

ESTIMATIVA DE VARIÂNCIAS E HERDABILIDADES DE ALGUMAS CARACTERÍSTICAS PRIMÁRIAS E SECUNDÁRIAS DA PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA (*Glycine max* (L.) Merrill)¹

EDÉSIO FIALHO DOS REIS²

MÚCIO SILVA REIS³

TUNEO SEDIYAMA³

COSME DAMIÃO CRUZ⁴

RESUMO – Realizou-se o presente trabalho com os objetivos de estimar os componentes de variância e as herdabilidades de caracteres primários e secundários da produção de grãos, assim como verificar, dentre as populações estudadas, aquela mais promissora quanto à possibilidade de ganhos. O material experimental foi constituído de três diferentes populações, que foram conduzidas em “Bulk” até a geração F₄. A geração, em que foi realizado o presente trabalho, F₅, foi conduzida no esquema linhas segregantes intercaladas de cultivares-padrão, no ano agrícola 1996/97, em Viçosa, Minas

Gerais. Pelos resultados, verificou-se que, nas condições do presente trabalho, o método de estimação dos componentes de variância é simples e de fácil execução, podendo ser aplicado em qualquer geração proveniente de autofecundação. Quanto aos cruzamentos, o de maior variação genética foi o CR3(‘CEPS 89-26’ x ‘FT - Cristalina’), mostrando ser o mais promissor quanto a ganhos futuros por seleção, e as maiores herdabilidades foram verificadas nos caracteres secundários, sendo, em geral, de maior magnitudes aquelas associadas à média de famílias.

TERMOS PARA INDEXAÇÃO: *Glycine max*, componentes de variância, herdabilidade.

ESTIMATION OF VARIANCES AND HERITABILITIES OF SOME PRIMARY AND SECONDARY TRAITS IN GRAIN YIELD OF SOYBEANS (*Glycine max* (L.) Merrill)

ABSTRACT – The present work aimed to estimate the variance components and the heritabilities of primary and secondary traits in the production of grains, as well as to verify the more promising population, in relation to the possibility of gains, among the studied ones. The experimental material consisted of three different populations, which were conducted in " Bulk " until generation F₄. The generation in which the study was accomplished (F₅), was conducted on the scheme of segregant lines inserted between the cultivars-pattern, in the agricultural year 1996/97, in Viçosa - Minas Gerais

State. The results showed that under these work conditions the variance component estimation method is simple and easily performed, as well as it can be applied on any generation proceeding from self-fertilization. In relation to crossings, the one of higher genetic variation was CR3 (‘CEPS 89-26’ x ‘FT – Cristalina’), showing itself to be the most promising as to future gains by selection, and the highest heritabilities were verified in the secondary traits, and in general those associated to the average of families showed to be of larger magnitudes.

INDEX TERMS: *Glycine max*, variance components, heritability.

1. Parte da tese de doutorado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal de Viçosa (UFV)

2. Professor Adjunto I, Centro de Ciências Agrárias e Biológicas, Universidade Federal Goiás - Campus Avançado de Jataí. 75800-000, Jataí, GO.

3. Professor Titular, Departamento de Fitotecnia, UFV. 36571-000, Viçosa, MG. Bolsista CNPq.

4. Professor Titular, Departamento de Biologia Geral, UFV. 36571-000, Viçosa, MG. Bolsista CNPq.

INTRODUÇÃO

A herdabilidade é um parâmetro de grande importância para o melhorista de planta, pois estima a porção da variação fenotípica que é herdável. No entanto, para que o melhorista tenha disponível a magnitude da herdabilidade, é necessário estimar as variâncias.

Segundo Vencovsky (1987), em qualquer ensaio, existem os seguintes componentes na variação de um caráter e que podem ser considerados essenciais: diferenças ambientais dentro das parcelas (S_{ew}^2), diferenças genéticas entre plantas dentro das parcelas (S_{gw}^2), diferenças ambientais entre parcelas (S_e^2) e diferenças genéticas entre os tratamentos (S_g^2). Esse autor salientou que o componente de variação genética entre plantas dentro de parcelas pode ser nulo quando o material da parcela for geneticamente homogêneo; caso típico quando utilizam-se linhagens puras ou variedades constituindo a parcela experimental. S_g^2 e S_{gw}^2 são as únicas componentes favoráveis aos melhoristas, isto é, deve-se procurar minimizar os demais componentes, a fim de maximizar a eficiência da seleção.

A primeira partição da variância genotípica foi feita por Fisher (1918) em três componentes: variância genética aditiva, atribuída aos efeitos médios dos genes; variância devida aos desvios da dominância, atribuída às interações entre alelos de um mesmo loco, e variância epistática, oriunda das interações entre alelos de locos diferentes. A partir daí, uma infinidade de trabalhos foram feitos decompondo a variância genética em suas componentes.

O conceito de herdabilidade, introduzido para separar diferenças genéticas e não-genéticas entre indivíduos, é de fundamental importância para estimar os ganhos genéticos e para a escolha dos métodos de seleção a serem aplicados.

Jacquard (1983) apresentou três princípios para definição de herdabilidade: 1) como medida de semelhança entre pai e filho, 2) porção genética no sentido amplo e 3) porção genética no sentido restrito, sendo ainda ressaltado que a herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada.

Camacho (1971) e Nyquist (1991) salientaram que o valor principal da herdabilidade é quantificar o progresso que se pode obter com a seleção. Hanson (1963),

citado por Camacho (1971), argumentou que a herdabilidade não tem significado algum quando não se especifica a unidade de referência usada para a característica que se estuda.

A herdabilidade de diversas características da soja tem sido estimada, principalmente no sentido amplo, como medida de acurácia, na qual a seleção de genótipos pode ser efetuada utilizando-se o comportamento fenotípico da unidade experimental (Mahmud & Kramer, 1951; Johnson et al., 1955; Anand & Torrie, 1963; Campos, 1979; Gilioli et al., 1980; Bonato, 1989; Santos, 1994), entre outros. Verifica-se, nesses trabalhos, em geral, que valores mais elevados de herdabilidade foram encontrados para caracteres secundários (número de dias para florescimento, número de dias para maturação, altura de planta no florescimento, altura de planta na maturação) associados à produção de grãos, enquanto caracteres primários (número de vagens por planta, número de sementes por vagem e tamanho de semente) apresentaram valores intermediários, e os menores valores foram encontrados para produção de grãos.

No presente trabalho foram estudados três cruzamentos, na geração F_3 , com objetivo de estimar os componentes da variação genética e as herdabilidades em sentido amplo e restrito, utilizando-se como método de estimação dos componentes de variância genética a análise de variância, sendo essa feita no esquema de linhas segregantes intercaladas de cultivares-padrão.

MATERIAL E MÉTODOS

Material Experimental

O material experimental cedido para a realização deste trabalho foi conduzido até a geração F_4 em "Bulk" por pesquisadores do Programa de Melhoramento de Soja do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV). Foram utilizados os seguintes cruzamentos com os respectivos números de plantas, cujas populações encontravam-se na geração F_5 :

CR1: 'CEPS 77-16' x 'Doko RC' – 201 plantas

CR2: 'CEPS 89-26' x 'IAC-8' – 160 plantas

CR3: 'CEPS 89-26' x 'FT-Cristalina' – 117 plantas

Para obtenção desse material, foi feita seleção na geração F_4 , sendo utilizados quatro diferentes critérios de seleção:

- Seleção simultânea, com os seguintes limites mínimos: médias para número de nós na maturação, altura de plantas na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e produção de grãos;

- Seleção de 10% das plantas mais produtivas;
- Seleção de 10% das plantas mais altas;
- Seleção de 10% das plantas mais baixas.

Houve sobreposição de plantas nos diferentes critérios de seleção.

Procedimentos experimentais

O esquema experimental no campo foi o de linhas com cultivares-padrão intercaladas, devido à segregação e ao pequeno número de sementes, o que impossibilitava a utilização de delineamentos estatísticos com repetição. Iniciando-se cada cruzamento, foram distribuídas, na primeira linha, sementes de uma das cultivares-padrão e, a seguir, cinco linhas com sementes originadas do cruzamento, cada linha correspondendo à progênie de uma planta selecionada; na linha seguinte (7^a linha), foram distribuídas sementes de outra cultivar-padrão e, a seguir, cinco linhas do cruzamento; na linha seguinte (13^a linha), repetiu-se novamente a cultivar-padrão inicial, e assim sucessivamente até terminarem todas as plantas selecionadas. Foram utilizadas como cultivares-padrão um dos parentais e a cultivar BR 16, essa como substituta das linhagens CEPS 77-16 e CEPS 89-26, por causa da não-disponibilidade de sementes dessas linhagens e do fato de a 'BR 16' apresentar características agrônômicas semelhantes às das linhagens.

Cada parcela foi constituída de uma fileira de 1,0 m de comprimento, no espaçamento de 0,70 m entre fileiras, sendo utilizadas 30 sementes na fileira. Aos 15 a 20 dias após a emergência, foi feito o desbaste, deixando-se 15 plantas por parcela.

O ensaio foi conduzido no Campo Experimental Prof. Diogo Alves de Mello, do Departamento de Fitoecnia da UFV, em Viçosa, Minas Gerais, no ano agrícola 1996/97.

Caracteres avaliados

Para efeito de avaliação, foram etiquetadas seis plantas competitivas dentro de cada parcela, antes do florescimento, para que não houvesse tendenciosidade na escolha das plantas a serem avaliadas, o que, se ocorresse, levaria a uma seleção para ciclo.

Os seguintes caracteres foram avaliados em cada planta etiquetada, por parcela:

- Número de dias para florescimento (NDF) - contados a partir da semeadura até a abertura da primeira flor.
- Altura da planta no florescimento (APF) - altura, em centímetros, do nível do solo até o último nó da haste principal, por ocasião da abertura da primeira flor.

- Número de nós no florescimento (NNF) - contados na haste principal, após o nó cotiledonar, por ocasião da abertura da primeira flor.

- Número de dias para maturação (NDM) - contados a partir da semeadura até que 95% das vagens atingissem a coloração típica de maturação (estádio R8 da escala de Fehr et al., 1971).

- Altura da planta na maturação (APM) - altura, em centímetros, do nível do solo até o último nó da haste principal, por ocasião da maturação.

- Número de nós na maturação (NNM) - número de nós contados na haste principal, a partir do nó cotiledonar, na época da maturação.

- Número de vagens por planta (NVP) - número total de vagens com sementes formadas.

Depois de realizadas essas medições, as plantas foram colhidas e trilhadas individualmente, sendo avaliadas, no laboratório, as seguintes características:

- Número de sementes por planta (NSP) - número total de sementes produzidas por planta.

- Número médio de sementes por vagem (NSV) - obtido da relação do número total de sementes da planta pelo número total de vagens da planta.

- Produção de grãos (PRO) - peso total das sementes de cada planta, em gramas.

Peso médio de uma semente (P1S) - peso médio, em gramas, de uma semente.

Esquema da análise de variância

Foram realizadas análise de variância de cada uma das características avaliadas, nos dados originais. O modelo estatístico básico adotado foi o seguinte:

$$Y_{ij} = m + t_i + p_{(i)j} + e_i$$

em que

Y_{ij} = observação relativa à j-ésima planta, do i-ésimo tratamento;

m = média populacional;

t_i = efeito do i-ésimo tratamento (família segregante),

sendo $t_i \sim NID(0, s_G^2)$, com $i = 1, 2, \dots, n$;

t_i = efeito da i-ésima repetição (cultivar-padrão), sendo

$t_i \sim NID(0, 0)$, com $i = 1, 2, \dots, k$;

$p_{(i)j}$ = efeito da j-ésima planta dentro do i-ésimo tratamento (família segregante), sendo

do $p_{(i)j} \sim NID(0, s_w^2)$, com $j = 1, 2, \dots, p$;

$p_{(i)j}$ = efeito da j-ésima planta dentro da i-ésima repetição (cultivar-padrão), sendo $p_{(i)j} \sim NID(0, s_{ew}^2)$, com $i = 1, 2, \dots, k$ e $j = 1, 2, \dots, p$; e

e_i = efeito ambiental do i-ésimo tratamento, sendo $e_i \sim NID(0, s_e^2)$.

Obs.: t_i , e_i e $p_{(i)j}$ são independentes; NID: normal e independentemente distribuído.

No Quadro 1 é apresentado o esquema das análises de variância realizadas, bem como os estimadores das variâncias relativas às fontes de variação.

Considerando as cultivares-padrão utilizadas como linhas puras, tem-se que a média da variância entre plantas dentro das linhas nas cultivares (s_{ew}^2) pode ser atribuída a efeitos de natureza não-genética dentro de famílias. A variância média entre linhas das duas cultivares-padrão (s_e^2) pode ser atribuída a efeitos de natureza não-genética entre famílias. O s_{Fe}^2 e o s_{Fw}^2 são as variâncias de naturezas genética e não-genética em médias de famílias e dentro de famílias, respectivamente.

O $\hat{s}_{Fe}^2$, que é o estimador da variância fenotípica entre médias de famílias segregantes, pode ser parcelado em

$$\hat{s}_{Fe}^2 = \hat{s}_G^2 + \hat{s}_e^2$$

em que

$\hat{s}_G^2$ = estimador da variância genotípica entre médias de famílias segregantes.

Já $\hat{s}_{Fw}^2$, que representa o estimador da variância fenotípica dentro de famílias segregantes, pode ser parcelado em

$$\hat{s}_{Fw}^2 = \hat{s}_{Gw}^2 + \hat{s}_{ew}^2$$

em que

$\hat{s}_{Gw}^2$ = estimador da variância genotípica entre plantas dentro de famílias;

$\hat{s}_{ew}^2$ = estimador da variância ambiental entre plantas dentro de famílias.

QUADRO 1 – Esquema da análise de variância de cada característica.

Fonte de variação	GL	QM	Variâncias
Família	f-1	QM ₁	$s_{Fe}^2 = s_{Ge}^2 + s_e^2$
Padrão 1	n ₁ - 1	QM ₂	s_{eP1}^2
Padrão 2	n ₂ - 1	QM ₃	s_{eP2}^2
Erro entre	n ₁ + n ₂ - 2	QM ₄	s_e^2
Planta/F	(p-1)f	QM ₅	$s_{Fw}^2 = s_{Gw}^2 + s_{ew}^2$
Planta/padrão 1	(p-1)n ₁	QM ₆	s_{wP1}^2
Planta/padrão 2	(p-1)n ₂	QM ₇	s_{wP2}^2
Erro dentro	(n ₁ + n ₂)(p-1)	QM ₈	s_{ew}^2

f= número de famílias segregantes, n₁= número de repetições do padrão1, n₂= numero de repetições do padrão 2 e p= número de plantas por linha.

Estimadores dos componentes de variância

Foram utilizados os dados referentes às cultivares-padrão (P1 e P2) e às linhas segregantes, nas quais dispunha-se de informações dentro de cada parcela. Todas as possíveis variâncias foram estimadas conforme a metodologia a seguir:

- Variância fenotípica entre famílias ($\hat{S}_{Fe}^2$)

Considerando-se p plantas em cada família, a variância fenotípica entre progênies, na geração considerada, foi estimada pela seguinte expressão:

$$\hat{S}_{Fe}^2 = \frac{1}{f-1} \left[\sum_{i=1}^f \bar{Y}_i^2 - \frac{1}{f} \left(\sum_{i=1}^f \bar{Y}_i \right)^2 \right]$$

associada a $f-1$ graus de liberdade em que

$\bar{Y}_i$ = média da i -ésima família, e

f = número total de famílias avaliadas.

- Variância fenotípica dentro de família ($\hat{S}_{Fw}^2$)

- dentro da i -ésima família:

$$\hat{S}_{Fwi}^2 = \frac{1}{p-1} \left[\sum_{j=1}^p Y_{ij}^2 - \frac{1}{p} \left(\sum_{j=1}^p Y_{ij} \right)^2 \right], \quad \text{as-}$$

sociada a $p-1$ graus de liberdade.

- variância fenotípica dentro (média):

$$\hat{S}_{Fw}^2 = \frac{\sum_{i=1}^f \hat{S}_{Fwi}^2}{f}, \quad \text{associada a } f(p-1) \text{ graus de liberdade.}$$

- Variância ambiental entre famílias ($\hat{S}_e^2$)

A variância ambiental entre famílias foi estimada a partir dos valores médios obtidos em cada repetição das cultivares-padrão. Foram utilizadas as seguintes expressões para os estimadores:

$$\hat{S}_e^2 = \frac{gl_1 \hat{S}_{ep1}^2 + gl_2 \hat{S}_{ep2}^2}{gl_1 + gl_2}$$

em que

gl_1 e gl_2 = graus de liberdade para padrão 1 e padrão 2, respectivamente;

$\hat{S}_{ep1}^2$ e $\hat{S}_{ep2}^2$ = estimadores das variâncias entre médias das repetições do padrão 1 e padrão 2, respectivamente.

- Variância ambiental dentro de famílias ($\hat{S}_{ew}^2$)

As variâncias ambientais dentro de famílias foram estimadas a partir das variâncias dentro das repetições das gerações P_1 e P_2 , ou seja:

$$\hat{S}_{ew}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} gl_{1i} \bar{s}_{wp1}^2 + \sum_{i=1}^{n_2} gl_{2i} \bar{s}_{wp2}^2}{\sum_{i=1}^{n_1} gl_{1i} + \sum_{i=1}^{n_2} gl_{2i}}$$

$$\bar{s}_{wp1}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} gl_{1i} \hat{S}_{wlip1}^2}{\sum_{i=1}^{n_1} gl_{1i}} \quad \text{e}$$

$$\bar{s}_{wp2}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_2} gl_{2i} \hat{S}_{wlip2}^2}{\sum_{i=1}^{n_2} gl_{2i}}$$

em que

$\bar{s}_{wp1}^2$ e $\bar{s}_{wp2}^2$ são a variância média dentro do padrão 1 e do padrão 2, respectivamente;

$\hat{S}_{wlip1}^2$ e $\hat{S}_{wlip2}^2$ são a variância dentro da i -ésima linha do padrão 1 e do padrão 2, respectivamente;

gl_{1i} e gl_{2i} são graus de liberdade para a i -ésima linha do padrão 1 e padrão 2, respectivamente, e n_1 e n_2 são números de repetições do padrão 1 e padrão 2, respectivamente.

No presente trabalho, em que $n_1 = n_2$ e o mesmo número de plantas dentro de parcela foi avaliado, o estimador da variância ambiental dentro resumiu-se a:

$$\hat{S}_{ew}^2 = \frac{\bar{s}_{wp1}^2 + \bar{s}_{wp2}^2}{2}$$

- Variância genotípica entre famílias ($\hat{S}_{Ge}^2$)

É dada pela diferença entre o estimador da variância fenotípica entre famílias ($\hat{S}_{Fe}^2$) e o estimador da variância ambiental entre elas ($\hat{S}_e^2$), ou seja:

$$\hat{S}_{Ge}^2 = \hat{S}_{Fe}^2 - \hat{S}_e^2$$

- Variância genotípica dentro de família ($\hat{S}_{Gw}^2$)

É dada pela diferença entre o estimador da variância fenotípica entre plantas dentro de família ($\hat{S}_{Fw}^2$) e o estimador da variância ambiental entre plantas dentro de família ($\hat{S}_{ew}^2$).

$$\hat{S}_{Gw}^2 = \hat{S}_{Fw}^2 - \hat{S}_{ew}^2$$

- Variância genética aditiva e devida à dominância

De posse das estimativas das variâncias referidas nos itens anteriores, por estar trabalhando com famílias oriundas de sucessivas autofecundações e derivadas de populações resultantes do cruzamento entre dois genitores contrastantes, foi possível estimar as variâncias aditiva (S_A^2) e causada pelos desvios da dominância (S_D^2), conforme o Quadro 2, que mostra a decomposição da variância genética total (S_{GT}^2) de acordo com as duas componentes (S_A^2 e S_D^2) e o coeficiente de endogamia I_n (Ramalho & Vencosky, 1978; Falconer, 1987). Foi considerado o coeficiente de endogamia na geração F_3 igual a 1/2.

QUADRO 2 – Decomposição da variância genética total em componentes em consequência da variação entre famílias e dentro de famílias

Fonte de Variação	Variância Genética	Componentes
Entre famílias	S_{Ge}^2	$2I_n S_A^2 + I_n(1 - I_n) S_D^2$
Dentro de famílias	S_{Gw}^2	$(1 - I_n) S_A^2 + (1 - I_n) S_D^2$
Total	S_{GT}^2	$(1 + I_n) S_A^2 + (1 - I_n^2) S_D^2$

Assim, tem-se

$$\hat{S}_{Ge}^2 = 2I_n \hat{S}_A^2 + I_n(1 - I_n) \hat{S}_D^2$$

$$\hat{S}_{Gw}^2 = (1 - I_n) \hat{S}_A^2 + (1 - I_n) \hat{S}_D^2$$

Fazendo $S_{Ge}^2 - I_n S_{Gw}^2$, obtiveram-se

$$\hat{S}_{Ge}^2 - I_n \hat{S}_{Gw}^2 = 2I_n \hat{S}_A^2 - I_n(1 - I_n) \hat{S}_D^2$$

$$\hat{S}_{Ge}^2 - I_n \hat{S}_{Gw}^2 = FI_n \hat{S}_A^2 (2 - 1 + I_n) = I_n \hat{S}_A^2 (1 + I_n)$$

$$\hat{S}_A^2 = \frac{\hat{S}_{Ge}^2 - I_n \hat{S}_{Gw}^2}{I_n(1 + I_n)}$$

Substituindo na primeira equação o $\hat{S}_A^2$ pelo estimador da variância genética aditiva, obteve-se:

$$\hat{S}_D^2 = \frac{2I_n \hat{S}_{Gw}^2 - (1 - I_n) \hat{S}_{Ge}^2}{I_n(1 + I_n)(1 - I_n)}$$

Estimadores dos coeficientes de herdabilidade e de variação

• Herdabilidade em sentido amplo

- Herdabilidade entre famílias

$$h_{Ae}^2 = \frac{S_{Ge}^2}{S_{Fe}^2}$$

- Herdabilidade dentro de famílias

$$h_{Ad}^2 = \frac{S_{Gw}^2}{S_{Fw}^2}$$

• Herdabilidade em sentido restrito

- Herdabilidade entre famílias

$$h_{Re}^2 = \frac{2I_n S_A^2}{S_{Fe}^2}$$

- Herdabilidade dentro de famílias

$$h_{Rd}^2 = \frac{(1 - I_n) S_A^2}{S_{Fw}^2}$$

- Herdabilidade em nível de indivíduo

$$h_{RI}^2 = \frac{(1 + I_n) S_A^2}{S_{Ftotal}^2}$$

- **Coefficiente de variação**

- Coeficiente de variação experimental

em que

$\bar{X}$ é a média geral do experimento.

- Coeficiente de variação genético

$$CV_G(\%) = \frac{\sqrt{\hat{S}_{Ge}^2 + \hat{S}_{Gw}^2}}{\bar{X}} \times 100$$

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Análises estatísticas e estimativas dos componentes de variância

Nos Quadros 3, 4 e 5 são apresentados os quadrados médios da variação entre e dentro de progênies e do ambiente entre e dentro de progênies, as variâncias genéticas entre e dentro de progênies e variância genética aditiva, e as médias e os coeficientes de variação experimental e genético obtidos para todos os caracteres avaliados para as três populações estudadas, respectivamente.

O teste F foi realizado utilizando-se como fonte testadora os quadrados médios entre progênies e dentro de progênies e como quadrado médio do resíduo as variações ambientais entre e dentro, respectivamente. Pelo fato de cada população utilizada como material experimental ter sido originada do cruzamento entre variedades contrastantes, esperava-se a existência de diferenças, principalmente entre progênies, nos caracteres de controle gênico mais complexos. No entanto, verifica-se, nos Quadros 3, 4 e 5, significância na maioria dos caracteres de controle gênico menos complexos (NDF, APF, NDM, APM e NNM), o que pode estar associado à forma com que os indivíduos foram selecionados, pois procurou-se garantir essa variação quando selecionaram-se indivíduos dos extremos para APM (10% mais altas e 10% mais baixas). Nesses caracteres, verifica-se, em todos cruzamentos, uma variação ambiental baixa, comparada à variação total. Já para produção de grãos, a seleção foi no sentido de aumentar o valor genético médio, o que possivelmente acarretou redução da variabilidade genética, proporcionando, assim, diferenças não-significativas para produção e na maioria de seus componentes primários (NVP, NSV, P1S) nos diferentes cruzamentos. Verifica-se que os dados obtidos neste trabalho foram similares àqueles conseguidos por

$$CV_{exp}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{S}_e^2 + \hat{S}_{ew}^2}}{\bar{X}} \times 100$$

Johnson et al. (1955), Anand & Torrie (1963), Campos (1979), Gilioli et al. (1980) e Santos (1994), em que os caracteres NDF, APF, NDM, APM e NNM mostraram, geralmente, reduzida influência do ambiente, enquanto produção de grãos e seus componentes primários (NVP, NSV e P1S) foram normalmente de controle gênico mais complexo, sendo mais influenciados pelo ambiente. Para o caráter produção de grãos, verificam-se diferenças significativas apenas para o cruzamento CR3 (Quadro 5), indicando ser esse o cruzamento mais promissor para obtenção de ganhos pela seleção.

Os coeficientes de variação experimental (Cv_{exp}) encontrados para os caracteres analisados apresentaram valores de diferentes magnitudes, o que era esperado, pois como proposto, quantifica a variação na média em unidades de desvio-padrão não-genético entre e dentro de progênies e é uma particularidade do caráter. Pode-se verificar que maiores magnitudes desse coeficiente foram encontradas nos caracteres de controle gênico mais complexo, por apresentarem maiores sensibilidades à variação não-genética. Já o coeficiente de variação genético (Cv_G), que quantifica a variação da média em unidades do desvio-padrão genético, mostra que os maiores valores foram verificados nos caracteres de controle gênico mais complexos. Na relação Cv_G/Cv_{exp} (Quadros 3, 4 e 5), os maiores valores foram encontrados nos caracteres secundários, o que reflete, para esses caracteres, possibilidades de ganhos com métodos relativamente simples de seleção, conforme relatou Cruz & Regazzi (1997).

Herdabilidades

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, para média de família e indivíduo dentro de família, e também a herdabilidade restrita total, que é aquela do indivíduo, desprezando-se a informação da família. Os resultados dos cruzamentos CR1, CR2 e CR3 encontram-se nos Quadros 6, 7 e 8, respectivamente.

Os maiores coeficientes de herdabilidade, tanto em sentido amplo quanto restrito, de família, indivíduo e total, foram verificados nos caracteres secundários da produção de grãos estudados (NDF, APF, NNF, NDM, APM e NNM), em que se verificaram também, em alguns caracteres, valores de herdabilidade restrita dentro de famílias superiores à unidade, o que é um indício de superestimação da variância genética aditiva ou subesti-

mação da variância ambiental dentro, o que pode caracterizar uma inadequação do método para estimar a vari-

ância dentro de famílias. Já os componentes primários da produção (NVP, NSV e P1S) apresentaram, em

QUADRO 3 – Estimativas de médias de famílias e dentro de famílias das variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas das variâncias aditiva, das médias e dos coeficientes de variação, para os caracteres avaliadas utilizando-se linhas segregantes com pais intercalares, no cruzamento CR1, ano agrícola 1996/97.

E.V.	GL	Caracteres ^{1/}										
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	P1S
Entre Famílias	75	265,800**	613,449**	12,743**	413,619**	1435,871**	22,074**	1770,878	7.164,133	0,125	153,345	0,0044**
Dentro de Fam.	375	7,975**	30,671**	1,369 ^{ns}	19,448**	60,575**	2,384	489,729	1.998,001	0,040	45,608	0,0006**
Resíduo Entre	14	3,856	122,385	1,330	9,838	206,119	2,451	1.201,350	4.160,876	0,112	73,177	0,0010
Resíduo Dentro	80	5,106	20,173	1,158	6,065	37,725	2,223	416,398	1.681,921	0,036	41,747	0,0003
Var. Gen. Entre	261,944	491,064	11,413	403,781	1229,752	19,623	569,528	3.003,257	0,013	80,168	0,0034	
Var. Gen. Dentro	2,869	10,499	0,211	13,383	22,850	0,161	73,331	316,080	0,004	3,861	0,0004	
Var. Aditiva	149,682	280,608	6,522	230,732	702,715	11,213	308,031	1.661,981	0,006	45,810	0,0019	
Média - $\bar{X}$	61,456	47,561	11,478	135,239	63,274	13,961	44,825	80,507	1,745	12,545	0,169	
CV _{exp} (%)	4,871	25,104	13,742	2,949	24,679	15,486	89,729	94,946	22,046	85,454	18,712	
CV _G (%)	26,479	47,088	29,704	15,103	55,935	31,860	56,564	71,564	7,472	73,071	32,410	
CV _G /CV _{exp}	5,436	1,876	2,162	5,121	2,266	2,057	0,630	0,754	0,339	0,855	1,732	

** significativo a 1% de probabilidade

1/ NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e P1S: peso médio de uma semente

QUADRO 4 – Estimativas em nível de médias de famílias e dentro de famílias das variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas, das variâncias aditiva, das médias e dos coeficientes de variação, para os caracteres avaliadas utilizando -se linhas segregantes com pais intercalares, no cruzamento CR2, ano agrícola 1996/97.

F.V.	GL	Caracteres ^{1/}										
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Entre Famílias	55	315,351**	855,830*	5,246	366,828**	1642,848**	8,810	427,273	1891,974	0,161	51,430	0,0032
Dentro de Fam.	280	7,051**	32,596**	0,939*	12,032**	77,463**	1,755*	154,634*	623,205*	0,048	17,755	0,0007**
Resíduo Entre	10	5,369	85,089	3,525	6,600	198,758	6,781	249,481	1271,581	0,132	35,084	0,0021
Resíduo Dentro	60	2,414	11,206	0,642	4,450	27,453	1,175	110,814	388,814	0,042	13,292	0,0004
Var. Gen. Entre		309,982	770,741	1,721	360,228	1444,089	2,030	177,792	620,393	0,029	16,347	0,0012
Var. Gen. Dentro		4,637	21,390	0,297	7,582	50,010	0,580	43,820	234,391	0,006	4,463	0,0003
Var. Aditiva		177,133	440,423	0,890	177,133	440,423	0,928	84,998	253,136	0,015	7,583	0,0006
Média - $\bar{X}$		62,259	49,128	10,229	131,065	67,929	13,232	29,926	54,982	2,078	9,337	0,172
CV _{exp}		4,481	19,974	19,956	2,536	22,141	21,317	63,428	74,111	20,074	74,492	29,070
CV _G		28,490	57,289	13,888	14,633	56,903	12,209	49,745	53,175	9,003	48,857	22,517
CV _G /CV _{exp}		6,358	2,868	0,696	5,769	2,570	0,573	0,784	0,718	0,448	0,656	0,775

* e ** significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente

^{1/} NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e PIS: peso médio de uma semente

QUADRO 5 – Estimativas em nível de médias de famílias e dentro de famílias das variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas, das variâncias aditiva, das médias e dos coeficientes de variação, para os caracteres avaliadas utilizando-se linhas segregantes com pais intercalares, no cruzamento CR3, ano agrícola 1996/97.

F.V.	GL	Caracteres ^{1/}										
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIs
Entre Famílias	44	112,899**	438,571**	9,393	227,155**	748,132*	10,996	2869,782*	11416,934*	0,191	266,765*	0,00;
Dentro de Fam.	225	6,697**	22,446**	1,136	12,869**	31,653*	2,265**	447,588*	1986,171	0,037	39,183**	0,000.
Resíduo Entre	8	19,475	74,767	4,900	32,108	156,083	4,483	708,792	3720,933	0,136	61,711	0,001
Resíduo Dentro	50	1,837	10,510	0,843	3,353	20,990	1,323	307,980	1493,817	0,032	24,390	0,000
Var. Gen. Entre		93,424	363,805	4,492	195,046	592,049	6,512	2160,991	7696,000	0,055	207,054	0,000
Var. Gen. Dentro		4,860	11,936	0,292	9,516	10,663	0,942	139,608	492,354	0,005	14,793	0,000
Var. Aditiva		53,385	207,889	2,567	111,455	338,314	3,467	1234,852	4397,714	0,031	118,315	0,000
Média - $\bar{X}$		60,248	44,156	11,848	132,100	58,930	14,378	53,967	101,907	1,856	14,404	0,14
Cv _{exp}		7,662	20,913	20,227	4,508	22,581	16,759	59,086	70,862	22,084	64,420	28,24
Cv _G		16,455	43,899	18,461	10,827	41,660	18,989	88,878	88,796	13,198	103,406	23,72
CV _G /CV _{exp}		2,147	2,099	0,913	2,402	1,845	1,133	1,504	1,253	0,598	1,605	0,84

* e ** significativo ao nível de 5% e 1% de probabilidade, respectivamente

1/ NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e PIs: peso médio de uma semente.

geral, menores valores de herdabilidade, o que também se verificou para produção de grãos, mostrando-se concordantes com os resultados obtidos por Johnson et al. (1955), Anand & Torrie (1963), Campos (1979), Gilioli et al. (1980) e Santos (1994). Isso pode ser explicado pela complexidade desses caracteres, uma vez que os componentes secundários da produção são tidos como caracteres menos complexos, ou seja, governados por um menor número de genes, enquanto os componentes primários e o caráter produção de grãos são mais complexos, e, por isso, geralmente, mais sensíveis às variações do ambiente. Um forte indicativo da menor complexidade dos caracteres secundários é a ausência de variação devida à dominância na maioria deles, o que pode ser verificado pela igualdade dos coeficientes de herdabilidade, entre médias de progênie, em sentidos amplo e restrito, uma vez que foram considerados o modelo aditivo-dominante e a ausência de efeitos epistáticos. Assim, pode-se concluir, com base em Falconer (1987), que não houve efeito de dominância na geração estudada (F_3) e toda variação genotípica foi devida aos valores genéticos aditivos.

De acordo com as estimativas de herdabilidade, espera-se que maior proporção do diferencial de seleção seja transmitida à geração seguinte, quando se considera média de família como unidade de seleção em produção de grãos, sendo menor essa proporção quando se pensa, como unidade de seleção, o indivíduo dentro da família. Verificaram-se, nessa característica, valores de diferentes magnitudes, sendo o cruzamento CR2, conforme mostrado no Quadro 7, o que mostrou menor valor, daí ter sido esperado menor proporção do diferencial de seleção passado à geração seguinte. Já os coeficientes de herdabilidade restrita dentro, que são de menores magnitudes, também mostraram variações entre cruzamentos, sendo muito baixos no cruzamento CR2 (Quadro 7). Com isso, espera-se que o diferencial de seleção possa ser o fator determinante para que esse cruzamento seja promissor. No processo seletivo, pensando-se em produção de grãos e levando em consideração apenas a representatividade do valor genético aditivo pelo valor fenotípico, os cruzamentos mais promissores são, pela ordem, CR3, CR1 e CR2.

QUADRO 6 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR1 ('CEPS 77-16' x 'Doko - RC'), no ano agrícola 1996/97

Caract. ^{1/}	Herdabilidades				
	h_{Ae}^2	h_{Ad}^2	h_{Re}^2	h_{Rd}^2	h_{Rtotal}^2
NDF	0,9855	0,3597	0,9855	2,3461	1,0251
APF	0,8005	0,3423	0,8005	1,1436	0,8168
NNF	0,8956	0,1538	0,8956	0,5955	0,8665
NDM	0,9762	0,6882	0,9762	1,4830	0,9990
APM	0,8565	0,3772	0,8565	1,4501	0,8805
NNM	0,8890	0,0677	0,8890	0,5879	0,8596
NVP	0,3216	0,1497	0,3044	0,0786	0,2555

NSP	0,4192	0,1582	0,4060	0,1040	0,3401
NSV	0,1067	0,1036	0,0840	0,0188	0,0682
PRO	0,5228	0,0847	0,5228	0,1256	0,4317
P1S	0,7675	0,6351	0,7355	0,3744	0,6910

1/ NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e P1S: peso médio de uma semente.

QUADRO 7 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' x 'IAC - 8'), no ano agrícola 1996/97

Caract. ^{1/}	Herdabilidades				
	h_{Ae}^2	h_{Ad}^2	h_{Re}^2	h_{Rd}^2	h_{Rtotal}^2
NDF	0,9830	0,6576	0,9830	3,1402	1,0302
APF	0,9006	0,6562	0,9006	1,6889	0,9295
NNF	0,3280	0,3164	0,2969	0,1185	0,2698
NDM	0,9820	0,6302	0,9820	2,1385	1,0187
APM	0,8790	0,6456	0,8790	1,3316	0,8994
NNM	0,2304	0,3304	0,1843	0,0661	0,1647
NVP	0,4161	0,2834	0,3481	0,0687	0,2739
NSP	0,3279	0,3761	0,2341	0,0508	0,1887
NSV	0,1799	0,1218	0,1583	0,0379	0,1307
PRO	0,3178	0,2514	0,2580	0,0534	0,2055
P1S	0,3594	0,3694	0,3083	0,1016	0,2715

1/ NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e P1S: peso médio de uma semente.

QUADRO 8 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' x 'FT - Cristalina'), no ano agrícola 1996/97

Caract. ^{1/}	Herdabilidades				
	h_{Ae}^2	h_{Ad}^2	h_{Re}^2	h_{Rd}^2	h_{Rtotal}^2
NDF	0,8275	0,7257	0,8275	0,9964	0,8370
APF	0,8295	0,5318	0,8295	1,1577	0,8455
NNF	0,4782	0,2573	0,4782	0,2824	0,4571
NDM	0,8586	0,7394	0,8586	1,0826	0,8707
APM	0,7914	0,3369	0,7914	1,3360	0,8135
NNM	0,5923	0,4158	0,5518	0,1913	0,4902

NVP	0,7530	0,3119	0,7530	0,3449	0,6979
NSP	0,6741	0,2479	0,6741	0,2768	0,6152
NSV	0,2875	0,1376	0,2810	0,1036	0,2522
PRO	0,7704	0,3775	0,7704	0,3774	0,7204
PIS	0,3618	0,7842	0,2580	0,1052	0,2353

1/ NDF: número de dias para floração; APF: altura de planta na floração; NNF: número de nós na floração; NDM: número de dias para maturação; APM: altura da planta na maturação; NNM: número de nós na maturação; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; NSV: número médio de sementes por vagem; PRO: produção de grãos, em gramas e PIS: peso médio de uma semente.

CONCLUSÕES

a) O método de estimação dos componentes de variância mostrou-se bastante adequado e propício para estimação dos mesmos em qualquer geração de populações de soja oriunda de autopolinização, com ou sem seleção prévia;

b) Métodos relativamente simples de seleção podem resultar em ganhos nos caracteres secundários, ao passo que nos primários e no caráter produção de grãos deve-se utilizar métodos mais sofisticados;

c) A seleção com base em médias de famílias é a mais promissora;

d) A utilização de caracteres secundários, auxiliares da produção de grãos, pode ser bastante útil no processo seletivo;

e) A população mais promissora, considerando-se produção de grãos, foi a do cruzamento CR3;

f) As herdabilidades de maiores magnitudes foram verificadas nos caracteres de controle gênico mais simples.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ANAND, S. C.; TORRIE, J. H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, Madison v. 3, n. 6, p. 508-11, 1963.

BONATO, E. R. **Herança do tempo para o florescimento e para a maturidade em variantes naturais de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 1989. 166 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

CAMACHO, L. H. Varianzas genéticas y heredabilidad de características vegetativas y reproductivas de la soja *Glycine max* (L.) Merr. **Acta agronomica**, v. 21, n. 4, p. 145-152, 1971.

CAMPOS, L. A. C. **Estudo da heterose, da herdabilidade e de correlações de algumas características agrônomicas**

em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). 1979. 76 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. UFV, 1997. 390 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

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

FISHER, D. S. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Review Society Transation**, Edinburgh, v. 52, p. 399-433, 1918.

GILIOLI, J. L.; SEDIYAMA, T.; SILVA, J. C.; THIEBAUT, J. T. L.; REIS, M. S. Estimativas de herdabilidade e de correlações fenotípicas para alguns caracteres, em quatro mutantes naturais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 15, n. 4, p. 379-384, 1980.

JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. **Biometrics**, North Carolina, v. 39, n. 2, p. 465-477, jun. 1983.

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

MAHMUD, I.; KRAMER, H. H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. **Agronomy Journal**, Madison, v. 43 n. 12, p. 605-609, 1951.

NYQUIST, W. E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 10, n. 3, p. 235-322, 1991.

RAMALHO, M. A. P., VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, Lavras, v. 2, n. 2, p. 117-140, jul./dez. 1978.

SANTOS, C. A. F. **Análise de trilha e estimativas de parâmetros genéticos em progênies F_6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. 1994. 71 f. Dissertação

(Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.