

POTENCIALIDADE DE PROGÊNIES F_{5,3} DERIVADAS DE CRUZAMENTO EM CADEIA PARA PRODUÇÃO DE ÓLEO EM SOJA. João Tomé de Farias Neto, Natal Antonio Vello e Milton Cezar Ribeiro. USP, ESALQ, Dep. Genética, C.P. 83, Piracicaba, SP.

Esta pesquisa objetiva avaliar a potencialidade de genótipos F₅ de 40 populações de soja para a prática de seleção para maior teor de óleo nas sementes. Na síntese das populações, foram empregados 40 genótipos com alto teor de óleo em duas séries de cruzamentos em cadeia. Na primeira cadeia, cada um dos 20 cruzamentos envolveu um parental adaptado e um exótico. Na segunda cadeia, todos os 20 parentais eram genótipos adaptados. Para determinação do teor de óleo utilizou-se a técnica de análise de sementes no espectroscópio de ressonância nuclear magnética (NMR). O experimento foi desenvolvido em Piracicaba, delineado em blocos aumentados, sendo as parcelas apresentadas por uma linha de dois metros e quatro testemunhas: UFV-4, IAC SANTA MARIA 702, BOSSIER e IAS-5. Avaliaram-se os caracteres: Valor Agronômico (VA), Altura da Planta na Maturidade (APM), Número de Dias para Maturidade (NDM), Acamamento (AC), Produção de Grãos (PG), Teor de Óleo (% OL) e Produção de Óleo (PO). O comportamento das progênies F_{5,3} dos cruzamentos indicam uma ampla variabilidade de médias para todos os caracteres. Para todos os caracteres, exceto AC, a média foi superior na aqueles cruzamentos envolvendo materiais 100% adaptados. Para os caracteres PO e VA as melhores médias ocorreram em progênies envolvendo os parentais EMGOPA 301 e BR-9 e IAC-9. O progresso observado (média do melhor cruzamento em % sobre as testemunhas) foi: 433 g/parcela (58%) em PG; 23,43% OL (3,8%); 101,49g PO (69%). Com base nos valores médios e na variabilidade concluiu-se que progressos genéticos adicionais podem ser obtidos por meio da seleção das melhores progênies dentro dos cruzamentos.

Apoio: CNPq, FAPESP, EMBRAPA.

SELEÇÃO DE PARENTAIS DE SOJA TIPO ALIMENTO BASEADA NA DIVERGÊNCIA GENÉTICA MULTIVARIADA. Edson Perez Guerra¹, Deonísio Destro¹ e Natal Antonio Vello². Universidade Estadual de Londrina, Londrina - PR.

Na análise multivariada combina-se as múltiplas informações obtidas num experimento, possibilitando a seleção de materiais mais promissores, principalmente o genético evolutivo, com base num complexo de variáveis. Quando cruzados possibilitam maior efeito heterótico na progênie e maior probabilidade de obtenção de genótipos superiores nas gerações segregantes. Com o objetivo de selecionar genótipos divergentes de soja tipo alimento para cruzamentos, foi instalado um experimento em Londrina, em 25.11.91, com 88 genótipos de soja tipo alimento de sementes grandes (>20g/100 sem.), 8 genótipos de sementes pequenas (<10g/100 sem.) e 8 genótipos de soja tipo grão adaptados (peso de 100 sementes entre 10 e 20g). O delineamento foi de blocos casualizados, com 4 repetições. Cada parcela foi constituída de uma linha com 12 plantas, com espaçamento de 0,25m entre plantas na linha, e 0,90m entre linhas. Foram coletados dados de 4 caracteres qualitativos para identificação de genótipos e 12 quantitativos para análise multivariada. Foram estabelecidos 7 grupos de genótipos pelo método de Tocher, a partir das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D²). O Grupo I ficou com 71 genótipos; II com 9; III com 13; IV com 2; V com 7; VI com 2; e VII com 1 genótipo. Dos 15 genótipos tipo alimento mais produtivos, com letra A no teste de Scott & Knott, 10 pertencem ao Grupo I e 5 ao Grupo III. Os cruzamentos envolvendo estes genótipos selecionados e entre grupos diferentes totalizou 50 cruzamentos. Este número foi bem menor quando comparado aos 4560 cruzamentos possíveis com os 96 genótipos avaliados de soja tipo alimento. O genótipo mais produtivo do Grupo I foi a linhagem F82-5782 e do Grupo III a linhagem F83-8012.

1 - Dept^o. de Agronomia - UEL - PR

2 - Dept^o. de Genética - USP - SP

Apoio Financeiro: CNPq.