dos parentais BR-9, EMGOPA-301, IAC-9, GO 79-1030 e Cristalina-s, todos possuidores de genes para período juvenil longo. PACOVA (1992) também encontrou evidências favoráveis da participação dos genes para período juvenil longo nas estimativas de h^2_r para NDM e APM, pois estimativas superiores foram verificadas em cruzamentos com o parental possuidor de período juvenil longo (Doko) relativamente ao parental não possuidor dessa característica (FT-2).

As estimativas de h^2_r para NDM e APM encontradas neste estudo apresentaram uma certa concordância com as estimativas obtidas por outros pesquisadores, os quais usaram para a estimação a metodologia da regressão parental-progênie. Assim, CAVINESS & PRONGSIRIVATHANA (1968) constataram h^2_r média

de 52% para APM. DESTRO et al. (1987) citam h^2_r média de 45% para NDM e 48% para APM. BONATO (1989) estimou h^2_r média de 56% para NDM e 47% para APM.

A Tabela 26 mostra as estimativas encontradas para o caráter Ac. As estimativas médias de h^2_r encontradas foram de 52% ($F_3, F_{4:3}$) e 45% ($F_{4:3}, F_{5:3}$), superiores a h^2_r média estimada por KAMIKOGA (1989) que foi de 22%. Segundo este autor, a baixa magnitude de h^2_r obtida ocorreu em função da semeadura tardia. Na literatura sobre estimativas de herdabilidade no sentido amplo para Ac são encontrados altos valores: 63% (KNOW & TORRIE, 1964), 80% (MAURO, 1984) e 72% (DESTRO et al., 1987).

Para o caráter VA (Tabela 27), os valores médios de h^2_r encontrados foram altos, sendo 59% ($F_3, F_{4:3}$) e 52% ($F_{4:3}, F_{5:3}$). Uma série de resultados confirmam a tendência de altas estimativas de herdabilidade no sentido amplo para o caráter VA: FREIRE FILHO (1988) encontrou estimativa média de 80%; ZIMBACK (1992) de 62% e MONTAÑO-VELASCO (1994) de 68%.

Na Tabela 28 são apresentadas as estimativas de h^2_r para o caráter %OL. A h^2_r média obtida foi de 46% ($F_3, F_{4:3}$) com um intervalo de variação de 21% (PI 371610 x Paraná-s) a 95% (Kirby x FT-2). Considerando-se as gerações $F_{4:3}, F_{5:3}$, a h^2_r média estimada correspondeu a 58%, sendo o menor valor de 43% (Ax 5355-s x Paranagoiana) e maior valor de 81% (BR-8 x PI 200521). Comparando-se as h^2_r médias obtidas com as estimativas apresentadas no Apêndice 2, verifica-se que elas foram semelhantes à obtida por SHORTER et al. (1976) que usaram para a estimação a metodologia da regressão parental-progênie, sendo inferiores às obtidas por

McKENDRY e McVETTY (1985) e MIRANDA et al. (1989) que usaram para a estimação os componentes da análise de variância.

Na Tabela 29 são apresentadas as estimativas de h^2_r para os caracteres PG e PO obtidas entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$. Para o caráter PG, a h^2_r média observada foi de 53%. O limite superior da estimativa de h^2_r ao nível de cruzamento foi de 78% (Foster x FT 79-3408); este valor foi muito próximo ao encontrado por MAHMUD & KRAMER (1951) que foi de 77%, utilizando para a estimação a regressão de linhagens F_3 sobre linhagens F_4 . O limite inferior encontrado de 24% (EMGOPA-301 x IAC-9) aproximou-se da estimativa obtida por ANAND & TORRIE (1963), que foi de 18%, empregando a mesma metodologia de estimação.

Quanto ao caráter PO (Tabela 29), a estimativa média de h^2_r foi 52% sendo a menor 24% (Ax 5355-s x Paranagoiana) e a maior 74% (SOC 81-76 x Foster e FT-8 x OC 79-7). Nota-se, novamente, a plena semelhança nas estimativas de h^2_r entre PG e PO. Ao nível de cruzamentos SHORTER et al. (1976) encontraram variação de 1% a 46% para PO, com h^2_r média de 22%, inferior à encontrada nesta pesquisa.

A generalização dos resultados obtidos permite concluir que todos os cruzamentos apresentaram bom potencial para a prática da seleção para cada caráter avaliado. Quanto ao caráter PO, observou-se que os cruzamentos de melhor desempenho pertenceu à cadeia de cruzamentos com a participação de materiais adaptados, até porque apresentaram altas produtividades de grãos. Dentre estes se destacam os cruzamentos BR-9 x EMGOPA-301, EMGOPA-301 x IAC-9 e IAC-9 x GO 79-1030 pelas altas médias e moderadas variâncias genéticas apresentadas, fatos que permitem

antever grandes possibilidades de serem obtidos notáveis progressos por seleção. ZIMBACK (1992) detectou a potencialidade genética do cruzamento BR-9 x EMGOPA-301 já na geração F_2 , sugerindo o aproveitamento das progênies deste cruzamento em programas de melhoramento a curto prazo.

4.5.2. Associação entre as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$

Nas Tabelas 30 a 36 são apresentados os coeficientes de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) envolvendo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ 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 (%OL) e produtividade de óleo (PO).

De um modo geral, nota-se uma grande concordância entre as estimativas de correlações médias e dentro de cruzamentos para todos os caracteres empregando-se tanto a metodologia de Pearson quanto a de Spearman ("rank"). 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 progênies apresentarem identidade genética diferentes e terem sido avaliadas em épocas diferentes (F_3 em 1990/91, $F_{4:3}$ em 1991/92 e $F_{5:3}$ em 1992/93), significa dizer que a magnitude das interações entre genótipos x anos ocorridas não foram capazes de invalidar as estimativas obtidas pela metodologia de Pearson.

Vale ressaltar que a geração F_3 foi avaliada em nível de plantas individuais, sendo sua respectiva progênie $F_{4:3}$ avaliada em fileiras. É sabido que o cultivo de plantas individuais em covas provocam mudanças na arquitetura das plantas como menor altura e conseqüentemente menor grau de acamamento. Estes fatos provavelmente estão associados às baixas estimativas de correlações encontradas quando se associa as gerações F_3 , $F_{4:3}$. Para estes caracteres, as discussões serão pertinentes somente para as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$.

Na Tabela 30, encontram-se as estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson (r_p) e de Spearman (r_s) para o caráter NDM. Para as gerações envolvidas, as médias obtidas foram semelhantes e relativamente altas, o que exprime a consistência da manifestação do caráter nas gerações iniciais. Pode-se observar que os cruzamentos que exibiram as mais altas correlações foram aqueles que envolveram os parentais Paranagoiana, UFV-Araguaia, GO 81-11094, BR-11, FT-8, OC 79-7, BR-9, EMGOPA-301, IAC-9, GO 79-1030, IAC-6 e UFV-4, comprovadas pelos coeficientes de correlações de r_p e r_s superiores a 0,50 entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$.

Com relação ao caráter APM (Tabela 31) verifica-se uma acentuada variação entre as estimativas médias e dentro de cruzamentos entre as diferentes gerações. Nota-se que as estimativas médias envolvendo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ foram baixas ($r_p = 0,31$ e $r_s = 0,32$) tendo alguns cruzamentos apresentado estimativas negativas. Os valores médios de r_p e r_s nas associações entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$ foram 0,48 e 0,47 respectivamente, não se observando nenhum cruzamento com valor negativo. Os limites superiores das estimativas foram $r_p = 0,77$ e $r_s = 0,74$ (BR-11 x FT-8); estes valores foram muito próximos ao encontrado por PACOVA (1992) que foi

de 0,74, obtido em cruzamentos com a participação do parental "Doko", possuidor da característica período juvenil longo.

As estimativas relativamente altas de correlação obtidas para NDM e APM podem ser explicadas pelas associações fisiológicas entre eles. Além disso, a tendência destes caracteres apresentarem alta herdabilidade, indica menor complexidade genética e sugere que a prática de seleção deve merecer atenção dos melhoristas já nas gerações iniciais.

As estimativas médias de correlações para o caráter VA (Tabela 33) foram baixas, semelhantes às encontradas para os caracteres Ac (Tabela 32) e PG (Tabela 34), o que demonstra a influência desses caracteres na avaliação e complexidade do VA. Estimativas médias de $r_p = 0,21$ e $r_s = 0,22$ para VA entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$ foram semelhantes à encontrada por PACOVA (1992), que foi de $r_s = 0,20$. Para o caráter Ac as correlações médias entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$ foram $r_p = 0,22$ e $r_s = 0,23$.

Nas Tabelas 34, 35 e 36, são apresentados os valores médios de correlações para os caracteres PG, %OL e PO respectivamente. Verifica-se de um modo geral que as correlações têm baixa magnitude (r_p e $r_s < 0,18$, envolvendo as gerações F_3 , $F_{4:3}$ e r_p e $r_s < 0,30$ para as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$); estes resultados comprovam a complexidade dos caracteres de importância econômica em soja e, conseqüentemente a dificuldade de se praticar seleção em gerações iniciais para estes caracteres. Sabe-se que os caracteres quantitativos como os citados acima, estão sob o controle de poligenes que se distribuem em todo o genoma da espécie e têm ações e interações complexas, de tal forma que entre gerações iniciais tem sido verificada baixa correlação. SINGH & HADLEY (1968) encontraram correlação de 0,25 para %OL entre as gerações F_2 , F_3 .

Para o caráter PG, PACOVA (1992) encontrou correlações médias de $r_p = 0,24$ e $r_s = 0,22$ entre as gerações F_2 , F_3 .

Estimativas superiores para os três caracteres foram obtidas entre as gerações $F_{4:3}$, $F_{5:3}$, comparativamente com as encontradas nas gerações F_3 , $F_{4:3}$. Este resultado já era esperado, pois evidências experimentais comprovam ser a variância genética aditiva e epistática do tipo aditiva x aditiva, componentes importantes da herança da produtividade de grãos, de óleo e %OL em soja (BRIM & COCKRHAM, 1961; HANSON & WEBER, 1962); com o aumento do grau de endogamia há incremento na proporção de variância genética aditiva disponível nas populações. Portanto, para esses caracteres, os resultados alcançados indicam que as avaliações devem ser iniciadas em F_4 ou F_5 .

4.6. Geração $F_{5:3}$

4.6.1. Ganhos genéticos com a seleção●

As Tabelas 37, 38 e 39 relatam as estimativas de ganhos genéticos esperados com a seleção empregando intensidades de seleção variáveis para os caracteres produtividade de grãos (PG), teor de óleo (%OL) e produtividade de óleo (PO), respectivamente.

Para os três caracteres foram aplicados três intensidades de seleção: $p = 5\%$, correspondendo à seleção de 85 progênies superiores; $p = 10\%$, correspondendo

à seleção de 170 progênies superiores e $p = 20\%$, correspondendo à seleção de 340 progênies superiores. Estas condições de seleção refletem situações de seleção a curto, médio e longo prazos, respectivamente.

Deve-se ressaltar que os ganhos esperados com a seleção podem estar superestimados, visto que quando se considera apenas uma época de semeadura a variância genética encontra-se mesclada (confundida) com a variância associada à interação genótipos x ambientes. Entretanto, valores semelhantes relativos aos coeficientes de herdabilidade dos três caracteres também são observados na literatura (BRIM, 1973; MARTIN & WILCOX, 1973; WEAVER & WILCOX, 1982).

A observação conjunta dos ganhos genéticos esperados indicam ser possível aumentar os caracteres PG, %OL e PO, pela prática da seleção. Verifica-se também que os ganhos esperados (\hat{G}_{s1} e \hat{G}_{s2}) com as intensidades de seleção aplicadas, foram semelhantes tanto usando como referência a média de todas as progênies antes da seleção (DS_1) quanto a média das testemunhas comuns (DS_2).

Os caracteres PG (Tabela 37) e PO (Tabela 39) foram os que possibilitaram maiores ganhos percentuais ($p = 5\%$, $\hat{G}_{s1} = 11,84\%$ e $\hat{G}_{s2} = 12,14\%$ para PG e $\hat{G}_{s1} = 10,71\%$ e $\hat{G}_{s2} = 11,25\%$ para PO).

Para o caráter %OL (Tabela 38) há possibilidades de se obter ganhos percentuais menores ($\hat{G}_{s1} = 2,07\%$, $\hat{G}_{s2} = 1,97\%$ e $\hat{G}_{s3} = 1,55\%$ com $p = 5\%$). Observa-se ainda que as estimativas de \hat{G}_{s3} , obtidas tendo como referência a média do %OL da testemunha comum UFV-4 (alto teor de óleo) foram inferiores às obtidas em \hat{G}_{s1} e \hat{G}_{s2} .

Na Tabela 40 são apresentados os números de progênies $F_{5,3}$ superiores por cruzamento, empregando intensidades de seleção variáveis para os caracteres PG, %OL e PO. Considerando-se o caráter PG em esquema de seleção a curto prazo ($p = 5\%$), nota-se que 14 cruzamentos não participariam com nenhuma progênie, sendo que 10 cruzamentos pertencem à cadeia de cruzamentos mista; em um esquema a médio prazo ($p = 10\%$), seis cruzamentos não participariam com nenhuma progênie, sendo todos da cadeia de cruzamentos mista; e, em esquema a longo prazo ($p = 20\%$) somente um cruzamento (Whight x SOC 81-76) não contribuiria com nenhuma progênie na seleção para PG.

Dentre os cruzamentos da cadeia mista nas três situações estudadas, é notável a participação de progênies superiores verificada no cruzamento Ax 5355-s x Paranagoiana ($5\% = 7$, $10\% = 10$ e $20\% = 16$ progênies superiores). Quanto à cadeia adaptada, destacaram-se os cruzamentos BR-9 x EMGOPA-301 ($5\% = 10$, $10\% = 14$ e $20\% = 23$ progênies superiores) e EMGOPA-301 x IAC-9 ($5\% = 13$, $10\% = 18$ e $20\% = 25$ progênies superiores). Esses resultados evidenciam o potencial genético desses cruzamentos em programas de melhoramento a curto prazo para PG.

Para o caráter %OL, ocorreu uma maior participação do número de cruzamentos com progênies superiores, relativamente ao caráter PG: sete cruzamentos em esquema a curto prazo (cinco da cadeia mista) e dois em esquema a médio prazo (cadeia mista) não contribuíram com progênies superiores. Os cruzamentos FT 81-2129 x Cobb ($5\% = 8$, $10\% = 13$ e $20\% = 18$ progênies superiores) e Cobb x BR-8 ($5\% = 5$, $10\% = 9$ e $20\% = 13$ progênies superiores) foram os que tiveram participação

expressiva em número de progênies superiores na cadeia mista. Na cadeia adaptada, com exceção dos cruzamentos, Planalto-s x GO 81-11094 e Cristalina-s x IAC-6, em esquema à curto prazo ($p = 5\%$), todos os demais mostraram-se promissores na extração de linhagens superiores para %OL.

Para o caráter PO, observou-se plena concordância com os resultados obtidos para PG, visto que os cruzamentos que apresentaram maior número de progênies superiores para PG foram também verificados para PO.

Considerando-se que as progênies $F_{5,3}$ foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados, o emprego de intensidade de seleção mais branda ($p = 20\%$) pode ser uma estratégia vantajosa, visto que tal procedimento permite que todos os cruzamentos sejam representados na próxima etapa de avaliação, e também tem a vantagem de minimizar os efeitos da interação genótipos x ambientes.

5. CONCLUSÕES

Os resultados obtidos neste trabalho permitem apontar as seguintes conclusões:

a. O delineamento de blocos aumentados apresentou coeficientes de variação experimental de magnitude aceitável para todas os caracteres avaliados, evidenciando boa precisão dos resultados obtidos e cujos valores foram semelhantes aos encontrados na literatura com o uso de delineamentos tradicionais como blocos ao acaso, em pesquisas com soja.

b. A análise do comportamento das progênes e as médias observadas nos cruzamentos, mostraram níveis elevados de variabilidade genética para os caracteres, representando um conjunto geneticamente promissor para a prática da seleção.

c. Considerando-se as estimativas de médias e variâncias dos caracteres produtividade de grãos e óleo, observou-se superioridade das progênes dos cruzamentos BR-9 x EMGOPA-301 e EMGOPA-301 x IAC-9, indicando a possibilidade da utilização dessas progênes em programas de melhoramento a curto prazo.

d. Em todos os caracteres estudados, a cadeia de cruzamentos entre parentais adaptados apresentou maior média e variabilidade do que a cadeia entre parentais exóticos e adaptados, com exceção do caráter teor de óleo.

e. A herdabilidade média para o caráter teor de óleo, determinada por meio da análise de variância, mostrou maior magnitude do que o caráter produtividade de grãos.

f. Verificaram-se correlações genéticas altas e positivas entre os caracteres número de dias para a maturidade, altura da planta na maturidade, acamamento, valor agrônômico, produtividade de grãos e produtividade de óleo. As correlações genéticas entre estes caracteres e teor de óleo foram praticamente nulas, sugerindo a possibilidade de combinar aqueles caracteres com teor de óleo por seleção.

g. Existe variabilidade genética remanescente entre progênies, conforme valores dos coeficientes de variação genética antes e após a prática da seleção, o que viabiliza a obtenção de ganhos futuros por meio de técnicas seletivas na maioria dos cruzamentos.

h. As estimativas de ganhos esperados com a seleção foram semelhantes para os caracteres produtividade de grãos e óleo, porém bem superiores ao obtido para o caráter teor de óleo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALLARD, R.W. & BRADSHAW, A.D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, 4:503-7, 1964.

ALMEIDA, L.A.C. Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente, efeitos diretos e indiretos, em variedades de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, 1979. 44p. (MS - Universidade Federal de Viçosa).

ANAND, S.C. & TORRIE, J.H. Heritability of field and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison, 3(6):508-11, 1963.

BAYS, I.A. Heritability and association of several quantitative characteres in segregating populations of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). Mississippi, 1976. 92p. (Ph.D. - Mississippi State University).

- BEARZOTI, E. Comparação entre métodos estatísticos na avaliação de clones de batata em um programa de melhoramento. Lavras, 1994. 128p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura de Lavras/ESAL).
- BONATO, E.R. Herança do tempo para o florescimento e para a maturidade em variantes naturais de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Piracicaba, 1989. 166p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- BONETTI, L.P. The use of single seed selection in combination with single seed descent for modifying oil content in soybeans [*Glycine max* (L.) Merrill]. Champaign, 1978. 63p. (M.Sc. - University of Illinois at Urbana).
- BOX, G.E.P. Some theorems on quadratic forms applied in the study of analysis of variance problems. **Annals of Mathematical Statistics**, Michigan, **25**:290-302,1954.
- BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: BERNARD, R.L. & WEISS, M.G., ed. **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison, American Society of Agronomy, 1973. p.155-85.
- BRIM, C.A. & BURTON, J.W. Recurrent selection in soybeans. II. Selection for increased percent protein in seeds. **Crop Science**, Madison, **19**:494-98, 1979.

- BRIM, C.A. & COCKERHAM, C.C. Inheritance of quantitative characteres in soybeans. **Crop Science**, Madison, 1:187-90, 1961.
- BRIM, C.A.; SCHUTZ, W.M.; COLLINS, F.I. Maternal effect on fatty acid composition and oil content of soybeans (*Glycine max* (L.) Merrill). **Crop Science**, Madison, 8:517-8, 1968.
- BURTON, J.W. & BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. III. Selection for increased percent oil in seeds. **Crop Science**, Madison, 21(1):31-4, 1981.
- CAMPOS, L.A.C. Estudo da heterose, da heterobeltiose e de correlações de algumas características agronômicas em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, 1979. 76p. (MS - Universidade Federal de Viçosa).
- CAVINESS, C.E. & PRONGSIRIVATHANA, C. Inheritance and association of plant height and its components in soybean cross. **Crop Science**, Madison, 8(2):221-4, 1968.
- CIANZIO, S.R.; CAVINS, J.F.; FEHR, N.R. Protein and oil percentage of temperate soybean genotypes evaluated in tropical environments. **Crop Science**, Madison, 25:602-6, 1985.

COLLINS, F.I. & SEDGWICK, V.F. Fatty acid composition of several varieties of soybeans. **Journal of the American Oil Chemistry Society**, Champaign, **36**: 641-4, 1959.

COMSTOCK, J.M. & MOLL, R.H. Genotype-environments interactions. In: HANSON, H.D. & ROBINSON, H.F., ed. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington, National Academy of Sciences/National Research Council, 1963. p.164-96.

DESTRO, D. Capacidade de combinação de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) apropriado para consumo humano. Piracicaba, 1991. 157p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

DESTRO, D.; SEDIYAMA, T.; SILVA, J.C.; SEDIYAMA, C.S.; THIÉBAUT, J.T.L. Estimativas de herdabilidade de alguns caracteres em dois cruzamentos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, **22**(3):291-304, 1987.

DUTTON, H.J.; LANCASTER, C.R.; EVANS, C.D.; COWAN, I.C. The flavor problem of soybean oil: VIII. Linolenic acid. **Journal of the American Oil Chemistry Society**, Champaign, **28**:115-8, 1951.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. New York, Longman, 1981. 340p.

FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, **55**:191-208, 1956.

FEDERER, W.T. Augmented designs with one-way elimination of heterogeneity. **Biometrics**, Alexandria, **17**:447-73, 1961.

FEDERER, W.T. & RAGHAVARAO, D.R. On augmented designs. **Biometrics**, Alexandria, **31**:29-35, 1975.

FEHR, W.R. Breeding methods for cultivar development. In: WILCOX, J.R., ed. **Soybeans: improvement, productions, and uses**. 2.ed. Madison, ASA/CSSA/SSSA, 1987. p.249-93.

FEHR, N.R. & CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames, Iowa State University, 12p. (Special Report, 80).

FEHR, N.R. & WEBER, C.R. Mass selection by seed size and specific gravity in soybean populations. **Crop Science**, Madison, **8**:551-4, 1968.

FISHER, R.A. **Statiscal methods for research workers**. London, Oliver and Boyd, 1925. 85p.

FONTES, L.G.; ALMEIDA FILHO, J.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C.S. Conteúdo de óleo e proteína bruta nos grãos e correlações com algumas características agronômicas de linhagens e variedades de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, **27**(149):17-22, 1980.

FREIRE FILHO, F.R. Parâmetros genéticos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, ESALQ/Departamento de Genética, 1985. 50p.

FREIRE FILHO, F.R. Análise genética de um dialelo entre genótipos precoces de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba, 1988. 224p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

FREY, K.J. & HORNER, T. Heritability in standard units. **Agronomy Journal**, Madison, **49**(2):59-62, 1957.

GATES, C.E.; WEBER, C.R.; HORNER, T.W. A linkage study of quantitative characters in a soybean cross. **Agronomy Journal**, Madison, **52**:45-9, 1960.

GRAEF, G.L.; FEHR, W.R.; MILLER, L.A.; HAMMOND, E.G.; CIANZIO, S.R.

Inheritance of fatty acid composition in a soybean mutant with low linolenic acid.

Crop Science, Madison, **28**:55-8, 1988.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize**

breeding. Ames, Iowa State University Press, 1988. 468p.

HAMMOND, E.G. & FEHR, W.R. Registration of A5 germplasm line of soybean

(reg. n° GP44). **Crop Science**, Madison, **23**:192, 1983.

HANSON, W.D. & WEBER, C.R. Resolution of genetic variability in self-pollinated

species with an application to the soybean. **Genetics**, Baltimore, **46**:1425-34,

1962.

HANSON, W.D. & WEBER, C.R. Analysis of genetic variability from generations

of a plant progeny lines in soybeans. **Crop Science**, Madison, **2**:63-7, 1962.

HINSON, K. Use of a long-juvenile trait in cultivar development. In: WORLD

SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4., Buenos Aires, 1989. **Proceedings**.

Buenos Aires, Asociación Argentina de La Soja, 1989. p.983-7.

- HIROMOTO, D.M. & VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, **9**(2):296-306, 1986.
- HORNER, T.W. & WEBER, C.R. Theoretical and experimental study of self-fertilized populations. **Biometrics**, Alexandria, **12**:404-14, 1956.
- HOWELL, R.W. & COLLINS, F.I. Factors affecting linolenic and linolenic acid content of soybean oil. **Agronomy Journal**, Madison, **69**:481-6, 1957.
- HYMOWITZ, T. On the domestication of soybean. **Economic Botany**, New York, **24**:408-21, 1970.
- JINKS, J.L. & CONNOLLY, Y. Selection for specific and general response to environmental differences. **Heredity**, London, **30**:33-40, 1973.
- JOHNSON, H.W. Breeding for oil and protein in soybeans. **Soybean Digest**, Madison, **21**:73-5, 1961.
- JOHNSON, H.W. & BERNARD, R.L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A.G. **The soybean**: genetics, breeding, physiology, nutrition and manegement. New York, Academic Press, 1963. p.1-73.

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

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

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames, Iowa University Press, 1969. 545p.

KIIHL, R.A.S. & GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4. Buenos Aires, 1989. **Proceedings**. Buenos Aires, Asociación Argentina de la Soja, 1989. v.2, p.994-1000.

KNOW, S.R. & TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, **4**:196-8, 1964.

LONNQUIST, J.H. Progress from recurrent selection procedures for the improvement of corn populations. **Bulletin University Nebraska College Agricultural Research**, Nebraska, **197**:1-33, 1961.

- MAHMUD, I. & KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. **Agronomy Journal**, Madison, **43**:605-9, 1951.
- MAINI, N.S. & BAINS, G.S. Effect of variety and agronomic practices on the yield and composition of soybean. **Indian Oilseed Journal**, **9**:231-42, 1965.
- MARCOS, E.A. Análise de grupos de experimentos em blocos completos aumentados através do pacote computacional SAS. Piracicaba, 1994. 91p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MARTIN, R.J. & WILCOX, J.R. Heritability of lowest pod height in soybean. **Crop Science**, Madison, **13**:201-3, 1973.
- MASCARENHAS, H.A.A.; QUAGGIO, J.A.; HIROCE, R.; BRAGA, N.R.; MIRANDA, M.A.C. de; TEIXEIRA, J.P.F. Respostas da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) à aplicação de doses de calcáreo em latossolo roxo distrófico de cerrado: I. Efeito imediato. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 2., Brasília, 1981. **Anais**. Londrina, EMBRAPA/CNPSO, 1981. v.2, p.742-51.
- MAURO, A.O. Parcelas experimentais na estimação de parâmetros genéticos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, 1984. 92p. (MS - Universidade Federal de Viçosa).

- McKENDRY, A.L. & McVETTY, P.B.E. Inheritance of seed protein and seed oil content in early maturing soybean. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, Ottawa, **27**:603-7, 1985.
- MILLER, J.E. & FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, **19**:101-6, 1979.
- MIRANDA, M.A.C. Seleção recorrente divergente para peso de sementes e porcentagem de óleo em soja com o uso de machoesterilidade genética. Piracicaba, 1994. 112p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- MIRANDA, M.A.C.; SUASSUNA FILHO, J.; BULISANI, E.A.; MASCARENHAS, H.A.A.; TISSELLI FILHO, O.; BRAGA, N.R. 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., Campinas, 1984. **Anais**. Londrina, EMBRAPA/CNPSo, 1984. p.308-17.
- MIRANDA, M.A.C. de; TEIXEIRA, J.P.F.; MASCARENHAS, H.A.A.; RETTORI, C. Possibilidade de seleção recorrente para aumento do teor de óleo em soja com a utilização da macho-esterilidade genética e da espectroscopia de ressonância nuclear magnética. **Bragantia**, Campinas, **48**(2):157-72, 1989.
- MOMENTÉ, V.G. Comparação entre diferentes tipos de famílias clonais para o melhoramento genético da batata (*Solanum tuberosum* L.). Lavras, 1994. 83p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura de Lavras/ESAL).
- MONTAÑO-VELASCO, J.C. Análise genética de progênies F₃ de soja derivadas de cruzamentos em cadeia com ênfase na produtividade de óleo. Piracicaba, 1994. 115p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- MONTEVERDE, E. Correlaciones fenotípicas y genotípicas entre rendimiento, proteína, aceite y otras características en soya. **Revista de la Facultad de Agronomía**, Maracay, **13**(1/4):183-214, 1984.
- NASS, L.L. Variabilidade genética de populações semi-exóticas de milho (*Zea mays* L.). Piracicaba, 1992. 136p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- NELDER, J.A. The interpretation of negative components of variance. **Biometrika**, Londres, **41**:544-8, 1954.
- NOGUEIRA, M.C.S. Análise conjunta para experimentos em blocos casualizados completos aumentados. Piracicaba, 1976. 49p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- OLIVEIRA, A.B. Estimativas de herdabilidade e de correlações em linhagens de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) derivadas pelo teste de geração precoce. Viçosa, 1985. 98p. (MS - Universidade Federal de Viçosa).
- OPENSHAW, S.J. & HADLEY, H.H. Selection indexes to modify protein concentration of soybean seeds. **Crop Science**, Madison, **24**(1):1-4, 1984.
- PACOVA, B.E.V. Análise genética de progênies segregantes de soja apropriada para o consumo humano. Piracicaba, 1992. 217p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- PASCHAL II, E.H. & WILCOX, J.R. Heterosis and combining ability in exotic soybean germoplasm. **Crop Science**, Madison, **15**:344-9, 1975.

- PATERNIANI, E.; MIRANDA FILHO, J.B. Melhoramento de populações. In: PATERNIANI, E., coord. **Melhoramento e produtividade do milho no Brasil**. Piracicaba, ESALQ/USP, p.202-56, 1978.
- PERKINS, J.M. & JINKS, J.L. Specificity of the interaction of genotypes with contrasting environments. **Heredity**, London, **26**(3):463-73, 1971.
- PHUL, P.S. & SHARMA, S.R. Screening of soybean germplasm for high-protein and high oil lines. **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, **20**:68-9, 1993.
- RAY, J.D.; HINSON, K.; MANKONO, J.E.B.; MALO, M.F. Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. **Crop Science**, Madison, **35**:1001-6, 1995.
- SANTOS, A.L.C. Variabilidade entre genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) nas fases imatura e madura de desenvolvimento. Piracicaba, 1988. 135p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SANTOS, M.X. Estudo do potencial genético de duas raças brasileiras de milho (*Zea mays* L.) para fins de melhoramento. Piracicaba, 1985. 186p. (Doutorado, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- SCOTT, A.J. & KNOTT, M. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, **30**:507-12, 1974.
- SHORTER, R.; BYTH, D.E.; MUNGOMERY, V.E. Estimates of selection parameters associated with protein and oil content of soybean seeds [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Australian Journal of Agricultural Research**, East Melbourne, **28**:211-22, 1976.
- SILVA, E.A. Análise de covariância em delineamentos de blocos completos aumentados (Blocos de Federer). Piracicaba, 1987. 106p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

- SIMPSON, A.M. & WILCOX, J.R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean population. **Crop Science**, Madison, **23**(6):1077-81, 1983.
- SINGH, B.B. & HADLEY, H.H. Maternal control of oil synthesis in soybean, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, Madison, **8**:622-5, 1968.
- SMITH, J.D. & CICLE, S.J. **Soybeans: chemistry and technology**. Westport, Avi, 1978. 470p.
- SMITH, J.D. & KINMAN, M.L. The use of parent-offspring regression as an estimator of heritability. **Crop Science**, Madison, **5**:595-6, 1965.
- SMOUSE, T.H. A review of soybean oil reversion flavor. **Journal of the American Oil Chemistry Society**, Champaign, **56**:747-51, 1979.
- SMOUSE, T.H. & CHANG, S.S. A systematic characterization of the reversion flavor of soybean oil. **Journal of the American Oil Chemistry Society**, Champaign, **44**:509-14, 1967.
- STEEL, R.G.D. & TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. 2.ed. New York, McGraw-Hill, 1980. 633p.
- TAI, G.C.C. Genotypic stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, **11**:184-90, 1971.
- TEIXEIRA, J.P.F.; MASCARENHAS, H.A.A.; MIRANDA, M.A.C.; BRAGA, N.R. Efeito de localidades, adubação e anos consecutivos de plantio sobre o teor de proteínas em sementes de soja cv. "Santa Rosa". **Científica**, São Paulo, **7**(3):343-6, 1979b.

- TEIXEIRA, J.P.F.; MASCARENHAS, H.A.A.; BATAGLIA, O.C. Efeito de cultivares, tipos de solos e práticas culturais sobre a composição química de sementes de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. In: SEMINÁRIO NACIONAL DE PESQUISA DE SOJA, 1., Londrina, 1978. **Anais**. Londrina, EMBRAPA/CNPSO, 1979a. v.1, p.11-6.
- THORNE, J.C. & FEHR, W.R. Incorporation of high protein exotic germplasm into soybean populations by 2 and 3 way crosses. **Crop Science**, Madison, **10**:652-5, 1970.
- VASCONCELOS, M.F.S. de. Competitividade do comércio internacional de soja. Piracicaba, 1994. 92p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- VELLO, N.A. Efeitos da introdução de germoplasma exótico sobre a produtividade e relações com a base genética das cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. Piracicaba, 1985. 91p. (Livre-Docência - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- VELLO, N.A. Ampliação da base genética do germoplasma e melhoramento de soja na ESALQ/USP. In: CÂMARA, G.M.S.; MARCOS FILHO, J.; OLIVEIRA, E.A.M., ed. **Simpósio sobre Cultura e Produtividade da Soja**, Piracicaba, FEALQ, 1992. p.60-81.
- VELLO, N.A. Base genética, fontes de genes e métodos de melhoramento para resistência a doenças. In: ENCONTRO SOBRE TEMAS DE GENÉTICA E MELHORAMENTO, 12., Piracicaba, 1995. **Anais**. Piracicaba, ESALQ/Departamento de Genética, 1995. p.11-23.

- VELLO, N.A.; FEHR, W.R.; BAHRENFUS, J.A. Genetic variability and agronomic performance of soybean populations developed from plant introduction. **Crop Science**, Madison, **24**(3):511-4, 1984.
- VENCOVSKY, R. **Princípios de genética quantitativa**. Piracicaba, ESALQ/Departamento de Genética, 1973. 97p. (Publicação didática, 16).
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. & VIEGAS, G.P., ed. **Melhoramento e produtividade do milho**. Campinas, Fundação Cargill, 1987. cap.5, p.137-214.
- VIZONI, E. Análise de experimentos em blocos casualizados completos aumentados (Blocos de Federer) com parcelas subdivididas no tempo. Piracicaba, 1989. 125p. (Mestrado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).
- WEAVER, D.B. & WILCOX, J.R. Heritabilities, gains from selection, and genetic correlations for characteristics of soybean grown in two row spacings. **Crop Science**, Madison, **22**:625-9, 1982.
- WEBER, C.P. & MOORTHY, B.R. Heritable and nonheritable relationships and variability of oil content and agronomic characters in the F₂ generation of soybean crosses. **Agronomy Journal**, Madison, **44**:202-9, 1952.
- WHITE, H.B.; QUACKENBUSH, F.W.; PROBST, A.H. Occurrence and inheritance of linolenic and linoleic acid in soybean seeds. **Journal of the American Oil Chemistry Society**, Champaign, **38**:113-7, 1961.
- WILCOX, J.R. & CAVINS, J.F. Inheritance of low linolenic acid content of the seed oil of a mutant in *Glycine max*. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, **7**:74-8, 1985.

- WILCOX, J.R. Breeding soybeans for improved oil quantity and quality. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 3., Ames, 1984. **Proceedings**. Boulder Westview Press, 1985. p.380-6.
- WILSON, R.F.; BURTON, J.W.; BRIM, C.A. Progress in the selection for altered fatty acid composition in soybeans. **Crop Science**, Madison, **21**:788-91, 1981.
- XU, H. & WILCOX, J.R. Recurrent selection for maturity and percent seed protein in *Glycine max* based on 50 plant evaluations. **Euphytica**, Wageningen, **62**:51-7, 1992.
- ZIMBACK, L.E.D. Cruzamentos em cadeia entre genótipos adaptados e exóticos de soja com ênfase na produção de óleo. Piracicaba, 1992. 178p. (Doutorado - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP).

TABELAS

Tabela 1. Esquema da análise de variância das testemunhas dentro de cada repetição com as esperanças dos quadrados médios. Primeira análise do experimento de 1991/92, baseando-se na Figura 1 (página 142).

FV	GL	QM	E(QM)
Testemunhas (T)	T-1	QM ₁	---
Fileiras / T	(F - 1)T	QM ₂	σ^2
Total	FT - 1		

onde: T : número de testemunhas
F : número de fileiras

Tabela 2. Esquema da análise de variância das testemunhas agrupando as repetições com as esperanças dos quadrados médios. Segunda análise do experimento de 1991/92, baseando-se na Figura 1 (página 142).

FV	GL	QM	E(QM)
Repetições (R)	R - 1	QM ₁	---
Testemunhas (T)/R	(T - 1)R	QM ₂	---
Resíduo Médio ^{a/}	(F - 1)TR	QM ₃	σ_e^2
Total	FTR - 1		

a/ : Resíduo médio = Fileiras/T/R.

Tabela 3. Esquema da análise de variância para os caracteres avaliados em progênies F4:3 e testemunhas. Terceira análise do experimento de 1991/92, baseando-se na Figura 1 (página 142).

FV	GL	QM	F
Grupos (G) ^{a/}	G - 1	QM ₁	---
Cruzamentos (C)/G	(C - 1)G	QM ₂	QM ₂ / QM ₃
Progênies (P)/C/G	(F - 1)CG	QM ₃	QM ₃ / QM ₇
Parcelas - Progênies	FCG - 1	QM ₄	
Repetições (R)	R - 1	QM ₅	---
Testemunhas (T)/R	(T - 1)R	QM ₆	---
Resíduo Médio ^{b/}	(F - 1)TR	QM ₇	
Parcelas - Testemunhas	FTR - 1	QM ₈	
P vs T	1	QM ₉	---
Total	F(GC + TR) - 1		

a/ : Efeito de blocos decomposto em Grupos (tratamentos regulares, sem repetição) e Repetições (tratamentos comuns ou testemunhas repetidas).

b/ : Resíduo médio = Fileiras/T/R.

Tabela 4. Esquema da análise de variância em blocos aumentados para os caracteres avaliados em progênies F5:3 e testemunhas, no experimento de 1991/93, baseando-se na Figura 1 (página 142).

FV	GL	QM	F
Blocos (B)	$B - 1$	QM ₁	---
Tratamentos ajustados	$R + T - 1$	QM ₂	QM ₂ / QM ₆
Regulares (R)/B	$(R - 1)B$	QM ₃	QM ₃ / QM ₆
Testemunhas (T)	$T - 1$	QM ₄	QM ₄ / QM ₆
T vs R/B	B	QM ₅	QM ₅ / QM ₆
Resíduo Intrabloco	$(B - 1)(T - 1)$	QM ₆	
Total	$R + BT - 1$		

Tabela 5. Esquema da análise de variância das progênes F4:3 empregando o resíduo médio com as esperanças matemáticas dos quadrados médios. Experimento de 1991/92, baseando-se na Figura 1 (página 142)

FV	QM	E(QM)
Grupos (G)	QM1	---
Cruzamentos (C)/G	QM2	---
Progênes (P)/C/G	QM3	$\sigma_e^2 + \sigma_g^2:C_n$
P / C _{1x2}	QM4	$\sigma_e^2 + \sigma_g^2:C_{1x2}$
P / C _{2x3}	QM5	$\sigma_e^2 + \sigma_g^2:C_{2x3}$
P / C _{3x4}	QM6	$\sigma_e^2 + \sigma_g^2:C_{3x4}$
.	.	.
.	.	.
P / C _{40x21}	QM43	$\sigma_e^2 + \sigma_g^2:C_{40x21}$
Resíduo Médio	QM44	σ_e^2

sendo:

$\sigma_g^2 : cn$ = variância entre progênes dentro dos n cruzamentos, sendo n = 1 a 40;

σ_e^2 : variância ambiental

Tabela 6. Esquema da análise de covariância com as esperanças matemáticas dos quadrados médios, entre pares de caracteres (X e Y) avaliados em progênes F4:3. Experimento de 1991/92, baseando-se na Figura 1 (página 142)

FV	GL	PM(X, Y)	F
Grupos (G)	G - 1	PM ₁	---
Cruzamentos (C)/G	(C - 1)G	PM ₂	---
Progênes (P)/C/G	(F - 1)CG	PM ₃	COV _E (X,Y) + COV _G (X,Y)
Parcelas - Progênes	FCG - 1	PM ₄	
Repetições (R)	R - 1	PM ₅	---
Testemunhas (T)/R	(T - 1)R	PM ₆	---
Resíduo Médio	(F - 1)TR	PM ₇	COV _E (X,Y)
Parcelas - Testemunhas	FTR - 1	PM ₈	---
P vs T	1	PM ₉	---
Total	F(GC + TR) - 1		

Tabela 7. Esquema da análise de variância das progênes F5:3 empregando o resíduo efetivo com as esperanças matemáticas dos quadrados médios. Experimento de 1992/93, baseando-se na Figura 1 (página 142)

FV	QM	E(QM) ^{b/}
Tratamentos	QM ₁	---
Cruzamentos (C)	QM ₂	---
Progênes (P)/C	QM ₃	$\sigma_e^{2'} + \sigma_g^2 : C_n$
P / C _{1x2}	QM ₄	$\sigma_e^{2'} + \sigma_g^2 : C_{1x2}$
P / C _{2x3}	QM ₅	$\sigma_e^{2'} + \sigma_g^2 : C_{2x3}$
P / C _{3x4}	QM ₆	$\sigma_e^{2'} + \sigma_g^2 : C_{3x4}$
.	.	.
.	.	.
.	.	.
P / C _{40x21}	QM ₄₃	$\sigma_e^{2'} + \sigma_g^2 : C_{40x21}$
Resíduo Efetivo ^{a/}	QM ₄₄	$\sigma_e^{2'}$

sendo

a/ : Resíduo Efetivo estimado de acordo com a fórmula da página 29.

b/ : $\sigma_g^2 : cn$ = variância entre progênes dentro dos n cruzamentos, sendo n = 1 a 40;

$\sigma_e^{2'}$: variância ambiental.

Tabela 8. Quadrados médios obtidos na análise de variância para número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (Ac), valor agrônômico (VA), teor de óleo (%OL), produtividade de grãos (PG) e produtividade de óleo (PO) em progênies F4:3 e testemunhas. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 03-12-1991.

FONTE DE VARIAÇÃO		QUADRADOS MÉDIOS							
	GL	NDM	APM	Ac	VA	%OL	PG	PO	
Grupos (G)	4	425,15 ^{ns}	6095,64*	2,76 ^{ns}	8,95**	3,20 ^{ns}	7263,51 ^{ns}	292,82 ^{ns}	
Cruzamentos (C)/G	195	351,31**	1885,21**	2,57**	2,60**	2,95**	26541,22**	1306,46**	
Progênies (P)/C/G	1892	23,83**	147,13**	0,27**	0,37**	0,90**	5725,52**	314,94**	
Parcelas - Progênies		2091							
Repetições (R)	4	43,17	621,95	0,39	0,53	1,11	20167,21	806,38	
Testemunhas (T)/R	15	1011,78	5973,93	15,11	11,73	7,25	63746,80	3369,98	
Resíduo Médio	220	0,83	88,52	0,06	0,13	0,44	3783,27	1885,54	
Parcelas-Testemunhas		239							
P vs T	1	1290,59**	29724,59**	81,88**	7,06**	435,29**	1485,11**	4845,63**	
Total	2331								
Médias		144	75	1,8	3,0	22,6	304	68,82	
CV (%)		1,0	12,9	13,6	12,0	2,9	20,3	19,9	
Unidades		n ^o	cm	notas	notas	%	gramas	gramas	

*, ** : significativo a 5% e 1%, respectivamente.
ns : não significativo.

Tabela 9. Quadrados médios obtidos na análise de variância em blocos aumentados para número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), acamamento (AC), valor agronômico (VA), teor de óleo (%OL), produtividade de grãos (PG) e produtividade de óleo (PO) em progênies F5:3 e testemunhas. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-1992..

FONTE DE VARIAÇÃO	GL	QUADRADOS MÉDIOS						
		NDM	APM	AC	VA	%OL	PG	PO
Blocos (B)	49	160,2	453,9	1,39	0,63	7,88	19625,06	1197,39
Tratamentos ajustados	1705	130,4**	421,0**	0,91**	0,67**	1,04**	9964,16**	556,94**
Regulares (R)/B	1652	118,7**	353,8**	0,78**	0,57**	0,89*	7671,32**	418,11**
Testemunhas (T)	3	8209,7**	41213,2**	77,74**	43,51**	60,52**	1084370,75**	65717,25**
T vs R/B	50	34,5**	194,3**	0,73**	1,380**	2,510**	21255,38**	1234,32**
Resíduo Intrablocos	147	27,5	117,8	0,07	0,15	0,69	4972,42	275,08
Média Geral		141,5	83,4	2,3	3,6	23,1	340,1	78,8
CV (%)		3,7	16,0	11,5	10,7	3,6	20,7	21,0
Unidades		nº	cm	notas	notas	%	gramas	gramas

*, ** : significativo a 5% e 1%, respectivamente.

ns : não significativo.

Tabela 10. NDM: NÚMERO DE DIAS PARA A MATURIDADE. Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	-92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	141	131	1x2	141	16	130-148	136	66	122-154
2 - FT 81-2706	147	144	2x3	135	17	128-147	131	34	123-153
3 - PI 371.610	130	133	3x4	141	39	130-155	139	59	126-155
4 - Paraná-s ^{b/}	134	130	4x5	135	21	128-158	136	90	125-160
5 - Kirby	133	130	5x6	142	17	130-156	132	38	123-156
6 - FT - 2	133	130	6x7	138	19	128-147	133	39	123-153
7 - N 82-2764-s	142	130	7x8	133	18	126-142	133	98	120-153
8 - SOC 81-127-s	133	130	8x9	134	21	128-147	133	74	120-160
9 - Wright	133	130	9x10	137	16	128-160	134	69	125-157
10 - SOC 81-76	133	130	10x11	137	34	130-148	137	90	125-162
11 - Foster	135	130	11x12	142	23	131-150	133	40	124-156
12 - FT 79-3408	134	130	12x13	136	28	130-148	132	38	124-157
13 - AX 5355-s	133	130	13x14	143	45	130-160	151	89	124-165
14 - Paranagoiana	155	150	14x15	142	39	128-156	147	130	125-162
15 - Jackson 4028-s	130	133	15x16	141	30	130-148	141	110	125-157
16 - FT 81-2129	133	130	16x17	143	29	130-161	141	92	126-159
17 - Cobb	141	139	17x18	139	13	133-147	136	38	128-152
18 - BR-8	136	135	18x19	139	14	128-148	136	27	126-147
19 - PI 200521	146	144	19x20	144	35	130-155	145	95	124-159
20 - SOC 81-216	130	130	20x1	145	50	128-156	150	87	130-168
21 - Bienville	134	130	21x22	144	15	131-151	141	83	125-162
22 - UFV - Araguaia	154	155	22x23	147	18	140-155	149	68	130-161
23 - Bossier-s	130	130	23x24	144	26	130-155	142	97	124-160
24 - UFV - 2	147	137	24x25	141	18	130-148	135	98	120-158
25 - GO 81-8491	133	130	25x26	135	15	128-148	135	82	125-155
26 - BR 80-15725-B-s	133	130	26x27	139	14	131-147	132	49	125-152
27 - Planalto-s	133	130	27x28	141	22	130-148	133	41	125-155
28 - GO 81-11094	140	130	28x29	144	33	133-160	142	137	128-171
29 - BR - 11	162	160	29x30	147	50	133-164	146	139	124-167
30 - FT - 8	147	139	30x31	136	22	130-147	136	77	125-156
31 - OC 79-7	130	130	31x32	142	31	130-151	148	86	130-160
32 - BR - 9	148	155	32x33	151	22	133-161	153	60	121-164
33 - EMGOPA - 301	155	160	33x34	154	15	141-164	154	37	141-165
34 - IAC - 9	150	150	34x35	149	20	140-156	150	58	130-162
35 - GO 79-1030	147	133	35x36	148	12	151-156	146	61	132-160
36 - Cristalina-s	155	155	36x37	150	22	140-156	150	53	130-160
37 - IAC - 6	150	150	37x38	149	17	140-160	150	75	127-162
38 - UFV - 4	155	155	38x39	143	21	130-161	137	76	127-158
39 - BR 80-16309	138	133	39x40	146	23	140-155	147	75	130-160
40 - UFV - 1	150	144	40x21	146	12	141-155	141	65	127-158
MÉDIAS	141	138		142			141		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 11. APM: ALTURA DA PLANTA (cm) NA MATURIDADE. Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	78	97	1x2	60	77	37-90	78	277	45-117
2 - FT 81-2706	76	95	2x3	58	96	31-85	73	238	44-105
3 - PI 371.610	51	72	3x4	78	117	51-108	85	177	56-120
4 - Paraná-s ^{b/}	57	67	4x5	60	153	33-88	75	467	43-113
5 - Kirby	45	72	5x6	57	109	21-93	74	150	53-110
6 - FT - 2	50	57	6x7	63	116	34-93	72	150	45-96
7 - N 82-2764-s	74	89	7x8	43	38	29-50	58	206	33-88
8 - SOC 81-127-s	61	87	8x9	53	118	23-77	63	222	41-91
9 - Wright	47	67	9x10	58	114	33-94	73	159	43-96
10 - SOC 81-76	100	95	10x11	60	164	38-98	72	364	41-116
11 - Foster	56	71	11x12	62	223	33-133	67	220	26-99
12 - FT 79-3408	63	68	12x13	68	91	39-91	69	169	45-96
13 - AX 5355-s	62	72	13x14	80	192	48-111	97	279	38-124
14 - Paranagoiana	96	77	14x15	71	195	24-108	93	369	34-125
15 - Jackson 4028-s	66	95	15x16	61	192	39-108	86	293	38-114
16 - FT 81-2129	66	82	16x17	70	210	28-98	88	389	36-132
17 - Cobb	62	72	17x18	52	99	19-83	62	91	43-83
18 - BR-8	51	71	18x19	55	97	19-78	69	158	39-92
19 - PI 200521	64	100	19x20	65	168	33-103	78	228	40-103
20 - SOC 81-216	53	62	20x1	68	121	49-91	91	282	49-131
21 - Bienville	50	57	21x22	64	142	43-107	77	216	48-109
22 - UFV - Araguaia	78	99	22x23	75	281	43-113	84	216	60-115
23 - Bossier-s	60	67	23x24	66	301	33-107	83	346	36-128
24 - UFV - 2	80	87	24x25	74	153	45-104	87	250	58-123
25 - GO 81-8491	84	120	25x26	72	157	39-108	83	422	37-116
26 - BR 80-15725-B-s	89	77	26x27	62	60	38-83	66	188	40-100
27 - Planalto-s	47	57	27x28	72	168	43-103	91	389	49-130
28 - GO 81-11094	84	95	28x29	80	150	49-114	99	497	62-168
29 - BR - 11	95	107	29x30	66	157	34-93	87	425	53-136
30 - FT - 8	59	55	30x31	65	113	37-93	82	185	56-104
31 - OC 79-7	64	72	31x32	80	237	49-121	96	441	30-128
32 - BR - 9	98	92	32x33	96	94	74-116	104	175	78-129
33 - EMGOPA - 301	89	120	33x34	95	93	68-128	103	237	72-135
34 - IAC - 9	97	125	34x35	92	144	49-128	95	171	69-123
35 - GO 79-1030	100	100	35x36	85	106	59-106	90	317	54-128
36 - Cristalina-s	86	100	36x37	88	129	63-112	100	220	62-135
37 - IAC - 6	102	110	37x38	86	197	48-118	98	305	58-145
38 - UFV - 4	100	97	38x39	69	118	44-92	87	293	53-115
39 - BR 80-16309	72	79	39x40	75	195	29-103	88	191	45-125
40 - UFV - 1	86	92	40x21	66	130	39-96	78	255	38-109
MÉDIAS	72	85		69			83		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 12. Ac: ACAMAMENTO (notas de 1 a 5). Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba - SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	3,4	2,6	1x2	1,1	0,13	0,9-3,0	2,0	1,00	0,6-4,1
2 - FT 81-2706	1,4	2,6	2x3	1,2	0,12	1,0-3,1	1,5	0,62	0,6-4,1
3 - PI 371.610	1,0	2,6	3x4	1,7	0,39	0,9-4,1	2,7	1,25	0,4-5,0
4 - Paraná-s ^{b/}	1,0	1,6	4x5	1,1	0,17	0,9-4,1	1,7	0,98	0,1-4,1
5 - Kirby	1,0	1,6	5x6	1,1	0,01	0,9-1,6	1,4	0,50	0,4-4,1
6 - FT - 2	1,0	1,6	6x7	1,3	0,26	0,9-3,1	1,6	0,50	0,1-3,4
7 - N 82-2764-s	1,9	3,6	7x8	1,0	0,01	0,9-1,1	1,3	0,52	0,1-2,9
8 - SOC 81-127-s	1,3	2,6	8x9	1,0	0,02	0,9-2,1	1,2	0,41	0,1-3,4
9 - Wright	1,2	2,6	9x10	1,1	0,08	0,9-2,1	1,2	0,31	0,1-2,4
10 - SOC 81-76	1,7	2,6	10x11	1,1	0,13	0,9-2,9	1,4	0,64	0,1-3,9
11 - Foster	1,4	1,6	11x12	1,5	0,64	0,9-4,9	1,4	0,52	0,4-3,1
12 - FT 79-3408	1,1	2,6	12x13	1,4	0,74	0,9-5,0	1,6	0,48	0,4-3,9
13 - AX 5355-s	1,2	1,6	13x14	1,4	0,35	0,9-3,1	1,9	0,68	0,6-4,1
14 - Paranagoiana	1,0	1,6	14x15	1,2	0,13	0,9-2,1	1,8	0,55	0,6-4,0
15 - Jackson 4028-s	1,8	2,6	15x16	1,0	0,04	0,9-2,1	1,9	0,71	0,4-3,9
16 - FT 81-2129	1,3	1,6	16x17	1,1	0,08	0,9-2,1	1,7	0,59	0,6-3,4
17 - Cobb	1,0	1,6	17x18	1,0	0,01	0,9-1,1	1,3	0,46	0,1-3,4
18 - BR-8	1,0	1,6	18x19	1,1	0,08	0,9-2,1	1,5	0,42	0,6-2,9
19 - PI 200521	1,3	3,6	19x20	1,2	0,19	0,9-3,1	1,6	0,47	0,1-3,9
20 - SOC 81-216	1,0	1,6	20x1	1,2	0,26	0,9-3,0	2,1	0,66	0,1-3,9
21 - Bienville	1,0	1,6	21x22	1,1	0,07	0,9-2,1	2,0	0,76	0,4-4,6
22 - UFV - Araguaia	3,4	2,6	22x23	1,6	0,54	0,9-3,9	1,9	0,75	0,6-4,1
23 - Bossier-s	1,6	1,6	23x24	1,1	0,05	0,9-2,1	2,0	0,93	0,4-4,4
24 - UFV - 2	1,0	3,6	24x25	1,7	0,31	0,9-4,0	2,4	1,36	0,1-5,0
25 - GO 81-8491	3,7	4,6	25x26	1,3	0,24	0,9-3,1	2,9	1,80	0,6-5,0
26 - BR 80-15725-B-s	3,0	3,6	26x27	1,2	0,13	0,9-3,1	1,3	0,70	0,1-4,6
27 - Planalto-s	1,0	1,6	27x28	1,6	0,36	0,9-3,1	2,4	1,13	0,6-5,0
28 - GO 81-11094	3,1	3,6	28x29	2,1	0,4	0,9-3,9	2,5	0,84	0,9-5,0
29 - BR - 11	1,8	2,6	29x30	1,1	0,06	0,9-2,1	1,8	0,86	0,4-4,1
30 - FT - 8	1,0	1,6	30x31	1,1	0,14	0,9-2,5	1,5	0,48	0,1-3,4
31 - OC 79-7	1,6	1,6	31x32	1,2	0,14	0,9-2,1	1,8	0,63	0,4-3,9
32 - BR - 9	2,0	1,6	32x33	1,6	0,29	0,9-3,1	2,0	0,72	0,6-4,9
33 - EMGOPA - 301	1,0	2,6	33x34	1,8	0,36	0,9-3,9	2,2	0,49	0,6-4,35
34 - IAC - 9	1,6	3,6	34x35	2,3	0,49	1,0-5,0	2,5	1,07	0,9-5,0
35 - GO 79-1030	2,0	3,6	35x36	1,9	0,91	0,9-5,0	2,4	0,95	0,4-5,0
36 - Cristalina-s	1,8	2,6	36x37	2,1	0,6	1,0-4,9	2,6	0,86	0,6-4,8
37 - IAC - 6	3,9	4,6	37x38	2,2	0,36	1,0-3,9	2,5	0,82	0,9-5,0
38 - UFV - 4	1,0	2,6	38x39	1,2	0,19	1,0-2,9	1,7	0,94	0,1-5,0
39 - BR 80-16309	2,8	1,6	39x40	1,7	0,53	1,0-3,1	2,0	0,98	0,1-4,4
40 - UFV - 1	2,8	3,6	40x21	1,4	0,25	1,0-3,1	1,8	0,55	0,6-3,9
MÉDIAS	1,7	2,5		1,4			1,9		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 13. VA: VALOR AGRONÔMICO (notas de 1 a 5). Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	3,3	4,1	1x2	2,6	0,34	1,6-4,0	3,6	0,67	1,6-5,0
2 - FT 81-2706	3,7	5,0	2x3	2,3	0,34	0,9-3,5	3,3	0,84	1,4-5,0
3 - PI 371.610	1,9	3,1	3x4	3,2	0,41	2,0-4,1	3,5	0,85	1,6-5,0
4 - Paraná-s ^{b/}	2,3	2,1	4x5	2,3	0,29	1,0-3,6	3,2	0,60	1,6-4,7
5 - Kirby	1,4	4,1	5x6	2,6	0,51	1,1-4,5	3,8	0,48	2,6-5,0
6 - FT - 2	1,8	3,1	6x7	2,7	0,45	1,5-4,0	3,5	0,48	1,8-5,0
7 - N 82-2764-s	3,4	4,1	7x8	1,7	0,28	0,8-2,5	2,5	0,59	0,6-3,7
8 - SOC 81-127-s	2,4	4,1	8x9	2,2	0,34	1,0-4,0	3,0	0,73	1,6-5,0
9 - Wright	1,8	2,1	9x10	2,2	0,38	0,8-4,0	3,5	0,91	1,4-5,0
10 - SOC 81-76	2,5	4,1	10x11	2,3	0,47	1,0-4,0	3,3	0,88	1,4-5,0
11 - Foster	3,0	2,1	11x12	2,6	0,26	1,0-4,0	3,4	0,65	1,8-5,0
12 - FT 79-3408	2,3	4,1	12x13	2,8	0,35	1,8-4,6	3,5	0,69	1,4-5,0
13 - AX 5355-s	2,5	3,1	13x14	3,1	0,28	2,0-4,0	3,8	0,54	1,8-5,0
14 - Paranagoiana	4,0	4,1	14x15	2,9	0,43	1,0-4,0	3,7	0,80	1,4-5,0
15 - Jackson 4028-s	2,1	4,1	15x16	2,6	0,25	1,8-4,1	3,5	0,66	1,4-5,0
16 - FT 81-2129	2,3	3,1	16x17	2,8	0,41	1,0-4,0	3,6	0,63	1,6-5,0
17 - Cobb	2,9	4,1	17x18	2,5	0,31	1,5-4,0	3,3	0,41	1,9-4,6
18 - BR-8	2,3	3,1	18x19	2,5	0,31	1,5-4,0	3,6	0,58	1,9-5,0
19 - PI 200521	3,5	3,1	19x20	2,7	0,39	1,8-4,0	3,7	0,37	2,4-4,7
20 - SOC 81-216	2,1	2,1	20x1	2,9	0,45	1,6-4,0	3,9	0,38	2,4-5,0
21 - Bienville	2,3	3,1	21x22	3,0	0,41	1,8-4,1	3,7	0,59	1,6-5,0
22 - UFV - Araguaia	3,6	4,1	22x23	3,2	0,26	2,0-4,1	3,7	0,29	2,6-4,8
23 - Bossier-s	2,0	3,1	23x24	2,8	0,57	1,1-4,1	3,7	0,67	1,6-5,0
24 - UFV - 2	3,7	3,1	24x25	2,8	0,53	1,5-5,0	3,4	0,54	1,6-4,6
25 - GO 81-8491	2,1	2,1	25x26	2,8	0,29	1,6-4,5	2,9	0,76	1,0-4,6
26 - BR 80-15725-B-s	2,5	3,1	26x27	2,7	0,27	1,8-4,0	3,1	0,49	1,6-4,6
27 - Planalto-s	2,0	2,1	27x28	3,0	0,50	1,0-4,5	3,6	0,71	1,8-5,0
28 - GO 81-11094	2,9	4,1	28x29	3,1	0,32	2,0-4,0	3,7	0,54	1,9-5,0
29 - BR - 11	3,9	5,0	29x30	2,8	0,45	1,0-4,0	3,9	0,37	2,3-5,0
30 - FT - 8	3,4	3,1	30x31	2,7	0,36	1,3-4,0	3,6	0,57	1,6-5,0
31 - OC 79-7	2,5	3,1	31x32	3,2	0,38	1,8-4,5	3,9	0,35	2,6-5,0
32 - BR - 9	4,0	4,6	32x33	3,7	0,22	2,0-4,1	4,2	0,39	2,7-5,0
33 - EMGOPA - 301	3,9	4,1	33x34	3,6	0,24	2,8-4,1	4,3	0,25	3,2-5,0
34 - IAC - 9	3,4	4,1	34x35	3,4	0,22	2,1-4,1	3,7	0,67	1,6-5,0
35 - GO 79-1030	4,0	4,1	35x36	3,3	0,32	2,0-4,1	3,8	0,51	2,0-5,0
36 - Cristalina-s	2,9	4,1	36x37	3,3	0,54	2,0-4,1	4,0	0,61	2,4-5,0
37 - IAC - 6	3,0	4,1	37x38	3,3	0,24	2,0-4,0	4,0	0,45	2,6-5,0
38 - UFV - 4	3,0	4,1	38x39	3,1	0,29	1,8-4,5	3,9	0,68	1,9-5,0
39 - BR 80-16309	2,8	5,0	39x40	3,2	0,58	1,0-4,8	4,0	0,56	2,0-5,0
40 - UFV - 1	3,2	3,1	40x21	2,8	0,46	1,0-4,0	3,9	0,51	2,4-5,0
MÉDIAS	2,8	3,6		2,8			3,6		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 14. PG: PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (gramas / 1,2 m²). Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	311	455	1x2	308	5453	199-499	369	8786	188-699
2 - FT 81-2706	330	418	2x3	251	3324	143-447	308	3936	150-459
3 - PI 371.610	173	192	3x4	332	9926	176-703	374	8281	203-558
4 - Paraná-s ^{b/}	177	196	4x5	250	1388	176-375	292	3199	207-480
5 - Kirby	131	212	5x6	308	6214	209-594	367	6776	203-547
6 - FT - 2	197	328	6x7	316	6520	198-552	341	8973	233-743
7 - N 82-2764-s	320	401	7x8	168	1976	116-329	241	14589	65-496
8 - SOC 81-127-s	251	295	8x9	245	1936	149-419	282	4157	173-424
9 - Wright	214	175	9x10	234	813	148-309	276	2392	137-370
10 - SOC 81-76	231	341	10x11	248	2935	175-497	299	5695	150-466
11 - Foster	314	208	11x12	277	3473	169-503	293	4205	174-449
12 - FT 79-3408	179	507	12x13	285	2947	174-483	374	8399	232-662
13 - AX 5355-s	270	402	13x14	319	5795	192-501	376	12040	167-596
14 - Paranagoiana	345	389	14x15	308	8310	183-570	358	7812	208-652
15 - Jackson 4028-s	218	400	15x16	289	3898	197-605	288	4861	127-425
16 - FT 81-2129	171	252	16x17	320	4303	211-439	346	9842	189-572
17 - Cobb	246	225	17x18	311	5929	174-528	317	5293	192-490
18 - BR-8	229	282	18x19	307	6692	186-576	354	8035	207-535
19 - PI 200521	347	560	19x20	306	6503	195-543	321	5968	151-478
20 - SOC 81-216	204	179	20x1	314	9465	189-646	369	8718	172-608
21 - Bienville	183	142	21x22	290	5196	175-526	349	10696	174-703
22 - UFV - Araguaia	311	427	22x23	332	6461	225-571	348	6752	239-580
23 - Bossier-s	193	184	23x24	284	4897	176-526	329	6618	166-486
24 - UFV - 2	285	385	24x25	305	5848	191-561	352	5430	193-509
25 - GO 81-8491	262	278	25x26	255	2065	158-419	295	6642	193-553
26 - BR 80-15725-B-s	308	196	26x27	280	3058	189-421	304	5875	194-564
27 - Planalto-s	208	259	27x28	314	5667	205-504	363	9530	196-756
28 - GO 81-11094	208	390	28x29	311	5935	216-526	321	4595	186-510
29 - BR - 11	354	384	29x30	285	6606	199-555	348	7153	227-606
30 - FT - 8	260	309	30x31	280	4070	178-455	303	4882	161-518
31 - OC 79-7	155	377	31x32	329	5588	178-505	338	5860	206-489
32 - BR - 9	372	485	32x33	416	14097	245-770	434	11424	247-751
33 - EMGOPA - 301	267	463	33x34	351	5901	210-515	432	14318	216-740
34 - IAC - 9	396	265	34x35	379	8597	225-736	410	10466	243-732
35 - GO 79-1030	315	599	35x36	343	8702	217-569	399	6601	231-585
36 - Cristalina-s	343	369	36x37	365	8156	225-609	406	7847	190-639
37 - IAC - 6	270	360	37x38	338	5824	199-591	387	7919	188-589
38 - UFV - 4	338	597	38x39	311	5499	209-523	321	6522	181-562
39 - BR 80-16309	259	470	39x40	333	5652	191-558	362	5642	212-572
40 - UFV - 1	275	266	40x21	332	8126	196-641	351	5049	185-551
MÉDIAS	261	341		303			342		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior

Tabela 15. %OL: TEOR DE ÓLEO. Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênes F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	23,5	23,3	1x2	23,4	0,76	21,3-25,4	23,4	1,00	20,5-26,0
2 - FT 81-2706	23,2	23,0	2x3	23,6	1,26	20,2-25,2	22,9	1,21	21,3-25,4
3 - PI 371.610	22,5	22,8	3x4	23,0	1,26	20,3-25,2	23,1	1,62	20,2-25,2
4 - Paraná-s ^{b/}	23,3	23,7	4x5	24,0	0,63	22,3-25,1	23,1	0,65	21,7-25,1
5 - Kirby	23,2	22,8	5x6	23,0	0,88	21,2-25,8	23,1	0,72	21,1-24,8
6 - FT - 2	22,9	22,6	6x7	23,1	1,11	19,9-25,7	22,7	1,21	20,1-25,4
7 - N 82-2764-s	23,4	24,3	7x8	23,5	0,21	22,7-24,3	23,8	0,55	21,9-24,8
8 - SOC 81-127-s	23,2	23,2	8x9	23,6	0,58	21,8-25,1	22,9	0,93	21,3-24,5
9 - Wright	23,0	22,2	9x10	24,0	0,88	22,0-26,0	23,4	1,30	21,5-25,8
10 - SOC 81-76	23,0	23,8	10x11	23,7	1,18	20,1-25,8	23,4	0,95	21,2-25,1
11 - Foster	23,1	23,5	11x12	24,0	0,63	21,2-26,2	23,2	1,39	20,7-25,3
12 - FT 79-3408	23,2	24,2	12x13	22,8	1,25	17,9-25,2	22,8	1,25	20,6-24,6
13 - AX 5355-s	22,8	22,9	13x14	22,8	0,81	20,1-24,2	22,5	1,22	20,1-25,3
14 - Paranagoiana	23,6	23,2	14x15	23,4	0,95	20,1-25,2	23,2	0,98	21,1-25,9
15 - Jackson 4028-s	23,0	23,6	15x16	24,0	0,91	21,2-25,7	23,2	1,01	20,9-25,3
16 - FT 81-2129	23,2	23,1	16x17	23,5	1,19	21,0-25,4	23,6	1,82	20,2-25,8
17 - Cobb	23,2	22,9	17x18	24,0	0,54	22,1-25,5	23,6	0,94	22,1-26,1
18 - BR-8	23,7	23,8	18x19	22,8	1,30	19,4-25,3	23,2	0,99	21,0-25,4
19 - PI 200521	22,9	23,5	19x20	23,4	0,46	21,8-25,2	23,2	1,73	19,9-26,0
20 - SOC 81-216	23,2	23,4	20x1	22,8	1,01	20,2-24,9	23,0	0,75	21,3-24,6
21 - Bienville	23,7	22,9	21x22	23,1	0,61	20,8-25,2	23,4	0,83	21,0-25,6
22 - UFV - Araguaia	23,5	23,9	22x23	22,7	1,28	19,2-25,1	23,1	1,39	19,4-25,3
23 - Bossier-s	23,7	23,3	23x24	23,6	0,63	21,0-25,2	23,3	1,21	21,2-26,3
24 - UFV - 2	23,2	23,5	24x25	23,6	0,98	20,9-25,5	23,5	1,00	21,5-25,8
25 - GO 81-8491	23,5	23,0	25x26	23,9	1,17	20,6-25,7	23,2	0,83	21,4-25,3
26 - BR 80-15725-B-s	23,5	23,9	26x27	23,5	1,46	20,3-25,7	23,6	1,11	21,7-26,0
27 - Planalto-s	22,9	23,0	27x28	23,6	0,78	21,0-25,1	23,2	0,69	21,3-24,7
28 - GO 81-11094	23,5	24,4	28x29	23,4	1,04	20,9-25,7	23,3	1,42	20,3-26,3
29 - BR - 11	22,8	22,3	29x30	23,2	0,72	20,8-25,2	23,5	1,13	21,6-25,6
30 - FT - 8	23,5	24,1	30x31	23,5	0,82	21,1-25,6	23,4	1,10	21,0-26,0
31 - OC 79-7	23,3	23,8	31x32	22,9	0,81	20,1-24,9	23,4	1,11	21,7-25,5
32 - BR - 9	23,5	23,1	32x33	23,0	0,83	20,6-24,2	23,2	0,86	20,2-25,1
33 - EMGOPA - 301	23,3	23,4	33x34	22,7	0,77	20,1-24,2	22,6	1,17	19,4-25,4
34 - IAC - 9	23,0	22,9	34x35	22,7	0,76	20,5-24,7	23,0	1,38	20,9-25,1
35 - GO 79-1030	23,0	22,7	35x36	22,9	0,74	21,0-25,8	23,0	1,19	20,7-25,2
36 - Cristalina-s	23,6	23,5	36x37	23,3	0,50	21,8-24,8	22,9	0,98	20,7-24,8
37 - IAC - 6	23,2	23,2	37x38	23,3	0,74	20,7-25,4	23,1	1,08	20,5-25,4
38 - UFV - 4	24,0	23,9	38x39	23,7	0,84	21,2-25,2	23,5	1,03	21,0-25,6
39 - BR 80-16309	23,1	24,9	39x40	22,9	0,63	20,7-25,5	23,2	1,37	20,3-25,3
40 - UFV - 1	23,1	22,9	40x21	23,0	1,18	19,1-25,0	23,1	0,87	20,8-25,3
MÉDIAS	23,3	23,4		23,3			23,2		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 16. PO: PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (gramas / 1,2 m²). Estimativas de médias ajustadas (\bar{X}), variâncias fenotípicas (S^2) e intervalo de variação obtidas em progênies F4:3 e F5:3 a partir de cruzamentos em cadeia. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

PARENTAIS	\bar{X}		CRUZ	F4:3			F5:3		
	91/92	92/93		\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação	\bar{X}	S^2	Intervalo de Variação
1 - Andrews Púrpura ^{a/}	74	106	1x2	72	315	46-122	87	472	44-163
2 - FT 81-2706	77	96	2x3	59	186	31-103	71	215	35-99
3 - PI 371.610	39	44	3x4	76	484	39-142	86	440	49-121
4 - Paraná-s ^{b/}	41	46	4x5	60	79	46-89	68	190	48-112
5 - Kirby	30	48	5x6	71	355	48-137	85	348	48-126
6 - FT - 2	45	74	6x7	73	321	43-128	78	486	54-171
7 - N 82-2764-s	75	97	7x8	40	103	28-75	58	861	15-120
8 - SOC 81-127-s	58	68	8x9	58	108	34-92	65	244	37-102
9 - Wright	49	39	9x10	56	48	36-72	65	140	34-89
10 - SOC 81-76	53	81	10x11	59	132	39-103	70	309	35-107
11 - Foster	73	49	11x12	66	208	38-119	68	284	35-110
12 - FT 79-3408	42	123	12x13	65	92	41-111	85	453	51-160
13 - AX 5355-s	62	92	13x14	73	304	43-117	85	621	32-135
14 - Paranagoiana	82	90	14x15	72	401	44-122	83	415	48-143
15 - Jackson 4028-s	50	94	15x16	69	237	47-142	67	273	30-106
16 - FT 81-2129	40	58	16x17	75	239	47-107	82	570	48-138
17 - Cobb	57	52	17x18	75	378	41-126	75	314	47-118
18 - BR-8	54	67	18x19	70	365	43-131	83	494	46-125
19 - PI 200521	80	132	19x20	72	342	45-125	74	301	40-105
20 - SOC 81-216	47	42	20x1	72	514	43-148	85	469	37-138
21 - Bienville	43	33	21x22	67	285	40-115	82	601	41-167
22 - UFV - Araguaia	73	102	22x23	75	312	51-135	81	377	54-137
23 - Bossier-s	46	43	23x24	67	300	43-122	77	375	39-116
24 - UFV - 2	66	90	24x25	72	385	46-139	83	307	52-117
25 - GO 81-8491	62	64	25x26	61	161	40-97	69	411	43-140
26 - BR 80-15725-B-s	73	47	26x27	66	173	42-97	72	353	45-132
27 - Planalto-s	48	60	27x28	74	355	47-122	84	509	49-178
28 - GO 81-11094	49	95	28x29	73	290	46-110	75	251	40-114
29 - BR - 11	81	86	29x30	66	359	45-134	82	387	50-133
30 - FT - 8	61	74	30x31	66	247	42-108	71	274	41-122
31 - OC 79-7	36	90	31x32	75	292	42-116	79	352	46-121
32 - BR - 9	87	112	32x33	96	814	56-190	101	617	55-165
33 - EMGOPA - 301	62	108	33x34	80	301	46-117	98	729	50-170
34 - IAC - 9	91	61	34x35	86	455	51-176	95	639	55-175
35 - GO 79-1030	72	136	35x36	79	454	50-135	91	325	58-128
36 - Cristalina-s	81	87	36x37	85	493	50-145	93	422	43-151
37 - IAC - 6	63	84	37x38	79	336	44-138	89	403	49-127
38 - UFV - 4	81	143	38x39	74	332	49-127	75	334	46-118
39 - BR 80-16309	60	113	39x40	77	320	44-126	84	353	44-141
40 - UFV - 1	64	61	40x21	76	455	45-150	81	263	47-134
MÉDIAS	61	80		71			80		

a/ : parentais ímpares de 1 a 19 representam germoplasma exótico.

b/ : o sufixo s refere-se à seleção de uma planta que apresentou teor de óleo superior.

Tabela 17. Estimativas de médias (\bar{X}), e variâncias fenotípicas (S^2) de duas cadeias de cruzamentos obtidas em progênies F_{4:3}. Soja, Piracicaba - SP, semeadura em 3-12-91.

CADEIAS DE CRUZAMENTOS						
CARACTERES ¹	UNIDADES	EXÓTICO x ADAPTADO		ADAPTADO x ADAPTADO		
		\bar{X}	S^2	\bar{X}	S^2	
NDM	dias	139,4	524	144,8	428	
APM	cm	62,1	2690	76,4	3125	
Ac	notas	1,2	3,8	1,6	6,4	
VA	notas	2,6	7,2	3,1	7,5	
%OL	%	23,4	18,2	23,2	17,4	
PG	g/1,2 m ²	285	97800	322	126678	
PO	g/1,2 m ²	66,7	5233	74,7	7119	

1) Para identificar os caracteres, consultar o Apêndice 6.

Tabela 18. Estimativas de médias (\bar{X}), e variâncias fenotípicas (S^2) de duas cadeias de cruzamentos obtidas em progênies F5:3. Soja, Piracicaba - SP, semeadura em 2-12-92.

CARACTERES ¹	UNIDADES	CADEIAS DE CRUZAMENTOS			
		EXÓTICO x ADAPTADO		ADAPTADO x ADAPTADO	
		\bar{X}	S^2	\bar{X}	S^2
NDM	dias	137	1453	144	1517
APM	cm	76	4888	89	5739
Ac	notas	1,6	12,27	2,1	17,68
VA	notas	3,5	12,74	3,8	10,51
%OL	%	23,17	22,22	23,22	21,75
PG	g/1,2 m ²	327	141985	358	149921
PO	g/1,2 m ²	76,0	7899	83,1	8282

1) Para identificar os caracteres, consultar o Apêndice 6.

Tabela 19. Médias ajustadas e classificação¹ (C) de 40 cruzamentos envolvendo progênies F4:3 para sete caracteres. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 3-12-91.

CRUZ ³	CARACTERES ²													
	NDM	C	APM	C	AC	C	VA	C	%OL	C	PG	C	PO	C
1x2	141	E	60	E	1,1	C	2,6	C	23,4	B	308	B	72	B
2x3	135	F	58	E	1,2	C	2,3	D	23,6	B	251	D	59	C
3x4	142	E	78	C	1,7	B	3,2	B	22,9	C	332	B	76	B
4x5	135	F	60	E	1,1	C	2,3	D	23,9	A	250	D	60	C
5x6	142	E	57	E	1,1	C	2,6	C	23,1	B	308	B	71	B
6x7	138	F	63	D	1,3	C	2,7	C	23,1	B	316	B	73	B
7x8	133	F	43	G	1,0	C	1,7	E	23,4	B	168	E	40	D
8x9	134	F	53	F	1,0	C	2,2	D	23,6	B	245	D	58	C
9x10	137	F	58	E	1,1	C	2,2	D	24,0	A	234	D	56	C
10x11	137	F	60	E	1,1	C	2,3	D	23,7	A	248	D	59	C
11x12	142	E	62	D	1,5	C	2,6	C	24,0	A	277	C	66	C
12x13	136	F	68	D	1,4	C	2,8	C	22,8	C	285	C	65	C
13x14	143	D	80	C	1,4	C	3,1	B	22,8	C	319	B	73	B
14x15	142	E	71	D	1,2	C	2,9	C	23,4	B	308	B	72	B
15x16	141	E	61	D	1,0	C	2,6	C	24,0	A	289	C	69	B
16x17	143	D	70	D	1,1	C	2,8	C	23,5	B	320	B	75	B
17x18	139	E	52	F	1,0	C	2,5	C	24,0	A	312	B	75	B
18x19	139	E	55	E	1,1	C	2,5	C	22,8	C	308	B	70	B
19x20	144	D	65	D	1,2	C	2,7	C	23,4	B	306	B	72	B
20x1	145	D	68	D	1,2	C	2,9	C	22,8	C	314	B	72	B
21x22	144	D	64	D	1,1	C	3,1	B	23,2	B	290	C	67	C
22x23	148	C	75	C	1,6	B	3,2	B	22,7	C	332	B	75	B
23x24	144	D	66	D	1,1	C	2,8	C	23,6	B	284	C	67	C
24x25	141	E	74	C	1,7	B	2,8	C	22,6	B	305	B	72	B
25x26	136	F	72	D	1,3	C	2,8	C	23,9	A	255	D	61	C
26x27	139	E	62	D	1,2	C	2,7	C	23,4	B	280	C	66	C
27x28	142	E	72	D	1,6	B	3,0	B	23,6	B	314	B	74	B
28x29	145	D	80	C	2,1	B	3,1	B	23,4	B	311	B	73	B
29x30	147	C	66	D	1,1	C	2,8	C	23,1	B	285	C	66	C
30x31	136	F	65	D	1,1	C	2,7	C	23,5	B	280	C	66	C
31x32	142	E	80	C	1,2	C	3,2	B	22,9	C	329	B	75	B
32x33	151	B	97	A	1,6	B	3,8	A	23,0	C	416	A	96	A
33x34	154	A	95	A	1,8	B	3,7	A	22,7	C	351	B	80	B
34x35	149	B	92	A	2,3	A	3,4	A	22,7	C	379	A	86	A
35x36	148	C	85	B	1,9	B	3,3	B	22,9	C	344	B	79	B
36x37	150	B	88	B	2,1	A	3,3	B	23,3	B	365	A	85	A
37x38	149	B	86	B	2,2	A	3,3	B	23,4	B	338	B	79	B
38x39	144	D	69	D	1,2	C	3,2	B	23,7	A	311	B	74	B
39x40	146	C	75	C	1,7	B	3,2	B	23,0	C	333	B	77	B
40x21	147	C	66	D	1,4	C	2,8	C	23,0	C	333	B	76	B

1) Na coluna, médias seguidas de mesma letra pertencem a um grupo comum de acordo com o critério de agrupamento de SCOTT-KNOTT($p < 0.05$).

2) Para identificar os cruzamentos consultar o Apêndice 5.

3) Para identificar os caracteres consultar o Apêndice 6.

Tabela 20. Médias ajustadas e classificação¹ (C) de 40 cruzamentos envolvendo progênies F5:3 para sete caracteres. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-92.

CRUZ ³	CARACTERES ²													
	NDM	C	APM	C	AC	C	VA	C	%OL	C	PG	C	PO	C
1x2	136	B	78	B	2,0	B	3,6	A	23,4	A	369	A	87	A
2x3	131	B	73	B	1,5	B	3,3	A	22,9	A	308	B	71	B
3x4	139	B	85	A	2,7	A	3,5	A	23,1	A	374	A	86	A
4x5	136	B	75	B	1,7	B	3,2	A	23,1	A	292	B	68	B
5x6	132	B	74	B	1,4	B	3,8	A	23,1	A	367	A	85	A
6x7	133	B	72	B	1,6	B	3,5	A	22,7	A	341	A	78	A
7x8	133	B	58	B	1,3	B	2,5	A	23,8	A	241	B	58	B
8x9	133	B	63	B	1,2	B	3,0	A	22,9	A	282	B	65	B
9x10	134	B	73	B	1,2	B	3,5	A	23,4	A	276	B	65	B
10x11	137	B	72	B	1,4	B	3,3	A	23,4	A	299	B	70	B
11x12	133	B	67	B	1,4	B	3,4	A	23,2	A	293	B	68	B
12x13	132	B	69	B	1,6	B	3,5	A	22,8	A	374	A	85	A
13x14	151	A	97	A	1,9	B	3,8	A	22,5	A	376	A	85	A
14x15	147	A	93	A	1,8	B	3,7	A	23,2	A	358	A	83	A
15x16	141	B	86	A	1,9	B	3,5	A	23,2	A	288	B	67	B
16x17	141	B	88	A	1,7	B	3,6	A	23,6	A	346	A	82	A
17x18	136	B	62	B	1,3	B	3,3	A	23,6	A	317	B	75	B
18x19	136	B	69	B	1,5	B	3,6	A	23,2	A	354	A	83	A
19x20	145	A	78	B	1,6	B	3,7	A	23,2	A	321	A	74	B
20x1	150	A	91	A	2,1	B	3,9	A	23,0	A	369	A	85	A
21x22	141	B	77	B	2,0	B	3,7	A	23,4	A	349	A	82	A
22x23	149	A	84	A	1,9	B	3,7	A	23,1	A	348	A	81	A
23x24	142	A	83	B	2,0	B	3,7	A	23,3	A	329	B	77	A
24x25	135	B	87	A	2,4	A	3,4	A	23,5	A	352	A	83	A
25x26	135	B	83	B	2,9	A	2,9	A	23,2	A	295	B	69	B
26x27	132	B	66	B	1,3	B	3,1	A	23,6	A	304	B	72	B
27x28	133	B	91	A	2,4	A	3,6	A	23,2	A	363	A	84	A
28x29	142	A	99	A	2,5	A	3,7	A	23,3	A	321	B	75	B
29x30	146	A	87	A	1,8	B	3,9	A	23,5	A	348	A	82	A
30x31	136	B	82	B	1,5	B	3,6	A	23,4	A	303	B	71	B
31x32	148	A	96	A	1,8	B	3,9	A	23,4	A	338	A	79	A
32x33	153	A	104	A	2,0	B	4,2	A	23,2	A	434	A	101	A
33x34	154	A	103	A	2,2	B	4,3	A	22,6	A	432	A	98	A
34x35	150	A	95	A	2,5	A	3,7	A	23,0	A	410	A	95	A
35x36	146	A	90	A	2,4	A	3,8	A	23,0	A	399	A	91	A
36x37	150	A	100	A	2,6	A	4,0	A	22,9	A	406	A	93	A
37x38	150	A	98	A	2,5	A	4,0	A	23,1	A	387	A	89	A
38x39	137	B	87	A	1,7	A	3,9	A	23,5	A	321	B	75	B
39x40	147	A	88	A	2,0	B	4,0	A	23,2	A	362	A	84	A
40x21	141	B	78	B	1,8	B	3,9	A	23,1	A	351	A	81	A

1) Na coluna. médias seguidas de mesma letra pertencem a um grupo comum de acordo com o critério de agrupamento de SCOTT-KNOTT ($p < 0,05$).

2) Para identificar os cruzamentos consultar o Apêndice 5.

3) Para identificar os caracteres consultar o Apêndice 6.

Tabela 21. Coeficientes de variação genética em F4:3 (sem seleção) e em F5:3 (com seleção) para os sete caracteres avaliados. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 3-12-1991 (F4:3) e 2-12-1992 (F5:3).

CARACTERES ¹	Coeficiente de Variação Genética		Redução na Variabilidade
	F4:3	F5:3	
		%	
NDM	3,30	4,08	+0,77
APM	9,74	6,34	3,40
Ac	19,79	15,83	3,95
VA	17,99	5,57	12,42
%OL	2,72	1,86	0,86
PG	11,61	8,06	3,55
PO	13,03	8,20	4,83

1) Para identificar os caracteres. consultar o Apêndice 6.

Tabela 22. Número (n) de progênies por cruzamento e herdabilidade no sentido amplo (h^2) para os sete caracteres estudados na geração F4:3. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 3-12-91.

CRUZ ¹	n	h^2 (%)						
		NDM ²	APM	Ac	VA	PG	%OL	PO
1x2	53	95	43	20	68	31	42	40
2x3	46	95	08	12	68	-12*	65	-01*
3x4	54	98	24	72	73	62	65	61
4x5	52	96	42	38	62	36	30	37
5x6	53	95	19	43	78	39	50	47
6x7	52	96	24	58	76	42	60	41
7x8	18	95	-22*	31	61	-31*	-25*	-35*
8x9	52	96	25	33	68	-28*	24	-28*
9x10	51	95	22	39	71	-34*	50	-26*
10x11	51	98	46	17	77	-22*	63	-20*
11x12	53	96	60	82	58	08	30	09
12x13	56	97	33	85	69	-22*	74	-25*
13x14	53	98	54	68	61	35	46	38
14x15	53	98	55	18	74	54	54	53
15x16	51	97	54	25	56	03	52	21
16x17	53	97	58	-35*	73	12	63	21
17x18	52	94	11	-20*	64	36	19	50
18x19	54	94	09	-42*	64	43	66	48
19x20	51	98	47	42	72	42	04	45
20x1	53	98	27	59	76	60	57	63
21x22	54	94	38	-32*	73	27	35	34
22x23	54	95	68	80	58	41	66	40
23x24	51	97	71	15	81	23	31	37
24x25	54	95	42	65	79	35	55	51
25x26	53	94	44	54	62	-25*	63	-17*
26x27	53	94	45	17	59	-19*	70	-09*
27x28	53	96	47	69	78	33	44	47
28x29	53	97	41	72	66	36	58	35
29x30	53	98	44	-37*	76	43	39	48
30x31	51	96	22	20	69	07	46	24
31x32	54	97	63	21	71	48	45	35
32x33	56	96	06	63	50	73	47	77
33x34	59	94	05	69	54	36	43	37
34x35	57	96	39	77	50	56	42	59
35x36	56	93	16	88	66	57	41	58
36x37	54	96	32	82	80	54	12	62
37x38	57	95	55	69	54	35	40	44
38x39	53	96	25	43	62	31	48	43
39x40	53	96	55	79	81	33	30	41
40x21	53	93	32	57	76	53	63	59
MÉDIAS	52	96	36	45	68	30	46	34

* : Foi considerado valor zero no cálculo da média geral.

1) Para identificar os cruzamentos consultar o Apêndice 5.

2) Para identificar os caracteres consultar o Apêndice 6.

Tabela 23. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica (acima da diagonal) e de ambiente (abaixo da diagonal) entre sete caracteres avaliados em progênies F4:3. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 3-12-91.

CARACTERES ¹	NDM	APM	Ac	VA	%OL	PG	PO
NDM r_F		0,21	0,07	0,14	-0,06	0,27	0,25
r_G		0,56	0,11	0,19	0,05	0,46	0,55
APM r_E	-0,10		0,25	0,49	-0,04	0,38	0,37
			0,08	0,77	-0,18	0,74	0,64
Ac	-0,12	0,44		0,11	-0,01	0,11	0,10
				0,15	-0,13	0,09	0,07
VA	-0,15	0,22	0,05		0,03	0,44	0,44
					0,02	0,60	0,56
%OL	-0,17	0,08	0,12	0,04		0,01	0,16
						0,04	0,17
PG	0,03	0,18	0,13	0,33	0,01		0,98
							0,98
PO	0,01	0,19	0,14	0,33	0,15	0,99	

1) Para identificar os caracteres, consultar o Apêndice 6.

Tabela 24. NDM: NÚMERO DE DIAS PARA A MATURIDADE. Número (n) de pares de valores (planta F3 e fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h^2r) e método padronizado³ (h^2r'). Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	h^2r	h^2r'	n	h^2r	h^2r'
1x2	42	0,57	0,30	31	0,51	0,46
2x3	18	0,60	0,51	42	0,52	0,48
3x4	27	0,53	0,41	46	0,52	0,46
4x5	30	0,56	0,57	44	0,53	0,40
5x6	20	0,58	0,43	29	0,50	0,30
6x7	26	0,54	0,80	38	0,51	0,36
7x8	14	0,55	0,55	13	0,54	0,21
8x9	12	0,55	0,43	30	0,52	0,46
9x10	12	0,57	0,76	41	0,54	0,28
10x11	19	0,56	0,44	43	0,53	0,31
11x12	54	0,57	0,40	43	0,51	0,35
12x13	31	0,55	0,41	30	0,51	0,54
13x14	25	0,55	0,40	27	0,54	0,28
14x15	13	0,58	0,83	40	0,54	0,41
15x16	58	0,55	0,53	43	0,53	0,30
16x17	48	0,55	0,60	48	0,53	0,32
17x18	58	0,56	0,52	42	0,51	0,32
18x19	33	0,56	0,28	24	0,51	0,85
19x20	34	0,55	0,50	31	0,53	0,35
20x1	48	0,56	0,86	27	0,53	0,28
21x22	44	0,55	0,58	48	0,52	0,27
22x23	36	0,56	0,50	33	0,53	0,29
23x24	24	0,56	0,74	28	0,52	0,30
24x25	38	0,55	0,35	29	0,51	0,24
25x26	49	0,58	0,50	38	0,52	0,38
26x27	60	0,55	0,56	42	0,51	0,29
27x28	42	0,56	0,41	36	0,51	0,37
28x29	38	0,51	0,67	50	0,52	0,28
29x30	34	0,55	0,43	33	0,53	0,33
30x31	26	0,55	0,61	38	0,53	0,35
31x32	26	0,54	0,62	29	0,55	0,30
32x33	35	0,55	0,95	37	0,54	0,61
33x34	48	0,54	0,96	24	0,53	0,48
34x35	50	0,55	0,86	25	0,54	0,40
35x36	43	0,52	0,95	32	0,53	0,27
36x37	49	0,54	0,91	24	0,54	0,44
37x38	50	0,56	0,60	31	0,54	0,25
38x39	43	0,55	0,38	48	0,51	0,33
39x40	47	0,57	0,87	29	0,53	0,32
40x21	22	0,50	0,60	44	0,51	0,29
MEDIAS	36	0,55	0,59	35	0,52	0,36

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 25. APM: ALTURA (cm) DA PLANTA NA MATURIDADE. Número (n) de pares de valores (planta F3 e fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h^2r) e método padronizado³ (h^2r'). Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	h^2r	h^2r'	n	h^2r	h^2r'
1x2	42	0,55	0,55	31	0,60	0,56
2x3	18	0,52	0,52	42	0,63	0,48
3x4	27	0,60	0,60	48	0,55	0,61
4x5	30	0,51	0,40	44	0,59	0,52
5x6	20	0,60	0,24	29	0,57	0,74
6x7	26	0,53	0,65	38	0,57	0,52
7x8	14	0,69	0,43	13	0,67	0,41
8x9	12	0,63	0,51	30	0,59	0,53
9x10	12	0,80	0,72	41	0,60	0,52
10x11	19	0,62	0,55	43	0,58	0,55
11x12	54	0,69	0,73	43	0,60	0,51
12x13	31	0,67	0,55	30	0,52	0,44
13x14	25	0,54	0,59	27	0,57	0,48
14x15	13	0,43	0,36	40	0,61	0,52
15x16	58	0,49	0,62	43	0,68	0,65
16x17	48	0,58	0,69	48	0,61	0,67
17x18	58	0,60	0,45	42	0,64	0,70
18x19	33	0,63	0,54	24	0,61	0,40
19x20	34	0,66	0,57	31	0,58	0,62
20x1	48	0,56	0,58	27	0,62	0,48
21x22	44	0,65	0,66	48	0,63	0,67
22x23	36	0,63	0,57	33	0,55	0,59
23x24	24	0,54	0,53	28	0,60	0,48
24x25	38	0,57	0,94	29	0,58	0,67
25x26	49	0,74	0,60	38	0,62	0,43
26x27	60	0,63	0,57	42	0,57	0,46
27x28	42	0,51	0,51	36	0,58	0,45
28x29	38	0,59	0,75	50	0,60	0,47
29x30	34	0,47	0,51	33	0,65	0,40
30x31	26	0,46	0,62	38	0,60	0,48
31x32	26	0,59	0,84	29	0,60	0,59
32x33	35	0,63	0,88	37	0,58	0,61
33x34	48	0,59	0,51	24	0,58	0,59
34x35	50	0,56	0,65	25	0,54	0,58
35x36	43	0,63	0,63	32	0,57	0,53
36x37	49	0,57	0,73	24	0,60	0,49
37x38	50	0,46	0,53	31	0,57	0,46
38x39	43	0,68	0,94	48	0,64	0,64
39x40	47	0,76	0,50	29	0,56	0,59
40x21	22	0,60	0,52	44	0,60	0,65
MÉDIAS	36	0,59	0,59	35	0,60	0,54

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 26. Ac: ACAMAMENTO (notas de 1 a 5). Número (n) de pares de valores (planta F3 e fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h^2r) e método padronizado³ (h^2r'). Soja, Piracicaba-SP, sementeiras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	h^2r	h^2r'	n	h^2r	h^2r'
1x2	42	0,54	0,56	31	0,81	0,28
2x3	18	0,80	0,56	42	0,66	0,34
3x4	27	0,42	0,89	46	0,72	0,51
4x5	30	0,33	0,79	44	0,56	0,40
5x6	20	0,57	0,48	29	0,67	0,18
6x7	26	0,55	0,35	38	0,56	0,44
7x8	14	0,57	0,48	13	0,74	0,41
8x9	12	0,70	0,73	30	0,52	0,43
9x10	12	0,33	0,49	41	0,53	0,37
10x11	19	0,49	0,59	43	0,56	0,45
11x12	54	0,73	0,60	43	0,65	0,47
12x13	31	0,69	0,18	30	0,39	0,53
13x14	25	0,48	0,40	27	0,53	0,39
14x15	13	0,48	0,64	40	0,77	0,41
15x16	58	0,33	0,90	43	0,93	0,51
16x17	48	0,57	0,47	48	0,79	0,35
17x18	58	0,69	0,51	42	0,72	0,48
18x19	33	0,38	0,44	24	0,65	0,24
19x20	34	0,40	0,82	31	0,61	0,50
20x1	48	0,57	0,45	27	0,67	0,62
21x22	44	0,59	0,45	48	0,83	0,43
22x23	36	0,18	0,21	33	0,53	0,56
23x24	24	0,46	0,40	28	0,81	0,46
24x25	38	0,30	0,39	29	0,67	0,47
25x26	49	0,51	0,44	38	0,95	0,38
26x27	60	0,50	0,33	42	0,56	0,36
27x28	42	0,37	0,46	36	0,64	0,53
28x29	38	0,27	0,36	50	0,56	0,55
29x30	34	0,50	0,45	33	0,87	0,37
30x31	26	0,21	0,16	38	0,61	0,37
31x32	26	0,23	0,98	29	0,67	0,37
32x33	35	0,52	0,40	37	0,65	0,52
33x34	48	0,51	0,44	24	0,60	0,55
34x35	50	0,42	0,63	25	0,57	0,52
35x36	43	0,40	0,49	32	0,61	0,66
36x37	49	0,61	0,95	24	0,66	0,52
37x38	50	0,30	0,29	31	0,50	0,56
38x39	43	0,60	0,50	48	0,70	0,34
39x40	47	0,57	0,79	29	0,48	0,48
40x21	22	0,50	0,45	44	0,58	0,53
MÉDIAS	36	0,48	0,52	35	0,65	0,45

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 27. VA: VALOR AGRONÔMICO (notas de 1 a 5). Número (n) de pares de valores (planta F3 e fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h^2r) e método padronizado³ (h^2r'). Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	h^2r	h^2r'	n	h^2r	h^2r'
1x2	42	0,65	0,51	31	0,59	0,40
2x3	18	0,50	0,53	42	0,73	0,51
3x4	27	0,78	0,70	46	0,57	0,47
4x5	30	0,64	0,74	44	0,65	0,52
5x6	20	0,60	0,43	29	0,64	0,76
6x7	26	0,83	0,48	38	0,61	0,52
7x8	14	0,88	0,80	13	0,77	0,57
8x9	12	0,80	0,33	30	0,56	0,44
9x10	12	0,85	0,52	41	0,67	0,45
10x11	19	0,69	0,46	43	0,63	0,46
11x12	54	0,89	0,67	43	0,60	0,50
12x13	31	0,82	0,69	30	0,58	0,47
13x14	25	0,79	0,64	27	0,60	0,46
14x15	13	0,78	0,97	40	0,58	0,42
15x16	58	0,79	0,19	43	0,71	0,47
16x17	48	0,65	0,50	48	0,62	0,60
17x18	58	0,60	0,45	42	0,67	0,67
18x19	33	0,87	0,35	24	0,58	0,46
19x20	34	0,84	0,59	31	0,61	0,76
20x1	48	0,87	0,54	27	0,62	0,64
21x22	44	0,81	0,46	48	0,63	0,61
22x23	36	0,84	0,96	33	0,56	0,56
23x24	24	0,70	0,55	28	0,57	0,41
24x25	38	0,82	0,69	29	0,53	0,59
25x26	49	0,93	0,58	38	0,46	0,51
26x27	60	0,79	0,42	42	0,56	0,47
27x28	42	0,75	0,42	36	0,55	0,36
28x29	38	0,83	0,70	50	0,61	0,54
29x30	34	0,69	0,51	33	0,67	0,79
30x31	26	0,68	0,55	38	0,66	0,60
31x32	26	0,81	0,78	29	0,60	0,61
32x33	35	0,72	0,59	37	0,58	0,33
33x34	48	0,82	0,66	24	0,57	0,20
34x35	50	0,81	0,89	25	0,56	0,41
35x36	43	0,75	0,59	32	0,57	0,50
36x37	49	0,73	0,60	24	0,53	0,40
37x38	50	0,82	0,86	31	0,60	0,64
38x39	43	0,99	0,74	48	0,63	0,54
39x40	47	0,94	0,49	29	0,57	0,49
40x21	22	0,70	0,60	44	0,65	0,80
MÉDIAS	36	0,78	0,59	35	0,61	0,52

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 28. %OL: TEOR DE ÓLEO. Número (n) de pares de valores (planta F3 e fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h^2r) e método padronizado³ (h^2r'). Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	h^2r	h^2r'	n	h^2r	h^2r'
1x2	42	0,59	0,45	31	0,53	0,80
2x3	18	0,61	0,21	42	0,51	0,80
3x4	27	0,58	0,21	48	0,54	0,58
4x5	30	0,63	0,48	44	0,51	0,48
5x6	20	0,58	0,95	29	0,53	0,72
6x7	26	0,59	0,40	38	0,52	0,64
7x8	14	0,60	0,51	13	0,54	0,45
8x9	12	0,60	0,53	30	0,51	0,56
9x10	12	0,61	0,35	41	0,51	0,52
10x11	19	0,61	0,39	43	0,52	0,57
11x12	54	0,58	0,44	43	0,51	0,50
12x13	31	0,59	0,38	30	0,53	0,74
13x14	25	0,62	0,51	27	0,53	0,43
14x15	13	0,61	0,39	40	0,53	0,63
15x16	58	0,59	0,48	43	0,51	0,51
16x17	48	0,60	0,40	48	0,53	0,45
17x18	58	0,56	0,35	42	0,53	0,43
18x19	33	0,58	0,43	24	0,55	0,81
19x20	34	0,58	0,74	31	0,53	0,57
20x1	48	0,58	0,42	27	0,53	0,66
21x22	44	0,57	0,42	48	0,54	0,63
22x23	36	0,58	0,45	33	0,54	0,62
23x24	24	0,59	0,47	28	0,53	0,45
24x25	38	0,60	0,34	29	0,53	0,51
25x26	49	0,57	0,35	38	0,51	0,70
26x27	60	0,58	0,35	42	0,54	0,67
27x28	42	0,58	0,35	36	0,52	0,61
28x29	38	0,60	0,30	50	0,53	0,50
29x30	34	0,58	0,38	33	0,54	0,52
30x31	26	0,57	0,55	38	0,52	0,45
31x32	26	0,58	0,88	29	0,55	0,62
32x33	35	0,58	0,61	37	0,54	0,55
33x34	48	0,57	0,33	24	0,54	0,60
34x35	50	0,58	0,47	25	0,53	0,58
35x36	43	0,59	0,65	32	0,53	0,44
36x37	49	0,59	0,44	24	0,52	0,43
37x38	50	0,59	0,40	31	0,53	0,51
38x39	43	0,57	0,46	48	0,53	0,64
39x40	47	0,59	0,70	29	0,54	0,58
40x21	22	0,52	0,60	44	0,54	0,72
MÉDIAS	36	0,59	0,46	35	0,53	0,58

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 29. PG: PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (g/1,2 m²) e PO: PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (g/1,2 m²). Número (n) de pares de valores (fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de herdabilidade no sentido restrito pelo método convencional² (h²r) e método padronizado³ (h²r'). Soja, Piracicaba-SP, sementeiras em 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	PG			PO		
	F4:3, F5:3			F4:3, F5:3		
	n	h ² r	h ² r'	n	h ² r	h ² r'
1x2	31	0,53	0,50	31	0,53	0,50
2x3	42	0,58	0,63	42	0,57	0,60
3x4	46	0,55	0,58	46	0,56	0,59
4x5	44	0,58	0,55	44	0,56	0,53
5x6	29	0,51	0,63	29	0,51	0,65
6x7	38	0,51	0,47	38	0,50	0,44
7x8	13	0,82	0,49	13	0,85	0,47
8x9	30	0,51	0,48	30	0,49	0,63
9x10	41	0,57	0,50	41	0,54	0,51
10x11	43	0,60	0,63	43	0,60	0,58
11x12	43	0,54	0,78	43	0,52	0,74
12x13	30	0,58	0,35	30	0,59	0,26
13x14	27	0,51	0,24	27	0,51	0,24
14x15	40	0,49	0,66	40	0,48	0,64
15x16	43	0,54	0,73	43	0,52	0,72
16x17	48	0,54	0,46	48	0,54	0,44
17x18	42	0,52	0,57	42	0,52	0,50
18x19	24	0,47	0,49	24	0,46	0,49
19x20	31	0,44	0,60	31	0,44	0,63
20x1	27	0,45	0,69	27	0,45	0,69
21x22	48	0,58	0,49	48	0,60	0,49
22x23	33	0,47	0,41	33	0,48	0,38
23x24	28	0,51	0,52	28	0,50	0,51
24x25	29	0,53	0,47	29	0,52	0,46
25x26	38	0,56	0,64	38	0,54	0,57
26x27	42	0,54	0,56	42	0,55	0,52
27x28	36	0,51	0,40	36	0,50	0,41
28x29	50	0,52	0,68	50	0,52	0,66
29x30	33	0,56	0,70	33	0,56	0,71
30x31	38	0,52	0,77	38	0,51	0,74
31x32	29	0,48	0,41	29	0,50	0,39
32x33	37	0,48	0,45	37	0,49	0,46
33x34	24	0,45	0,24	24	0,56	0,26
34x35	25	0,48	0,59	25	0,48	0,55
35x36	32	0,51	0,50	32	0,51	0,47
36x37	24	0,50	0,35	24	0,48	0,36
37x38	31	0,51	0,42	31	0,50	0,42
38x39	48	0,53	0,63	48	0,53	0,64
39x40	29	0,51	0,43	29	0,51	0,42
40x21	44	0,53	0,67	44	0,54	0,65
MÉDIAS	35	0,53	0,53	35	0,53	0,52

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

2) SMITH & KINMAN (1965)

3) FREY & HORNER (1957)

Tabela 30. NDM: NÚMERO DE DIAS PARA A MATURIDADE. Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r_p	r_s	n	r_p	r_s
1x2	42	0,02	0,01	31	0,04	0,04
2x3	18	0,22	0,24	42	0,01	0,04
3x4	27	0,22	0,48**	46	0,48**	0,50**
4x5	30	0,36*	0,37*	44	0,25	0,31
5x6	20	0,55*	0,35*	29	0,15	0,27
6x7	26	0,19	0,34	38	0,20	0,25
7x8	14	0,10	0,08	13	0,15	0,17
8x9	12	0,44**	0,53**	30	0,53**	0,39*
9x10	12	0,35	0,25	41	0,25	0,30
10x11	19	0,76**	0,77**	43	0,40**	0,30*
11x12	54	0,09	0,09	43	0,20	0,25
12x13	31	0,05	0,02	30	0,35*	0,43*
13x14	25	0,63**	0,58**	27	0,59**	0,62**
14x15	13	0,37*	0,45**	40	0,72**	0,75**
15x16	58	0,46**	0,37*	43	0,24	0,20
16x17	48	0,45**	0,08	48	0,24	0,23
17x18	58	0,03	0,12	42	0,22	0,25
18x19	33	0,19	0,12	24	0,22	0,28
19x20	34	0,06	0,10	31	0,56**	0,61**
20x1	48	0,21	0,18	27	0,53**	0,52**
21x22	44	0,51**	0,55**	48	0,64**	0,67**
22x23	36	0,29	0,36*	33	0,52**	0,50**
23x24	24	0,55**	0,61**	28	0,62**	0,65**
24x25	38	0,09	0,33	29	0,06	0,17
25x26	50	0,31	0,32	38	0,19	0,22
26x27	60	0,18	0,26	42	0,22	0,28
27x28	42	0,35	0,23	36	0,26	0,29
28x29	38	0,45*	0,42*	50	0,52**	0,52**
29x30	34	0,60**	0,57**	33	0,61**	0,59**
30x31	26	0,67**	0,61**	38	0,51**	0,54**
31x32	26	0,50**	0,56**	29	0,63**	0,62**
32x33	35	0,22	0,39	37	0,59**	0,54**
33x34	48	0,58**	0,47**	24	0,55**	0,59**
34x35	50	0,37	0,45**	25	0,52**	0,50**
35x36	43	0,55**	0,47**	32	0,51**	0,52**
36x37	49	0,57**	0,63**	24	0,44**	0,47**
37x38	50	0,60**	0,68**	31	0,59**	0,55**
38x39	43	0,51**	0,50**	48	0,39*	0,44**
39x40	47	0,69**	0,60**	29	0,51**	0,56**
40x21	22	0,30	0,35	44	0,41**	0,43**
MEDIAS	36	0,37	0,37	35	0,39	0,41

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 31. APM: ALTURA DA PLANTA (cm) NA MATURIDADE. Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r_p	r_s	n	r_p	r_s
1x2	42	0,02	0,07	31	0,39*	0,35*
2x3	18	0,40**	0,32*	42	0,33*	0,30*
3x4	27	0,25	0,25	46	0,34*	0,37*
4x5	30	0,56**	0,48**	44	0,59**	0,52**
5x6	20	-0,18	-0,31	29	0,48**	0,42*
6x7	26	0,44**	0,37**	38	0,36*	0,25
7x8	14	0,12	0,20	13	0,51**	0,39*
8x9	12	0,11	0,40**	30	0,36*	0,35*
9x10	12	0,14	0,06	41	0,10	0,04
10x11	19	0,67**	0,67**	43	0,63**	0,50**
11x12	54	0,44**	0,40**	43	0,49**	0,47**
12x13	31	0,22	0,31	30	0,37*	0,26
13x14	25	0,41**	0,43**	27	0,39*	0,36*
14x15	13	0,53**	0,52**	40	0,50**	0,50**
15x16	58	0,20	0,25	43	0,40**	0,45**
16x17	48	0,69**	0,68**	48	0,59**	0,56**
17x18	58	0,28	0,31	42	0,30	0,25
18x19	33	0,67**	0,78**	24	0,27	0,22
19x20	34	0,33	0,38	31	0,66**	0,68**
20x1	48	0,43**	0,33	27	0,59**	0,59**
21x22	44	0,04	0,04	48	0,62**	0,66**
22x23	36	0,36	0,28	33	0,50**	0,51**
23x24	24	0,77**	0,72**	28	0,35*	0,39*
24x25	38	0,20	0,17	29	0,56**	0,58**
25x26	50	0,50**	0,44**	38	0,37*	0,38*
26x27	60	0,68**	0,71**	42	0,51**	0,59**
27x28	42	0,53**	0,54**	36	0,45**	0,47**
28x29	38	-0,02	0,04	50	0,30*	0,33*
29x30	34	0,63**	0,63**	33	0,77**	0,74**
30x31	26	-0,10	-0,16	38	0,51**	0,48**
31x32	26	0,13	0,31	29	0,65**	0,69**
32x33	35	0,09	0,07	37	0,55**	0,60**
33x34	48	-0,04	0,16	24	0,68**	0,65**
34x35	50	0,31	0,23	25	0,57**	0,52**
35x36	43	0,01	0,02	32	0,47**	0,65**
36x37	49	-0,08	0,01	24	0,55**	0,52**
37x38	50	0,55**	0,45**	31	0,66**	0,60**
38x39	43	-0,09	-0,02	48	0,70**	0,66**
39x40	47	0,35	0,19	29	0,39*	0,45**
40x21	22	0,77**	0,85**	44	0,61**	0,55**
MÉDIAS	36	0,31	0,32	35	0,48	0,47

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 32. Ac: ACAMAMENTO (notas de 1 a 5). Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r_p	r_s	n	r_p	r_s
1x2	42	-0,12	-0,06	31	0,03	0,13
2x3	18	0,08	0,03	42	0,16	0,21
3x4	27	0,27	0,45**	46	0,27	0,23
4x5	30	0,85**	0,50**	44	0,40**	0,30*
5x6	20	0,39	0,30	29	0,35*	0,42**
6x7	26	-0,16	-0,20	38	0,05	0,17
7x8	14	0,10	0,21	13	0,20	0,22
8x9	12	0,15	0,18	30	0,07	0,08
9x10	12	0,28	0,30	41	0,16	0,18
10x11	19	0,22	0,28	43	0,38**	0,36*
11x12	54	0,27	0,27	43	0,17	0,17
12x13	31	0,15	0,25	30	0,08	0,17
13x14	25	0,05	0,02	27	0,46**	0,44**
14x15	13	0,63**	0,63**	40	0,29	0,28
15x16	58	0,41*	0,43*	43	0,07	0,09
16x17	48	0,79**	0,78**	48	0,17	0,21
17x18	58	0,45*	0,51**	42	0,40**	0,41**
18x19	33	0,38	0,41	24	0,13	0,18
19x20	34	0,53**	0,53**	31	0,13	0,20
20x1	48	0,29	0,06	27	0,08	0,14
21x22	44	0,33	0,31	48	0,10	0,09
22x23	36	-0,37	0,43	33	0,24	0,31
23x24	24	-0,30	-0,33	28	0,44*	0,35
24x25	38	0,41*	0,49*	29	0,34	0,21
25x26	50	0,51**	0,43*	38	0,20	0,18
26x27	60	-0,05	-0,05	42	0,06	0,17
27x28	42	0,28	0,20	36	0,42**	0,41**
28x29	38	-0,21	-0,08	50	0,23	0,23
29x30	34	-0,17	-0,21	33	0,36*	0,28
30x31	26	-0,22	-0,28	38	0,17	0,15
31x32	26	0,17	0,18	29	0,22	0,17
32x33	35	0,11	0,08	37	0,04	0,06
33x34	48	-0,08	-0,06	24	0,16	0,15
34x35	50	0,23	0,22	25	0,11	0,28
35x36	43	-0,16	0,18	32	0,18	0,18
36x37	49	-0,10	-0,06	24	0,17	0,16
37x38	50	-0,03	0,16	31	0,22	0,25
38x39	43	0,10	0,16	48	0,23	0,21
39x40	47	0,31	0,37	29	0,24	0,26
40x21	22	0,20	0,23	44	0,42**	0,42**
MÉDIAS	36	0,17	0,18	35	0,22	0,23

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 33. VA: VALOR AGRONÔMICO (notas de 1 a 5). Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r_p	r_s	n	r_p	r_s
1x2	42	-0,04	0,02	31	0,09	0,13
2x3	18	0,14	0,14	42	0,26	0,23
3x4	27	0,62**	0,63**	46	0,12	0,09
4x5	30	-0,09	-0,05	44	0,35*	0,29*
5x6	20	0,18	0,21	29	-0,21	0,28
6x7	26	0,10	0,06	38	0,32*	0,31*
7x8	14	0,03	0,08	13	0,08	0,07
8x9	12	0,46**	0,45**	30	0,35*	0,42*
9x10	12	0,10	0,04	41	0,07	0,13
10x11	19	0,13	0,04	43	0,22	0,22
11x12	54	0,08	-0,05	43	0,45**	0,38**
12x13	31	-0,08	-0,11	30	0,12	0,07
13x14	25	0,51**	0,60**	27	0,14	0,18
14x15	13	-0,08	-0,12	40	0,30*	0,31*
15x16	58	0,31	0,32	43	0,31*	0,24
16x17	48	0,28	0,11	48	0,42**	0,46**
17x18	58	0,30	0,30	42	0,08	0,04
18x19	33	0,74**	0,75**	24	0,14	0,11
19x20	34	0,37	0,37	31	0,08	0,12
20x1	48	0,21	0,20	27	0,05	0,07
21x22	44	-0,42	0,40	48	0,33*	0,32*
22x23	36	0,35	0,17	33	0,07	0,06
23x24	24	0,08	0,03	28	0,12	0,10
24x25	38	-0,02	-0,05	29	0,13	0,12
25x26	50	0,41**	0,44**	38	0,08	0,08
26x27	60	0,15	0,16	42	0,12	0,09
27x28	42	0,61**	0,60**	36	0,12	0,13
28x29	38	-0,17	-0,20	50	0,38**	0,41**
29x30	34	0,25	0,30	33	0,15	0,15
30x31	26	0,33	0,27	38	0,46**	0,44**
31x32	26	-0,26	-0,31	29	0,40**	0,43**
32x33	35	-0,23	-0,18	37	0,28	0,20
33x34	48	0,30	0,27	24	0,07	0,09
34x35	50	0,42**	0,36*	25	0,13	0,14
35x36	43	0,16	0,14	32	0,23	0,26
36x37	49	-0,15	-0,19	24	0,33	0,31
37x38	50	0,14	0,14	31	0,61**	0,62**
38x39	43	0,28	0,36	48	0,12	0,16
39x40	47	0,47**	0,52**	29	0,09	0,10
40x21	22	0,53**	0,51**	44	0,19	0,17
MEDIAS	36	0,19	0,17	35	0,21	0,22

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 34. PG: PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (gramas / 1,2 m²). Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, sementeiras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r _p	r _s	n	r _p	r _s
1x2	27	0,15	0,13	31	0,07	0,07
2x3	11	-0,16	-0,17	42	0,45**	0,47**
3x4	23	-0,04	0,02	46	0,11	0,09
4x5	12	0,32	0,14	44	0,33*	0,38**
5x6	10	-0,07	-0,19	29	0,38*	0,35*
6x7	15	0,40*	0,33	38	0,22	0,24
7x8	16	0,25	0,33	13	0,50**	0,40**
8x9	5	-0,38	-0,48	30	0,01	0,04
9x10	9	0,29	0,08	41	0,01	0,02
10x11	6	0,33*	0,48*	43	0,22	0,20
11x12	24	-0,10	0,03	43	0,23	0,15
12x13	18	-0,13	-0,10	30	0,39*	0,47**
13x14	15	0,64**	0,59**	27	0,55**	0,59**
14x15	6	-0,09	-0,25	40	0,63**	0,62**
15x16	28	0,39	0,36	43	0,21	0,28
16x17	19	0,55**	0,57**	48	0,28*	0,31*
17x18	28	0,52**	0,45**	42	0,13	0,15
18x19	19	0,65**	0,56**	24	0,22	0,23
19x20	14	-0,02	0,08	31	0,36*	0,45**
20x1	25	0,15	0,09	27	0,41*	0,32*
21x22	18	0,12	0,06	48	0,46**	0,41**
22x23	22	0,58**	0,49**	33	0,11	0,18
23x24	13	0,26	0,21	28	0,16	0,13
24x25	18	0,03	0,07	29	0,27	0,18
25x26	17	0,12	0,08	38	0,24	0,15
26x27	28	0,15	0,09	42	0,15	0,10
27x28	16	0,59*	0,67**	36	0,37*	0,43**
28x29	20	-0,11	-0,12	50	0,44	0,40**
29x30	14	0,47**	0,35*	33	0,29	0,30
30x31	13	0,02	0,13	38	0,33*	0,37*
31x32	17	0,26	0,21	29	0,48**	0,45**
32x33	19	-0,34	-0,29	37	0,44**	0,47**
33x34	25	0,32	0,28	24	0,44**	0,38*
34x35	33	0,15	0,11	25	0,14	0,15
35x36	22	0,14	0,19	32	0,38*	0,37*
36x37	27	-0,06	-0,05	24	0,31	0,28
37x38	31	0,16	0,16	31	0,45**	0,43**
38x39	24	0,52**	0,59**	48	0,25	0,35
39x40	19	-0,19	0,02	29	0,19	0,25
40x21	11	0,55**	0,43**	44	0,39*	0,37*
MÉDIAS	18	0,18	0,17	35	0,30	0,30

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t" respectivamente

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 35. %OL: TEOR DE ÓLEO. Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r_p	r_s	n	r_p	r_s
1x2	42	0,30	0,31	31	0,16	0,11
2x3	18	-0,06	0,17	42	0,14	0,15
3x4	27	-0,08	-0,18	46	0,20	0,17
4x5	29	-0,20	-0,17	44	0,22	0,14
5x6	20	0,71**	0,80**	29	0,19	0,12
6x7	25	0,48**	0,55**	38	0,23	0,23
7x8	11	0,20	0,15	13	0,10	0,16
8x9	9	0,38*	0,21	30	0,17	0,19
9x10	12	-0,60	-0,41	41	0,15	0,16
10x11	15	0,13	0,26	43	0,31*	0,24
11x12	46	0,38*	0,09	43	0,12	0,09
12x13	28	-0,46	-0,39	30	0,26	0,29
13x14	25	0,13	0,20	27	0,11	0,19
14x15	12	0,21	0,26	40	0,08	0,06
15x16	54	0,18	-0,03	43	0,14	0,11
16x17	47	0,22	0,29	48	0,06	0,12
17x18	57	0,10	0,05	42	0,28	0,27
18x19	30	0,34	0,15	24	0,64**	0,59**
19x20	33	-0,23	-0,28	31	0,21	0,19
20x1	42	-0,32	0,10	27	0,30	0,27
21x22	38	0,46**	0,49**	48	0,20	0,25
22x23	36	0,05	0,09	33	0,45**	0,42**
23x24	24	-0,11	-0,16	28	0,28	0,30*
24x25	35	-0,05	-0,13	29	0,12	0,11
25x26	44	0,20	0,03	38	0,25	0,22
26x27	54	0,43**	0,28	42	0,11	0,05
27x28	34	-0,06	0,01	36	0,07	0,09
28x29	37	0,08	-0,04	50	0,40**	0,34*
29x30	30	0,09	0,18	33	0,15	0,13
30x31	24	-0,19	-0,20	38	0,20	0,23
31x32	26	0,08	0,02	29	0,25	0,28
32x33	35	0,01	0,10	37	0,30*	0,29
33x34	47	0,14	0,11	24	0,25	0,30*
34x35	47	0,01	0,10	25	0,17	0,15
35x36	41	0,35*	0,30*	32	0,37*	0,40*
36x37	48	0,13	0,09	24	0,21	0,19
37x38	49	-0,01	-0,04	31	0,25	0,27
38x39	41	0,48**	0,38*	48	0,18	0,20
39x40	45	0,17	0,16	29	0,25	0,27
40x21	21	0,01	-0,03	44	0,20	0,25
MÉDIAS	33	0,09	0,10	35	0,22	0,21

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 36. PO: PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (gramas / 1,2 m²). Número (n) de pares de valores (planta F3, fileiras F4:3 e F5:3) e estimativas de correlações fenotípicas de Pearson (r_p) e Spearman (r_s) entre as gerações F3-F4:3 e F4:3-F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeaduras em 5-12-90 (F3), 3-12-91 (F4:3) e 2-12-92 (F5:3).

CRUZ ¹	F3, F4:3			F4:3, F5:3		
	n	r _p	r _s	n	r _p	r _s
1x2	27	0,24	0,20	31	0,14	0,04
2x3	11	-0,55	-0,66	42	0,42**	0,45**
3x4	23	0,04	0,07	46	0,15	0,12
4x5	12	0,27	0,28	44	0,31*	0,35*
5x6	10	0,14	-0,16	29	0,37*	0,36*
6x7	15	0,38*	0,35*	38	0,20	0,26
7x8	16	0,20	0,18	13	0,49**	0,24
8x9	5	-0,02	-0,06	30	0,08	0,05
9x10	9	0,11	0,14	41	0,06	0,03
10x11	6	0,09	0,12	43	0,16	0,21
11x12	24	0,06	0,04	43	0,19	0,13
12x13	18	0,05	0,03	30	0,30	0,33
13x14	15	0,15	0,11	27	0,49**	0,53**
14x15	6	0,07	0,14	40	0,55**	0,57**
15x16	28	0,19	0,15	43	0,21	0,28
16x17	19	0,51**	0,48**	48	0,27	0,29*
17x18	28	0,52**	0,50**	42	0,12	0,15
18x19	19	0,10	0,08	24	0,17	0,20
19x20	14	0,08	0,13	31	0,21	0,23
20x1	25	0,15	0,18	27	0,39*	0,24
21x22	18	0,04	0,05	48	0,51**	0,48**
22x23	22	0,21	0,23	33	-0,08	0,18
23x24	13	0,32*	0,41**	28	0,14	0,11
24x25	18	0,09	0,07	29	0,29	0,24
25x26	17	0,10	0,18	38	0,21	0,11
26x27	28	0,13	0,17	42	0,07	0,06
27x28	16	0,22	0,19	36	0,08	0,03
28x29	20	-0,09	-0,08	50	0,41**	0,38**
29x30	14	0,54**	0,42**	33	0,25	0,29
30x31	13	0,01	0,05	38	0,24	0,30
31x32	17	0,11	0,13	29	0,30*	0,36*
32x33	19	-0,40	-0,40	37	0,35*	0,38*
33x34	25	0,22	0,23	24	0,38**	0,40**
34x35	33	0,13	0,20	25	0,21	0,25
35x36	22	0,09	0,14	32	0,32	0,30
36x37	27	0,02	0,08	24	0,12	0,18
37x38	31	0,14	0,16	31	0,41**	0,44**
38x39	24	0,35*	0,44**	48	0,30*	0,20
39x40	19	0,19	0,22	29	0,19	0,19
40x21	11	0,18	0,10	44	0,12	0,21
MÉDIAS	18	0,13	0,13	35	0,26	0,25

*, ** : significativo a 5% e 1%, pelo teste "t", respectivamente.

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

Tabela 37. PG: PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (gramas / 1,2 m²). Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos genéticos esperados (\hat{G}_s) com intensidades de seleção (p) variáveis entre progênes F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-1992.

p ^{1/} (%)	\bar{X}_s	DS ₁ ^{2/}	DS ₂ ^{3/}	h ²	\hat{G}_s ^{4/} ₁	\hat{G}_s ₁ %	\hat{G}_s ^{5/} ₂	\hat{G}_s ₂ %
5	580	238	242	0,17	40,5	11,84	41,1	12,14
10	536	194	198	0,17	33,0	9,65	33,7	9,97
20	491	149	153	0,17	25,3	7,40	26,0	7,70
$\bar{X}_{pop.}$	342							
\bar{X}_{TC}	338							

^{1/} 5% : 85, 10% : 170, 20% : 340, correspondem ao número de progênes selecionadas:

^{2/} DS₁ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média envolvendo todas as progênes ($\bar{X}_{pop.}$) ;

^{3/} DS₂ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UVF-4 (\bar{X}_{TC}) ;

^{4/} \hat{G}_s ₁ : ganho genético esperado, considerando como referência a média das progênes envolvendo todos os cruzamentos, antes da seleção:

^{5/} \hat{G}_s ₂ : ganho genético esperado, considerando como referência a média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UVF-4.

Tabela 38. %OL: TEOR DE ÓLEO. Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos genéticos esperados (\hat{G}_s) com intensidades de seleção (p) variáveis entre progênes F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-1992.

$p^{1/}$ (%)	\bar{X}_s	DS ₁ ^{2/}	DS ₂ ^{3/}	DS ₃ ^{4/}	h^2	$\hat{G}_s^{5/}$ 1	\hat{G}_s % 1	$\hat{G}_s^{6/}$ 2	\hat{G}_s % 2	$\hat{G}_s^{7/}$ 3	\hat{G}_s % 3
5	25,3	2,1	2,0	1,5	0,23	0,48	2,07	0,46	1,97	0,35	1,55
10	25,0	1,8	1,7	1,2	0,23	0,41	1,77	0,39	1,67	0,28	1,18
20	24,7	1,5	1,4	0,9	0,23	0,35	1,51	0,32	1,38	0,21	0,88
$\bar{X}_{pop.}$	23,2										
\bar{X}_{TC}	23,3										
\bar{X}_{UFV-4}	23,8										

^{1/} 5% : 85, 10% : 170, 20% : 340, correspondem ao número de progênes selecionadas;

^{2/} DS₁ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média envolvendo todas as progênes ($\bar{X}_{pop.}$) ;

^{3/} DS₂ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UFV-4 (\bar{X}_{TC}) ;

^{4/} DS₃ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média da testemunha comum UFV-4 (\bar{X}_{UFV-4}) ;

^{5/} \hat{G}_s ₁ : ganho genético esperado, considerando como referência a média das progênes envolvendo todos os cruzamentos, antes da seleção;

^{6/} \hat{G}_s ₂ : ganho genético esperado, considerando como referência a média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UFV-4;

^{7/} \hat{G}_s ₃ : ganho genético esperado, considerando como referência a média da testemunha comum UFV-4.

Tabela 39. PO: PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (gramas / 1,2 m²). Estimativas de parâmetros genéticos e ganhos genéticos esperados (\hat{G}_s) com intensidades de seleção (p) variáveis entre progênes F5:3. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-1992.

p ^{1/} (%)	\bar{X}_s	DS ₁ ^{2/}	DS ₂ ^{3/}	h ²	\hat{G}_{s_1} ^{4/}	\hat{G}_{s_1} %	\hat{G}_{s_2} ^{5/}	\hat{G}_{s_2} %
5	134,4	53,9	55,5	0,16	8,62	10,71	8,88	11,25
10	124,3	43,8	45,4	0,16	7,01	8,71	7,26	9,20
20	113,7	33,2	34,8	0,16	5,31	6,60	5,57	7,06
$\bar{X}_{pop.}$	80,5							
\bar{X}_{TC}	78,9							

^{1/} 5% : 85. 10% : 170. 20% : 340. correspondem ao número de progênes selecionadas;

^{2/} DS₁ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média envolvendo todas as progênes ($\bar{X}_{pop.}$) ;

^{3/} DS₂ : média das progênes selecionadas (\bar{X}_s) - média das testemunhas comuns IAS-5. Bossier e UVF-4 (\bar{X}_{TC}) ;

^{4/} \hat{G}_{s_1} : ganho genético esperado, considerando como referência a média das progênes envolvendo todos os cruzamentos, antes da seleção;

^{5/} \hat{G}_{s_2} : ganho genético esperado, considerando como referência a média das testemunhas comuns IAS-5, Bossier e UVF-4.

Tabela 40. Número (n) de progênies F5:3 superiores por cruzamento para os caracteres produtividade de grãos (PG), Teor de óleo (%OL) e produtividade de óleo (PO) empregando intensidades de seleção variáveis. Soja, Piracicaba-SP, semeadura em 2-12-92.

CRUZ ¹	n								
	PG			%OL			PO		
	5%	10%	20%	5%	10%	20%	5%	10%	20%
1x2	2	7	13	1	5	10	2	6	13
2x3	-	-	1	3	4	4	-	-	2
3x4	4	7	13	2	5	12	5	9	11
4x5	-	1	1	1	1	5	-	1	1
5x6	1	4	13	-	1	5	1	3	14
6x7	2	3	8	1	2	3	2	3	6
7x8	-	1	2	-	3	10	1	2	2
8x9	-	-	1	-	-	5	-	-	1
9x10	-	-	-	1	5	11	-	-	-
10x11	-	-	3	1	3	10	-	-	3
11x12	-	-	2	2	4	8	-	1	3
12x13	3	6	12	-	-	5	3	5	10
13x14	7	10	16	2	2	3	6	9	15
14x15	3	4	7	1	3	6	3	4	6
15x16	-	-	1	2	4	7	-	-	2
16x17	3	6	10	8	13	18	4	8	10
17x18	-	1	5	5	9	13	-	3	6
18x19	2	2	13	1	2	8	2	5	13
19x20	-	1	4	5	6	8	-	-	6
20x1	2	7	13	-	1	2	3	6	13
21x22	2	6	10	2	4	10	2	5	11
22x23	3	5	7	2	5	7	2	6	7
23x24	-	3	5	3	6	13	-	3	8
24x25	-	4	8	5	5	9	-	4	10
25x26	1	2	3	2	2	6	1	2	3
26x27	1	1	3	2	9	15	1	2	5
27x28	2	4	8	-	1	7	3	4	7
28x29	-	3	3	3	6	14	-	2	3
29x30	4	4	7	4	7	15	4	4	7
30x31	1	1	2	4	6	7	1	1	3
31x32	-	3	7	4	8	12	1	4	6
32x33	10	14	23	1	3	7	9	14	23
33x34	13	18	25	1	3	5	9	16	23
34x35	5	9	16	2	4	8	6	8	18
35x36	3	10	19	2	3	5	4	6	17
36x37	4	8	20	-	2	7	4	7	17
37x38	3	8	15	3	6	9	3	9	16
38x39	1	2	5	2	6	14	-	2	5
39x40	2	3	11	6	8	10	2	5	9
40x21	1	2	5	1	3	7	1	1	5
TOTAL	85	170	340	85	170	340	85	170	340

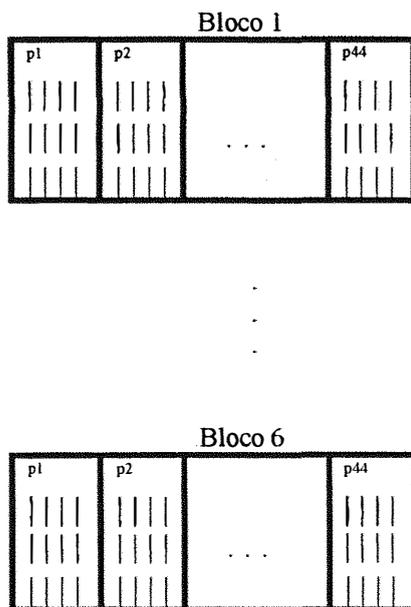
Número de progênies avaliadas = 1.702

1) Para identificar os cruzamentos, consultar o Apêndice 5.

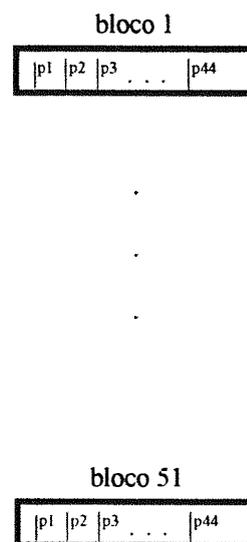
FIGURAS

Figura 1. Esquemas ilustrativos das instalações dos dois experimentos

Esquema de campo (1991/92)



Esquema de campo (1992/93)



Blocos 1 a 5: cada um envolve 40 cruzamentos e 4 testemunhas comuns

Bloco 6: envolve 40 parentais e 4 testemunhas comuns

P1, P2, ... P44: parcelas com 12 fileiras de 2 x 0,6 m.

P1 a P40: parcelas dos cruzamentos 1 a 40 (tratamentos regulares)

P41 a P44: parcelas das testemunhas comuns (tratamentos comuns)

n^o de progênies / cruzamento: 5 x 12 = 60

Blocos 1 a 50: cada um envolve 40 cruzamentos e 4 testemunhas comuns

Bloco 51: envolve 40 parentais e 4 testemunhas comuns

P1, P2, ... P44: parcelas com 1 fileira de 2 x 0,6 m.

P1 a P40: parcelas dos cruzamentos 1 a 40 (tratamentos regulares)

P41 a P44: parcelas das testemunhas comuns (tratamentos comuns)

n^o de progênies / cruzamento: 50 x 1 = 50

PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (g/1,2 m²)

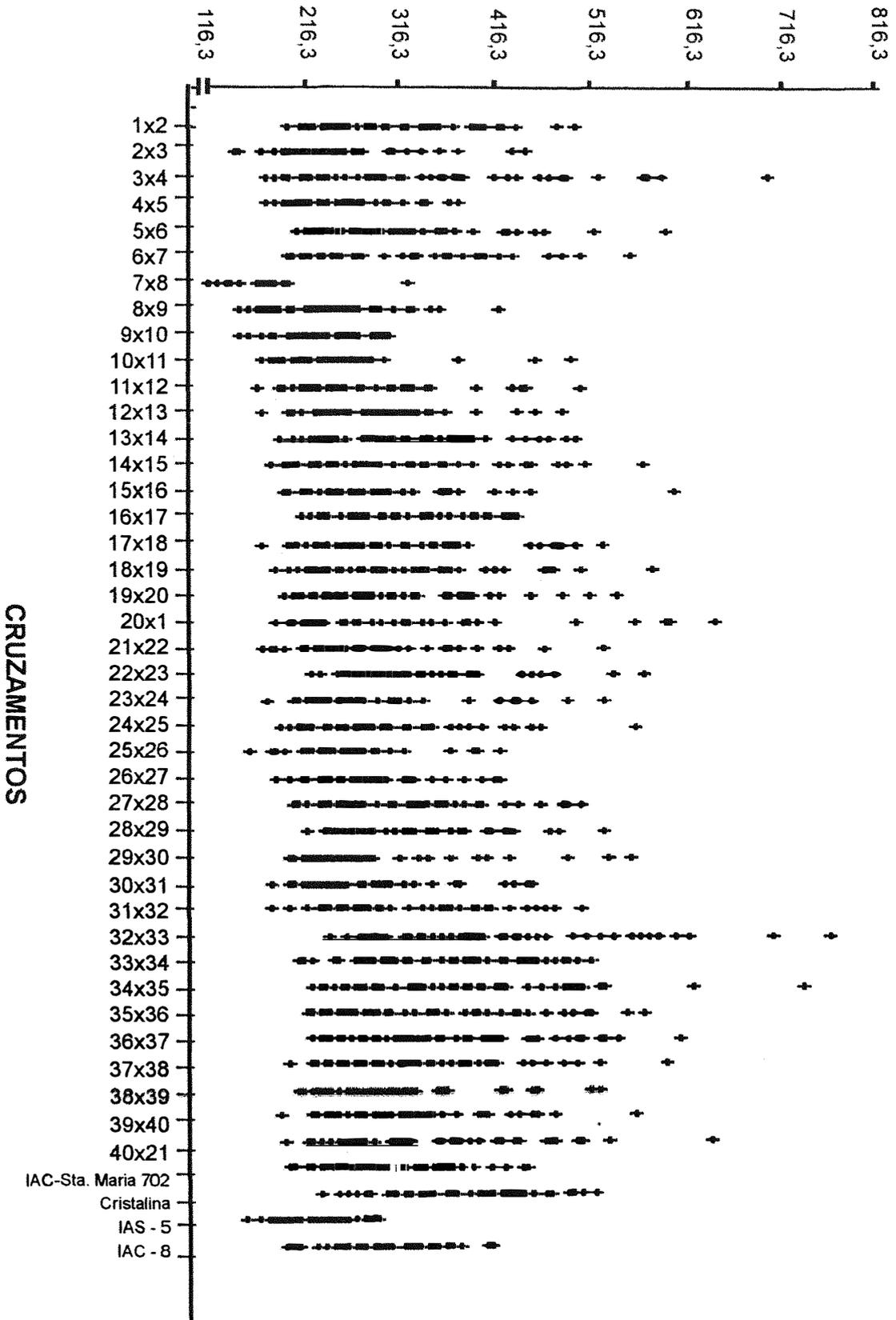


Figura 2. Dispersão das progêniees F_{4:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter produtividade de grãos (os cruzamentos estão identificados no Apêndice 5).

TEOR DE ÓLEO NOS GRÃOS (%)

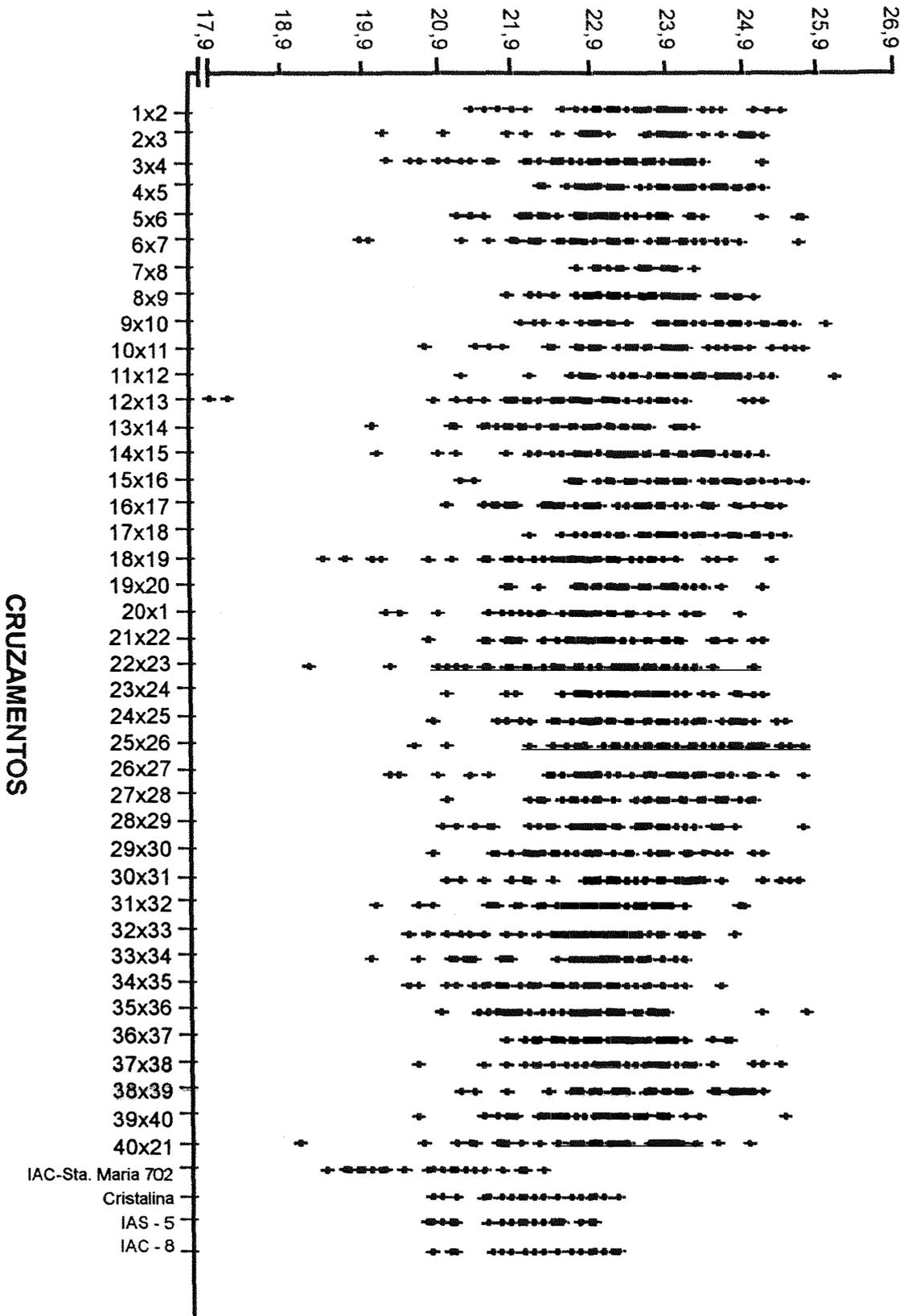


Figura 3. Dispersão das progêneses F_{4:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter teor de óleo (os cruzamentos estão identificados no Apêndice 5).

CRUZAMENTOS

PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (g/1,2 m²)

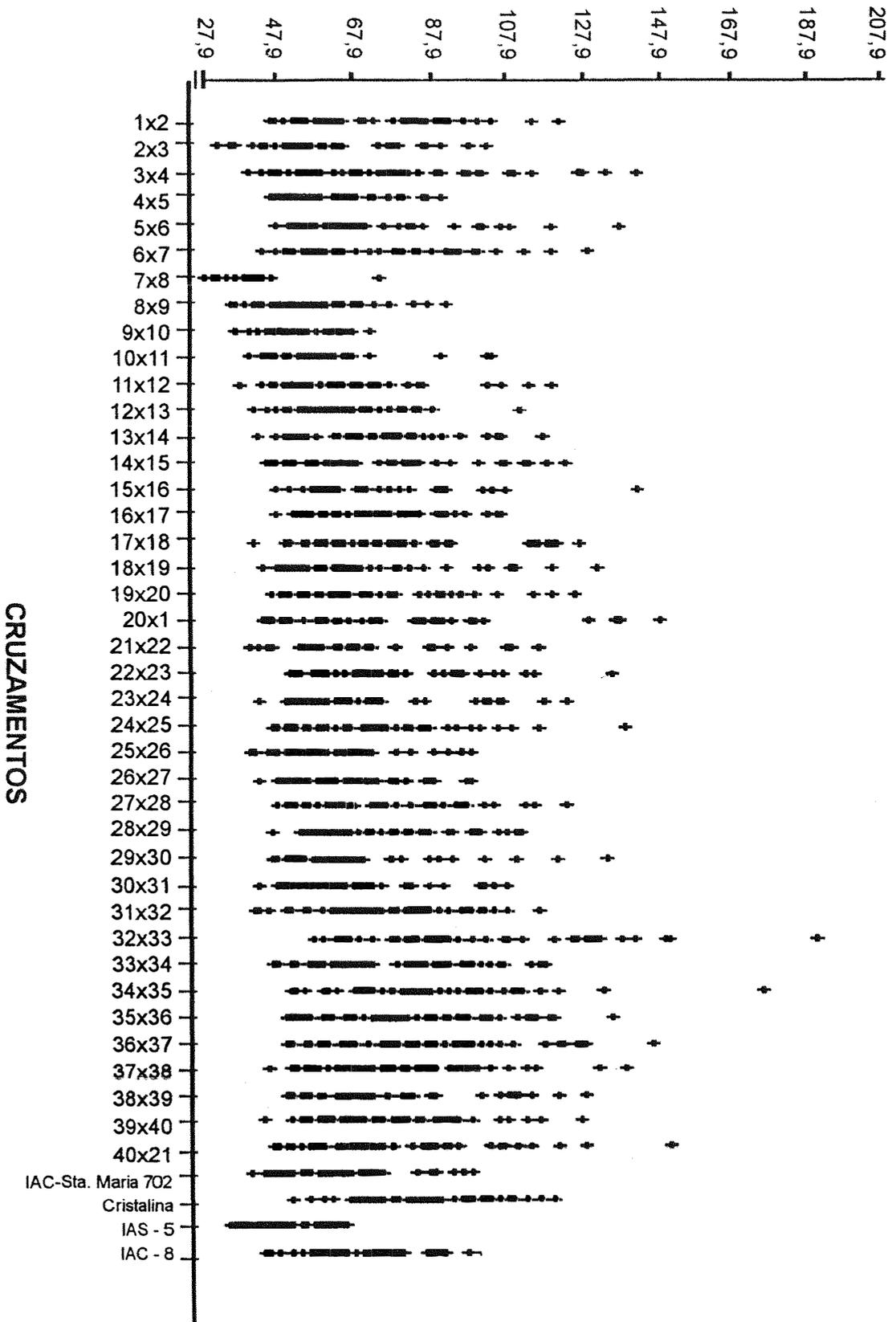


Figura 4. Dispersão das progêniees F_{4:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter produtividade de óleo (os cruzamentos estão identificados no Apêndice 5).

CRUZAMENTOS

PRODUTIVIDADE DE GRÃOS (g/1,2 m²)

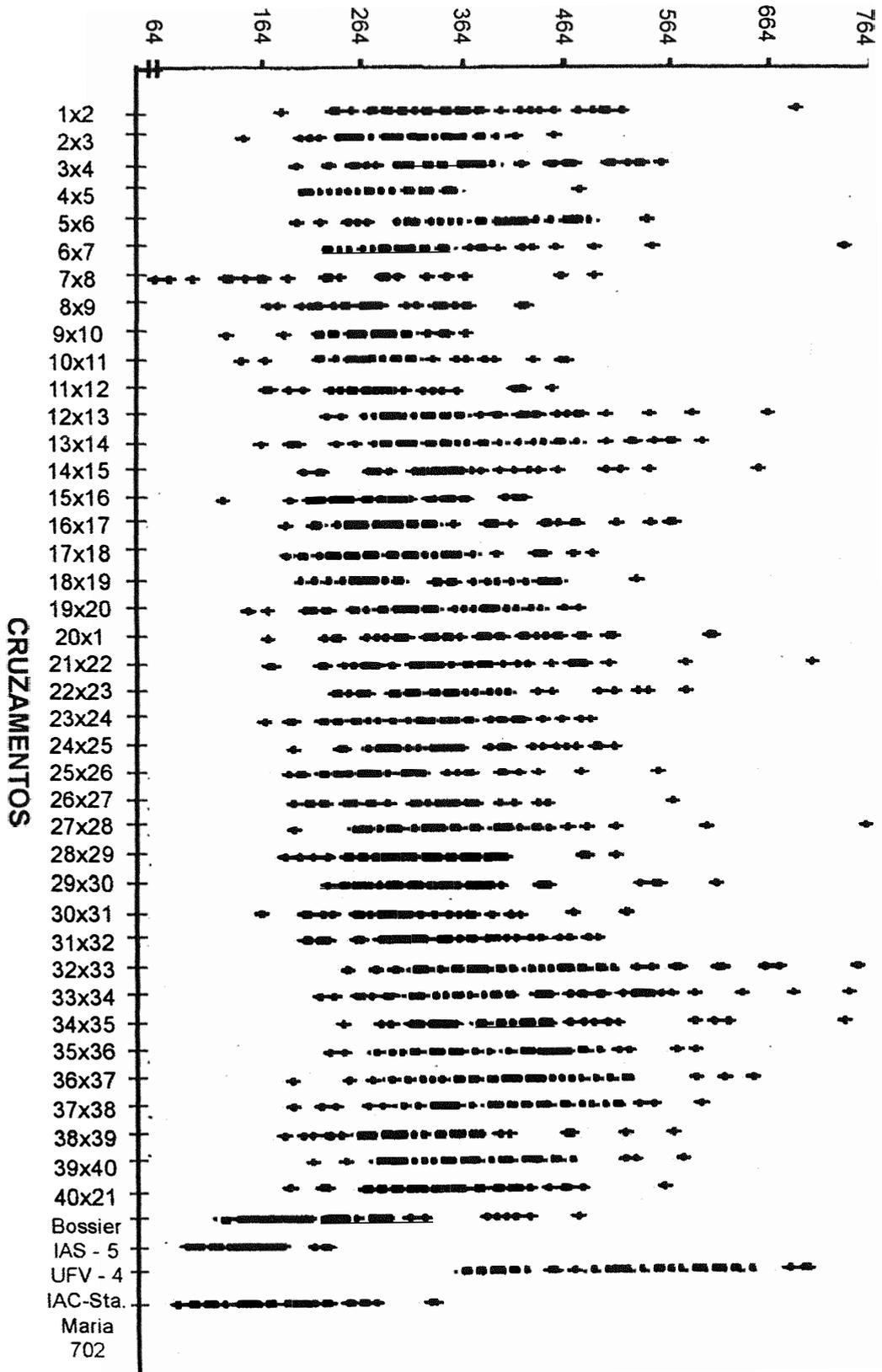


Figura 5. Dispersão das progênies F_{5:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter produtividade de grãos (os cruzamentos os estão identificados no Apêndice 5).

TEOR DE ÓLEO NOS GRÃOS (%)

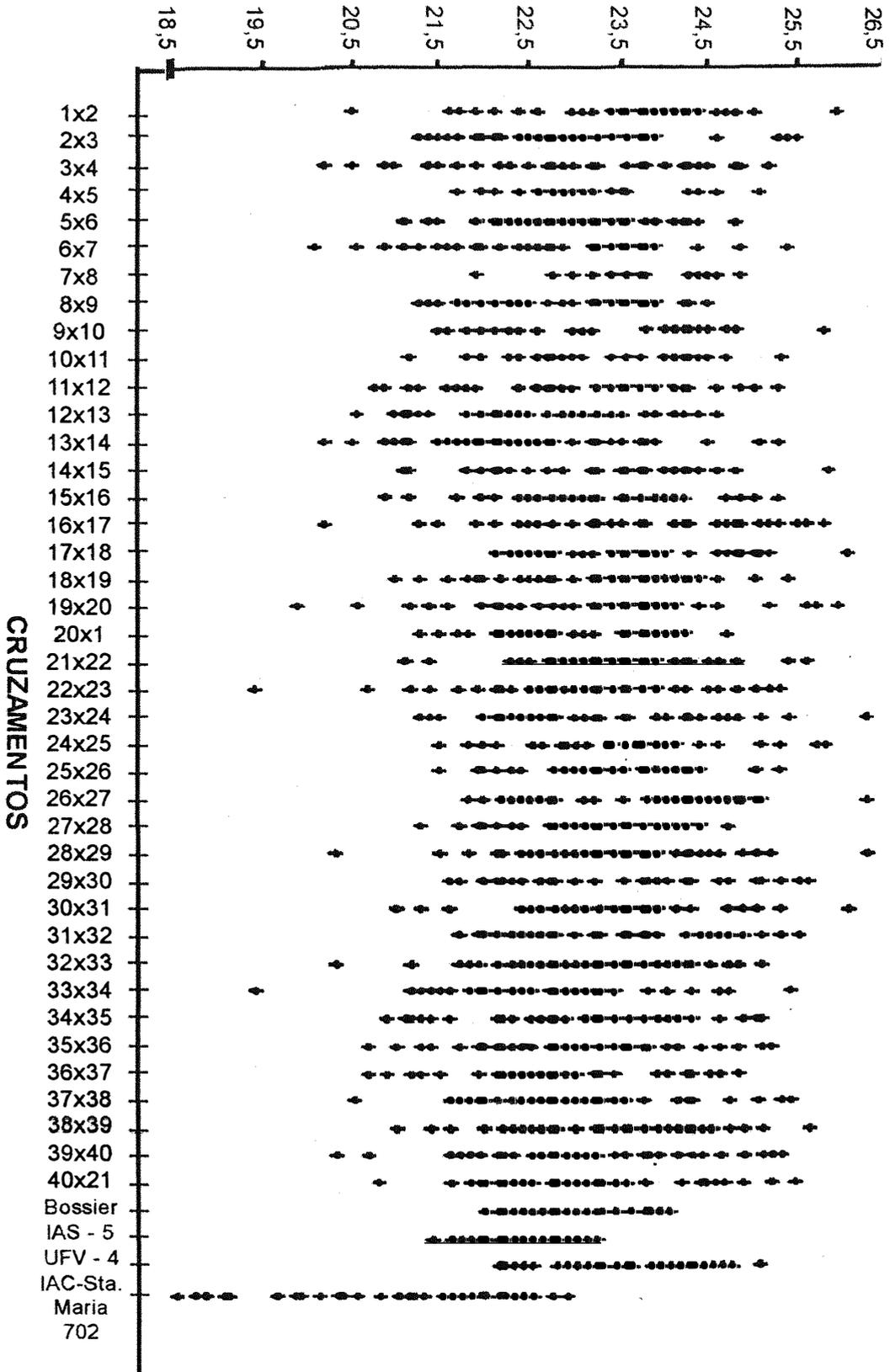


Figura 6. Dispersão das progêniees F_{3:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter teor de óleo nos grãos (os cruzamentos estão identificados no Apêndice 5).

PRODUTIVIDADE DE ÓLEO (g/1,2 m²)

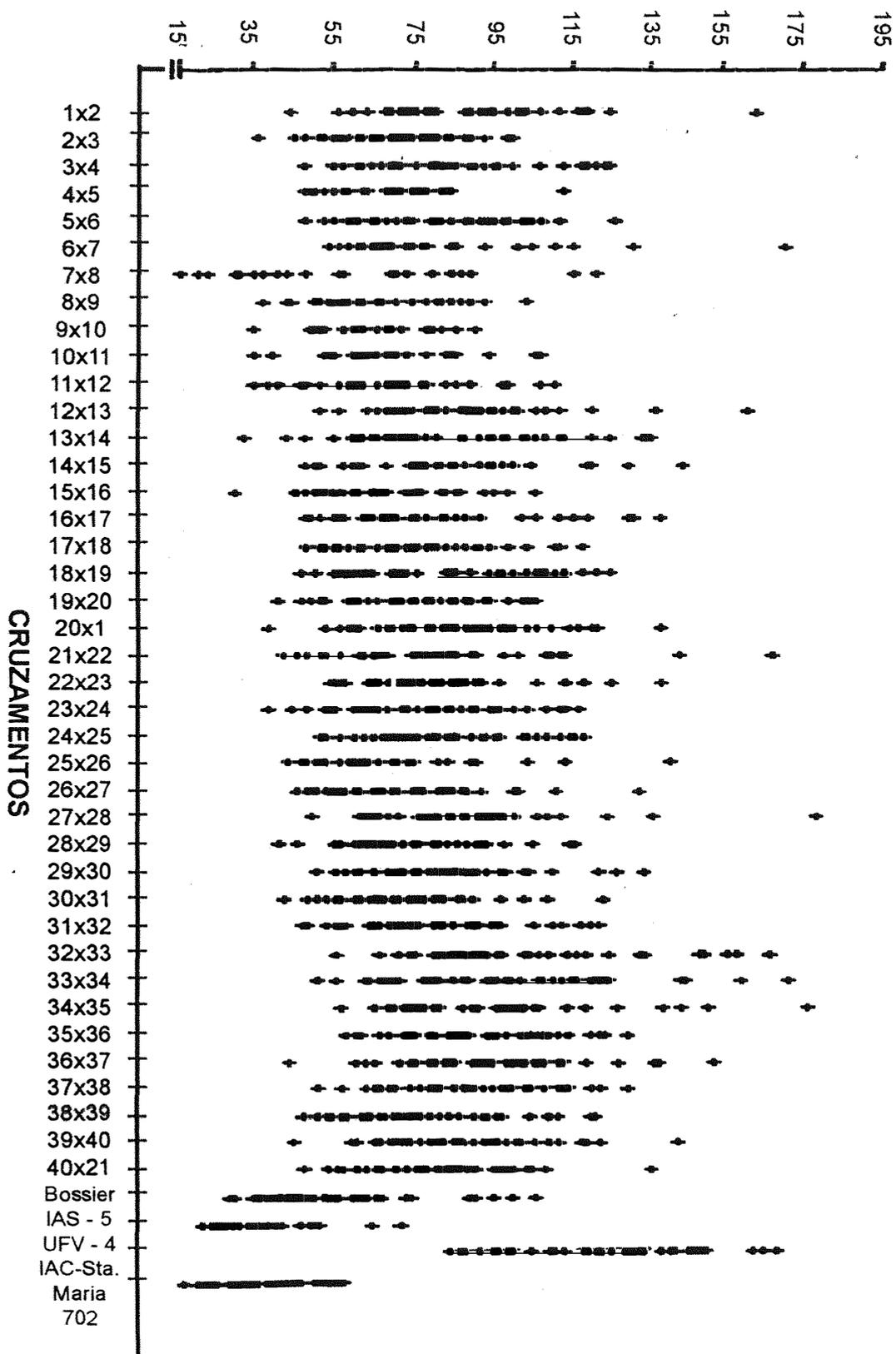


Figura 7. Dispersão das progênies F_{3:3} de soja provenientes de 40 cruzamentos em cadeia e das testemunhas para o caráter produtividade de óleo (os cruzamentos estão identificados no Apêndice 5)

APÊNDICES

Apêndice 1. Estimativas dos componentes da variância genética para teor de óleo em soja.

Componente da Variação Genética			Referências
$\hat{\sigma}^2_A$	$\hat{\sigma}^2_D$	$\hat{\sigma}^2_{AA}$	
0,4292 \pm 0,0525	0,1564 \pm 0,1279	-0,1149 \pm 0,0575	BRIM & COCKERHAM (1961)
0,1681 \pm 0,0218	-0,0681 \pm 0,0532	0,0588 \pm 0,0239	BRIM & COCKERHAM (1961)
0,242 \pm 0,128	-	0,266 \pm 0,130	HANSON & WEBER (1962)

Apêndice 2. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito e amplo para o caráter teor de óleo em soja.

Herdabilidade no sentido restrito		Referência
Intervalo de variação	Média	
1 a 66 %	43 %	SHORTER et alii (1976)
58 a 68 %	61,3 %	McKENDRY & McVETTY (1984)
66 a 86 %	76,6 %	MIRANDA et alii (1989)
Média	60,3 %	
Herdabilidade no sentido amplo		Referência
Intervalo de variação	Média	
49 a 59 %	54,7 %	WEBER & MOOTHY (1952)
68 a 78 %	72,5 %	JOHNSON et alii (1955)
63 a 74 %	69 %	HANSON & WEBER (1962)
-	51 %	KNOW & TORRIE (1964)
75 a 84 %	80,8 %	SHORTER et alii (1976)
48 a 92 %	70 %	BONETTI (1978)
49 a 66 %	57,3 %	MONTEVERDE (1984)
71 a 93 %	82 %	OPENSHAW & HADLEY (1984)
58 a 68 %	61,3 %	McKENDRY & McVETTY (1985)
37 a 79 %	61,5 %	ZIMBACK (1992)
-	50,8 %	PHUL & SHARMA (1993)
12 a 79 %	49,7 %	MONTAÑO-VELASCO (1994)
Média	63,4 %	

Apêndice 3. Fotoperíodo, temperatura, umidade relativa e precipitação pluviométrica, no período de dezembro/91 a maio/92, relativos à avaliação da geração F4:3. Soja, Piracicaba-SP.

	Fotop. (h)	Temperatura (°C)			Unidade Relativa (%)	Precipitação Pluvial (mm)
		Média	Máx.	Mín.		
DEZ	13,37	24,7	35,1	13,1	80,7	194,5
JAN	13,24	24,7	33,3	15,1	79,1	99,2
FEV	12,73	24,6	34,0	17,2	77,2	72,4
MAR	12,12	23,9	32,1	16,2	84,1	155,9
ABR	11,46	24,9	31,0	11,5	80,3	79,9
MAI	10,92	20,7	30,1	9,7	81,5	73,8

Apêndice 4. Fotoperíodo, temperatura, umidade relativa e precipitação pluviométrica, no período de dezembro/92 a maio/93, relativos à avaliação da geração F5:3. Soja, Piracicaba-SP.

	Fotop. (h)	Temperatura (°C)			Unidade Relativa (%)	Precipitação Pluvial (mm)
		Média	Máx.	Mín.		
DEZ	13,37	23,5	34,1	13,0	73,9	142,2
JAN	13,24	25,3	36,4	18,0	81,6	179,9
FEV	12,73	23,8	31,8	16,6	85,2	132,2
MAR	12,12	24,7	33,8	17,2	79,6	155,9
ABR	11,46	23,2	32,6	13,4	80,6	57,7
MAI	10,92	19,6	30,0	9,2	79,6	119,7

Fonte: Departamento de Física e Meteorologia da Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz"/USP.

Apêndice 5. Parentais de 40 cruzamentos em cadeia e testemunhas. Soja, Piracicaba-SP.

CADEIA 1		CADEIA 2	
PARENTAL		PARENTAL	
1 - Andrews Púrpura ^{a/}		21 - Bienville	
2 - FT 81-2706		22 - UFV - Araguaia	
3 - PI 371.610		23 - Bossier-s	
4 - Paraná-s		24 - UFV - 2	
5 - Kirby		25 - GO 81-8491	
6 - FT - 2		26 - BR 80-15725-B-s	
7 - N 82-2764-s		27 - Planalto-s	
8 - SOC 81-127-s		28 - GO 81-11094	
9 - Wright		29 - BR - 11	
10 - SOC 81-76		30 - FT - 8	
11 - Foster		31 - OC 79-7	
12 - FT 79-3408		32 - BR - 9	
13 - AX 5355-s		33 - EMGOPA - 301	
14 - Paranaoiana		34 - IAC - 9	
15 - Jackson 4028-s		35 - GO 79-1030	
16 - FT 81-2129		36 - Cristalina-s	
17 - Cobb		37 - IAC - 6	
18 - BR-8		38 - UFV - 4	
19 - PI 200521		39 - BR 80-16309	
20 - SOC 81-216		40 - UFV - 1	
TESTEMUNHAS			
ANO 1991/92		ANO 1992/93	
Cristalina		Bossier	
IAC - 8		UFV - 4	
IAC - Santa Maria 702		IAC - Santa Maria 702	
IAS - 5		IAS - 5	

a/ : Genótipos parentais ímpares entre 1 e 19 são materiais exóticos:

Cadeia Mista :	1x2	2x3	3x4	...	18x19	19x20	20x1:
Cadeia Adaptada :	21x22	22x23	23x24	...	38x39	39x40	40x21.

Apêndice 6. Abreviaturas e unidades dos caracteres estudados.

CARACTERES	UNIDADE
NDM : número de dias para a maturidade	nº
APM : altura da planta na maturidade	cm
Ac : acamamento	notas
VA : valor agrônômico	notas
PG : produtividade de grãos	g/1,2 m ²
%OL : teor de óleo nas sementes	%
PO : produtividade de óleo	g/1,2 m ²