

KEYLA DE OLIVEIRA RIBEIRO

**HETEROSE ENTRE LINHAGENS DE SOJA QUANTO AOS
TEORES DE PROTEÍNA E DE ÓLEO NO GRÃO**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, da Universidade Federal de Goiás, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Agronomia, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas.

Orientador:

Prof. Dr. Lázaro José Chaves

Co-orientador:

Dr. Jaison Pereira de Oliveira

Goiânia, GO – Brasil
2006

KEYLA DE OLIVERIA RIBEIRO

**HETEROSE ENTRE LINHAGENS DE SOJA QUANTO AOS
TEORES DE PROTEÍNA E DE ÓLEO NO GRÃO**

Dissertação DEFENDIDA e APROVADA em ___ de _____ de _____, pela
Banca Examinadora constituída pelos membros:

Prof. Dr. Jaison Pereira de Oliveira
Membro –

Prof. Dr. José Baldin Pinheiro
Membro – ESALQ (USP)

Prof. Dr. Lázaro José Chaves
Orientador – UFG

Goiânia – GO
Brasil

Dedico:

Aos meus pais, pelo amor incondicional me
dado.

Às minhas irmãs pelo companheirismo e
incentivo.

Ao Luciano pelo amor e dedicação.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus por

a capacidade, a inteligência e a sabedoria;

a vida dos que me amam, e com esse amor me sustentaram e fortaleceram;

o mestre e amigo, Lázaro José Chaves.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	7
RESUMO	8
ABSTRACT	10
1 INTRODUÇÃO	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	14
2.1 ORIGEM E IMPORTÂNCIA ECONÔMICA	14
2.2 PROPRIEDADES DO GRÃO DE SOJA	16
2.3 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES	17
2.4 DIVERGÊNCIA GENÉTICA E HETEROSE	19
2.5 TEOR DE PROTEÍNA NO GRÃO	22
2.5.1 Herança.....	22
2.5.2 Melhoramento.....	25
2.6 TEOR DE ÓLEO NO GRÃO.....	28
3 MATERIAL E MÉTODOS	30
3.1 LINHAGENS GENITORAS.....	30
3.2 OBTENÇÃO DOS HÍBRIDOS	30
3.3 MÉTODO DE ANÁLISE DO TEOR DE PROTEÍNA	33
3.4 MÉTODO DE ANÁLISE DO TEOR DE ÓLEO	34
3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICO-GENÉTICAS	35
3.5.1 Análises de variância	35
3.5.2 Análise dialélica	35
3.5.3 Correlações	38
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	40
4.1 ANÁLISE DIALÉLICA.....	40
4.1.1 Teor de proteína.....	40
4.1.2 Teor de óleo	51
4.2 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES	58

5	CONCLUSÕES.....	60
6	REFERÊNCIAS	61

LISTA DE TABELAS

- Tabela 1.** Linhagens de soja e suas genealogias, escolhidas para o estudo de variabilidade genética e heterose para os teores de proteína e óleo no grão.31
- Tabela 2.** Esquema da análise de variância segundo o modelo de Miranda Filho & Geraldi (1984), em notação matricial.38
- Tabela 3.** Análise de variância segundo modelo dialélico de Gardner e Eberhart (1966) adaptado por Miranda Filho & Geraldi (1984), para os teores de proteína (g/100g) e de óleo (g/100g) no grão, de genitores do grupo 1 (doador de pólen) e do grupo 2 (receptor de pólen) e suas combinações híbridas.41
- Tabela 4.** Médias (g/100g) do teor de proteína de dois grupos de linhagens de soja (\bar{Y}_{i0} e \bar{Y}_{0j}) e seus cruzamentos.42
- Tabela 5.** Estimativas dos efeitos de variedades (\hat{v}_i e \hat{v}_j), heterose total (\hat{h}_{ij}), heterose de variedades (\hat{h}_i e \hat{h}_j), heterose específica (\hat{s}_{ij}) e capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) para o teor de proteína no grão.46
- Tabela 6.** Médias (g/100g) do teor de óleo de dois grupos de linhagens de soja e seus cruzamentos.53
- Tabela 7.** Estimativas dos efeitos de variedade (\hat{v}_i e \hat{v}_j), heterose total (\hat{h}_{ij}), heterose de variedade (\hat{h}_i e \hat{h}_j), heterose específica (\hat{s}_{ij}) e capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) para o teor de óleo no grão.56

RESUMO

RIBEIRO, K.O. **Heterose entre linhagens de soja quanto aos teores de proteína e de óleo no grão**. 2006. 69 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes leguminosas cultivadas no mundo, principalmente devido aos elevados teores de proteína e óleo, além do alto rendimento de grãos. Devido ao seu valor nutricional e suas propriedades tecnológicas, a proteína da soja tem-se tornado um importante produto na indústria de alimentos e de rações. As agroindústrias apresentam uma demanda cada vez maior por atributos de qualidade específicos, provocando a necessidade de desenvolvimento de variedades de soja produtivas com elevados teores de proteína e óleo no grão. Informações sobre a divergência entre genitores permitem ao melhorista selecionar aqueles potencialmente capazes de gerar maior variabilidade, elevando a probabilidade de se obterem genótipos superiores em gerações segregantes. Este trabalho teve como objetivo avaliar linhagens de soja e seus híbridos quanto aos teores de proteína e óleo no grão, determinando a heterose e seus componentes, como indicadores do potencial dos genitores para gerarem genótipos segregantes para estes caracteres, quando cruzados. Foram avaliados 18 genitores e suas combinações híbridas, em esquema dialélico parcial quanto aos teores de proteína e óleo no grão. Os genitores foram divididos em dois grupos determinados pela cor da flor (branca e roxa) permitindo a distinção dos cruzamentos efetivos. As análises físico-químicas foram feitas em sementes de plantas F₁ obtidas em casa de vegetação. Foram utilizados os métodos de Kjeldahl e de Soxhlet para a determinação dos teores de proteína e óleo, respectivamente. Os quadrados médios da análise de variância pelo modelo dialélico mostraram-se significativos ($P < 0,05$) para todas fontes de variação quanto aos teores de proteína e óleo no grão, exceto o efeito de heterose de genitores do grupo 1 (flor branca) para o teor de proteína. Os grupos de genitores apresentaram médias diferentes para estes caracteres, sendo esta maior para o grupo 2 (flor roxa). A existência de variabilidade significativa permite selecionar genótipos com maiores médias para estes caracteres, e isto pode ser feito a partir de um grupo de linhagens em fase final de um programa de melhoramento de soja. O efeito da heterose mostra a presença de dominância nos locos que controlam os teores de proteína e de óleo no grão, permitindo o uso de genitores para a formação de populações segregantes promissoras. O efeito de heterose média foi negativo, podendo-se então verificar que a média dos híbridos é significativamente inferior à média dos genitores. Isto mostra que os genitores possuem frequências gênicas suficientemente diferentes em pelo menos parte dos locos com dominância, com prevalência de dominância dos alelos que contribuem para a diminuição destes caracteres. Os genitores mostraram-se heterogêneos quanto à sua contribuição heterótica na formação de híbridos para ambos caracteres, exceto os genitores do grupo 1 para o teor de proteína. Com a heterose específica pôde-se observar que os genitores de cada grupo são suficientemente diferentes para que haja a complementação gênica em nível de locos com dominância para estes caracteres. A presença de divergência possibilita a seleção de linhagens para uso como genitores em programas de melhoramento utilizando métodos de hibridação, com a finalidade de reunir alelos favoráveis para o aumento destes

caracteres no grão de soja. Para o conjunto de genitores avaliados, pode-se concluir que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos são importantes na determinação dos teores de proteína e óleo no grão.

Palavras chave: *Glycine max*, dialelo, híbridos.

Orientador: Prof. Dr. Lázaro José Chaves

ABSTRACT

RIBEIRO, K.O. **Heterosis among inbred lines of soybean based on the grain protein and oil contents.** 2006. 69 f. Dissertation (Master's degree in Agronomy: Genetics and Plant Breeding) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2006.

The soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) is one of the most important grain cultivated in the world, mainly because its high levels of grain protein and oil, and also due to its high yield. Soybean protein has become an important product in the food and feed industries, due to its nutritional value and technological properties. Agricultural business increasingly demands specific quality traits, creating the need for developing types of productive soybean, with high levels of protein and oil in the grain. Information about the genetic divergence among genitors allows the breeder to select that ones potentially able to generate greater variability, increasing the probability of getting superior genotypes in segregating generations. The purpose of this study was to evaluate inbred lines of soybean and its hybrids based on grain protein and oil content. The heterosis and its components were used as indicators for the genitors' potential to generate by crossing segregating genotypes for these traits. Eighteen genitors and its hybrid combinations were evaluated to grain protein and oil content, in a partial diallel arrangement. The genitors were classified in two groups based on their flower color (white and purple) allowing us to detect the effective crosses. Physicochemical analyses were made in grains of F₁ plants obtained in a green house. The Kjeldahl and Soxhlet methods were used to determine protein and oil content, respectively. The mean squares from the analysis of variance of the diallel model were significant ($P < 0.05$) for all sources of variation based on the grain protein and oil contents, except for the genitor heterosis effect in the group 1 (white) for protein content. The groups of genitors presented distinct means for both protein and oil contents, with highest values for group 2 (purple). The presence of genetic variability shows that the selection of genotypes with greater contents of grain protein and oil can be effective in the final phase of a soybean breeding program. The significance of heterosis effect showed the presence of dominance in the loci that control grain protein and oil contents, allowing the use of genitors for the formation of promissory segregant population. The average heterosis were negative, so the hybrid means are significantly smaller than that of the genitors. This shows that genitors have gene frequencies sufficiently different at least in part of the loci with dominance effects, with the prevalence of dominant alleles that contribute to the decrease of contents for both traits. Genitors showed to be heterogeneous in their heterotic contribution to the formation of hybrids, except for protein content in the group 1. The significance of specific heterosis showed that the genitors of each group are sufficiently different in order to cause gene complementation in the dominant loci for protein and oil contents. The presence of genetic divergence allows the selection of parental inbred lines for use in breeding programs using hybridization methods, with the goal of gathering alleles that are favorable to the increase of grain protein and oil content. For the evaluated genotypes, it can be concluded that the additive and non-additive gene effects are important in the determination of the contents of grain protein and oil.

Key words: *Glycine max*, diallel, hybrids

Adviser: Prof. Dr. Lázaro José Chaves

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes leguminosas cultivadas no mundo, principalmente devido aos elevados teores de proteína e óleo, além do alto rendimento de grãos. A principal utilização da soja se dá na indústria de esmagamento, produzindo óleo e farelo. Esses derivados da soja são matérias-primas para vários segmentos industriais. A fração óleo é usada, principalmente, pela indústria alimentícia na produção de óleos refinados, gorduras hidrogenadas, margarinas, maioneses etc. O farelo é usado na indústria de rações e na produção de texturizados para embutidos, e grande parte é destinada à exportação.

Os Estados Unidos ocupam a primeira posição entre os países produtores e o Brasil é o segundo maior produtor de soja. O Brasil é, ainda, o segundo maior exportador de grãos e alimentos derivados da soja, destacando-se como o terceiro consumidor de soja em grãos e o quarto consumidor de alimentos derivados da soja no mundo (USDA, 2005). A produção de soja em Goiás apresentou na safra 2004/2005 um montante de 7,05 milhões de toneladas, representando 14,04% da produção nacional. Quando comparada com a safra anterior, verifica-se que ocorreu um incremento correspondente a 14,76%. O Estado de Goiás é o terceiro maior produtor do Brasil, com uma área de 2,66 milhões de hectares, sendo 3,5% maior que a da safra 2003/2004 (Conab, 2005). Fatores como o crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira estão associados aos avanços científicos e à disponibilização de tecnologias ao setor produtivo. Portanto, demandas específicas implicam num processo inovador na agricultura, visando atender às exigências da agroindústria.

A maioria das cultivares de soja apresenta de 30% a 45% de proteínas, de 15% a 25% de lipídios, de 20% a 35% de carboidratos e cerca de 5% de cinzas em suas sementes (Cheftel et al., 1989). Quando processada a soja rende, em média, 80% de farelo e 18,4% de óleo. Sendo assim, um ganho em 2 g/100g no teor protéico no grão de soja renderia 2,5 g/100g de proteína no farelo. Levando em consideração que o Brasil exportou 13,4 milhões de toneladas de farelo de soja em 2004/05 (Conab, 2005), esse aumento do

teor protéico permitiria um rendimento adicional de 268 mil toneladas de proteína no farelo exportado.

A proteína da soja tornou-se destaque na indústria de alimentos e rações devido à sua importante contribuição nutricional na dieta. Não somente o valor nutricional, mas também as propriedades da proteína de soja são amplamente exploradas, destacando os seguintes produtos: a proteína texturizada, concentrados protéicos e isolados protéicos na indústria de alimentos, e os polímeros na produção de adesivos.

Atualmente, as agroindústrias de soja apresentam uma demanda cada vez maior por atributos de qualidade específicos. Esses novos critérios de qualidade estão sendo considerados na definição de preços e competitividade da soja em nível internacional. Sendo assim, torna-se necessário o desenvolvimento de variedades produtivas com alto teor de proteína.

Variedades de soja com alto teor de óleo e produtivas podem satisfazer os produtores e as indústrias de óleo, e o alto teor de proteína agregaria valor aos subprodutos do processamento do óleo. Pelo fato do teor de óleo e produtividade serem negativamente correlacionados ao teor de proteína, este último tem-se mantido constante. Busca-se aumentar os teores de proteína e óleo sem que outros caracteres desejados como densidade do grão, produtividade e outros sejam prejudicados. Neste caso, o conhecimento da associação entre caracteres é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, pois a seleção de um caráter pode provocar mudanças indesejáveis em outros, quando a correlação genética é existente (Cruz & Regazzi, 2001).

Teoricamente essas características podem ser modificadas geneticamente pela combinação de genes adequados, provenientes do germoplasma de soja. A hibridação é uma técnica de melhoramento genético que tem por finalidade combinar, em um mesmo indivíduo, dois ou mais fenótipos desejáveis que se encontram em indivíduos diferentes. Com o cruzamento espera-se gerar uma população com variabilidade genética suficientemente ampla a fim de se selecionar linhagens que reúnam os caracteres de interesse (Ramalho et al., 1993). Neste caso, a seleção de genitores é uma das decisões mais importantes e a probabilidade do sucesso está diretamente relacionada às características destes genitores. Na seleção de genitores deve-se levar em conta aspectos como características agrônomicas, herança dos caracteres a serem selecionados e divergência genética entre os possíveis genitores. A introdução de genótipos com alto teor de proteína nos programas de melhoramento é uma opção para aumentar a variabilidade

genética deste caráter. No entanto, essa medida pode ser considerada um retrocesso com relação aos ganhos genéticos para produção, devido ao baixo potencial produtivo de genótipos com altos teores de proteína.

Estudos sobre a divergência genética entre indivíduos ou populações fornecem indicações sobre aqueles potencialmente capazes de contribuir com um maior efeito heterótico nas progênes, elevando-se a probabilidade de se obterem genótipos superiores em gerações segregantes (Falconer, 1981). As metodologias de análise dialélica têm por finalidade analisar este delineamento genético, promovendo estimativas de parâmetros úteis à seleção de genitores para hibridação e ao entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz & Regazzi, 2001).

Este trabalho teve como objetivo avaliar linhagens de soja e seus híbridos quanto aos teores de proteína e óleo no grão, determinando a heterose e seus componentes, visando subsidiar a escolha de genótipos com potencial para gerarem segregantes com maiores teores de proteína e óleo no grão, quando cruzados.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 ORIGEM E IMPORTÂNCIA ECONÔMICA

Acredita-se que a forma cultivada da soja (*Glycine max*) tenha o ancestral mais provável *Glycine soja*, devido ao acúmulo de características quantitativas e qualitativas originadas por mutações (Bonetti, 1981). De acordo com Hymowitz & Singh (1987), o anualismo do subgênero soja mostra um avanço evolutivo sobre as perenes.

A soja é cultivada em diversos lugares do mundo e tem sido utilizada como alimento desde 3000 a.C. (Hymowitz, 1970). Não se consegue estabelecer ao certo a época em que a domesticação da soja aconteceu mas, as primeiras referências da cultura, segundo Probst & Judd (1973), datam de aproximadamente 2800 a 2400 a.C. na China. A soja chegou a Europa no começo de século XVIII e no final desse mesmo século no Brasil (Bonetti, 1981), mas somente no século XIX começou a ser explorada no país. Esta cultura chamou a atenção pela alta produtividade, a fácil produção em variados ambientes e ao seu valor como forrageira (Smith & Huyser, 1987). É consumida na China a mais de cinco mil anos, sendo considerada um “grão mágico” devido às suas características nutricionais (Embrapa Soja, 2004). O uso da soja como alimento foi incentivado logo após a 2ª Guerra Mundial nos Estados Unidos, com o forte cultivo da cultura principalmente para a alimentação animal.

A soja começou a ser explorada devido à crescente demanda de óleo comestível. O seu cultivo comercial para produção de grãos foi implementado a partir dos anos 40 do século passado, em algumas regiões do Rio Grande do Sul e São Paulo. A produção de soja começou a ser incentivada pelo governo e foi introduzida no sistema de rotação de culturas junto com o trigo. Nos anos de 1970 teve um crescimento na produção de 32% ao ano (Bonato & Dallagnol, 1985). Desse modo, a soja tornou-se muito importante no mundo e o Brasil encontra-se hoje entre os maiores produtores mundiais.

No decorrer do tempo as cultivares foram selecionadas principalmente para produção de grãos e teor de óleo. Guodong & Jinling (1989) verificaram que os teores de óleo e proteína em soja variaram com a década e a posição geográfica da avaliação. As

variedades lançadas nos anos de 1950 superam, em relação ao teor de proteína, as variedades dos anos de 1960, 1970 e 1980. Nos anos de 1950, começou uma demanda crescente por óleos comestíveis, o que pode explicar a queda no teor de proteína, já que o óleo era, produto principal de maior valor, e negativamente correlacionado com o teor de proteína.

No Brasil, a soja é cultivada nas mais diversas condições edafoclimáticas, englobando altas e baixas latitudes. Devido a essa ampla variação, torna-se fundamental a seleção de genótipos com elevada produtividade e adaptabilidade a vários ambientes (Borém et al., 1999).

O Brasil se destacou na safra 2002/03 com uma produção de 52,1 milhões de toneladas, sendo o segundo maior produtor de soja do mundo. Essa produção aumentou em 24% em relação ao ano anterior, devido ao incremento de 9,7% na produtividade e à expansão de 13,5% na área cultivada. O explosivo aumento da produção desde 1960 foi determinante para o crescimento e desenvolvimento do agronegócio brasileiro. Segundo a Conab (2005), o Brasil produziu na safra 2004/05 51,1 milhões de toneladas de soja, sendo que dentre as regiões brasileiras, o Centro-Oeste se destacou em primeiro lugar, participação de 55,5% desta produção.

Segundo a Conab (2005), a previsão da safra 2005/06 poderá variar entre 56,7 e 58,6 milhões de toneladas, superando a safra de 2002/03. Contudo, os indicativos apontam para uma redução substancial na área cultivada na maioria dos principais estados produtores, com diminuição do uso de tecnologia como uma forma de redução nos custos de implantação das lavouras. Cultivares de soja mais produtivas e que requerem menor gasto com insumos tornam hoje alvo de investimento dos produtores.

A soja se destaca, mundialmente, entre outras culturas como o algodão e a palma, como alimento protéico com maior índice de importação e exportação e de maior consumo no mundo (USDA, 2005). O consumo mundial da soja em grãos e de seus produtos tem crescido ano a ano. Desde 2000 o consumo de produtos a base de soja cresceu 16% (USDA, 2005).

A produção de soja, de farelo de soja e de óleo de soja tem sido crescente desde 2000 e, conseqüentemente, o consumo e a exportação destes produtos também (Conab, 2005). Em 2000, o Brasil exportava 1,53 milhões de toneladas de óleo de soja e hoje exporta 2,37 milhões de toneladas. O Brasil se destaca como o segundo maior produtor e exportador de óleo de soja no mundo, sendo que o primeiro é a Argentina

(USDA, 2005). Nota-se uma demanda crescente de óleo de soja pelos países importadores como a China, Índia e Irã, o que mostra a necessidade de busca de cultivares com maior produtividade de óleo.

2.2 PROPRIEDADES DO GRÃO DE SOJA

Os maiores e mais importantes componentes do grão de soja são a proteína e o óleo. A maioria das cultivares melhoradas possuem de 40% a 42% de proteína e 20% a 22% de óleo no grão, em base seca (FAO, 1994). A proteína de soja tem um bom balanço de aminoácidos essenciais. Os aminoácidos metionina e cistina encontram-se em baixas concentrações, porém, os teores de lisina e triptofano são elevados. Os cereais apresentam uma situação contrária. Assim, o uso da soja juntamente com cereais permite uma ótima qualidade protéica na dieta. O alto teor de óleo é uma vantagem porque pode servir como fonte de energia. Os ácidos graxos insaturados representam 85% do total de lipídio no grão de soja e 60% dos insaturados são compostos pelos ácidos graxos essenciais linoléico e linolênico (Franco, 1986).

Os processos industriais são essenciais para melhorar o valor nutricional da soja, inativando os fatores antinutricionais e aumentando a disponibilidade de nutrientes. Os produtos derivados do processamento da soja são principalmente: o óleo, os concentrados e isolados protéicos, a proteína texturizada e o farelo (FAO, 1994).

Não somente o valor nutricional, mas também as propriedades da proteína de soja são amplamente exploradas. Destacando-se os seguintes produtos: a proteína texturizada, os concentrados e os isolados protéicos na indústria de alimentos; e os polímeros, na produção de adesivos. O uso de produtos protéicos de soja pela indústria alimentícia tem aumentado devido ao seu custo relativamente baixo e, principalmente, pelas suas características funcionais. Têm-se desenvolvido vários produtos combinados com a proteína de soja para aumentar ainda mais a sua qualidade nutricional, sem que haja alteração significativa nos seus custos (Bakar & Hin, 1984; Wang et al., 1997).

A indústria de alimentos à base de soja prefere cultivares que se destacam nas características químicas tais como, teor de proteína e ácidos graxos (óleo) polinsaturados. A necessidade de avaliação de genótipos para tais características é de grande importância para o melhoramento de soja, visando atender algumas necessidades da indústria alimentícia (Rao et al., 1998).

Em razão da sua importância econômica, o setor de produção de farelo de soja e derivados vem crescendo fortemente no mundo. A proteína da soja tornou-se destaque na indústria de alimentos e rações devido à sua importante contribuição nutricional na dieta. Lima (1999) notou grandes perspectivas de utilização dos derivados da soja na alimentação de suínos e aves, sendo o farelo o mais utilizado.

2.3 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

Um aspecto genético de grande valor para o melhoramento de plantas são as correlações entre caracteres, pois estas refletem o grau de associação entre eles. Se existir a correlação, a seleção para um determinado caráter influenciará na expressão de outro correlacionado, como acontece entre os teores de proteína e de óleo no grão de soja. A pesquisa acerca da natureza e da relação entre esses caracteres é importante num programa de melhoramento, pois geralmente não se procura a melhoria de caracteres isolados, mas de várias características (Vencovsky & Barriga, 1992). Deve-se destacar que quanto maior o número de características que se procura melhorar ao mesmo tempo em uma cultivar de soja, menores serão as chances de sucesso.

A correlação entre caracteres tem duas causas principais, uma genética e outra ambiental. As causas genéticas são, principalmente, devido à pleiotropia e ao desequilíbrio de ligação gênica, sendo este último uma causa transitória, particularmente quando as populações são derivadas de genitores divergentes. A correlação de ambiente entre caracteres ocorre quando esses são influenciados pelas mesmas diferenças ambientais (Falconer, 1987; Venkovsky & Barriga, 1992).

Uma vez que a melhoria da produtividade da soja é um dos principais objetivos em programas de melhoramento genético, devem-se verificar as correlações existentes entre esta característica e as demais. O rendimento de grãos de soja, no geral, é inversamente correlacionado com o teor de proteína nos grãos (Johnson et al., 1955; Kwon & Torrie, 1964; Thorne & Fehr, 1970; Hartwig & Hinson, 1972; Hymowitz et al., 1972; Shannon et al., 1972; Lee et al., 1996; Voldeng et al., 1997; Marega Filho et al., 2001). Correlação negativa entre rendimento de grãos e teor de proteína também foi encontrada por Wilcox & Guodong (1997), em populações de tipo de crescimento indeterminado, mas não em populações de hábito determinado. Wilcox & Cavins (1995) verificaram correlações que variaram de -0,23 a -0,86, para estes caracteres. Associação positiva entre

o conteúdo de proteína e o rendimento de grãos também já foi observada (Weiss et al., 1952; Kwon & Torrie, 1964; Simpson Junior & Wilcox, 1983).

Vários autores verificaram também, correlação negativa entre os teores de proteína e de óleo (Johnson et al., 1955; Kwon & Torrie, 1964; Thorne & Fehr, 1970; Hymowitz et al., 1972; Simpson Junior & Wilcox, 1983; Burton, 1984; Bonato et al., 2000; Feng et al., 2004). A correlação entre teor de óleo e rendimento de grãos dependendo dos genótipos avaliados, pode ser elevada e positiva (Johnson et al., 1955). Mas pode também ser pequena, variando de positiva a negativa (Simpson Junior & Wilcox, 1983), ou ausente (Kwon & Torrie, 1964; Bonato et al., 2000; Ribeiro et al., 2005).

Thorne & Fehr (1970) estudaram cruzamento entre cultivares adaptadas de soja e introduções com alto teor de proteína. A correlação fenotípica entre o teor de proteína e produção de grãos, estimada para as diversas populações, variou entre -0,38 e -0,28. Entre os teores de proteína e óleo a correlação variou entre -0,84 e -0,54. Shorter et al. (1976) obtiveram correlações genotípicas entre o teor de proteína e produção de grãos variando de negativa a positiva (-0,50 a 0,34), o que seria suficiente para permitir a seleção de linhagens com alta produção e alto teor de proteína. Shannon et al. (1972) observaram correlações negativas entre o teor de proteína e a produção de grãos, variando de -0,61 a -0,24, e entre o teor de proteína e o teor de óleo, variando de -0,92 a -0,46.

Openshaw & Hadley (1984) estudaram a adequação de índices de seleção para modificar a concentração do teor de proteína, óleo e açúcares no grão de soja, envolvendo duas populações que incluíam genitores de alto teor de proteína. As correlações genéticas entre os teores de proteína e óleo foram -0,83 e -0,68 para cada população.

Miller & Fehr (1979), após praticar um ciclo de seleção recorrente para o teor de proteína em soja, estimaram as correlações genética e fenotípica entre os teores de óleo e de proteína em -0,69 e -0,72, respectivamente. A relação entre os teores de proteína e de óleo observada por Wilcox (1998) foi negativa e se tornava mais forte ao decorrer dos ciclos de seleção recorrente.

Estimativas da magnitude das correlações genotípica e fenotípica foram obtidas em soja por Johnson et al. (1955). A partir de duas populações segregantes provenientes de cruzamentos biparentais avaliadas em F₄ estimaram as correlações genéticas e fenotípicas. Para uma população as correlações genética e fenotípica entre o teor de óleo e proteína foram, respectivamente, -0,69 e -0,70 e entre o teor de proteína e produção de grãos foram -0,12 e -0,80. Para a outra população as correlações genética e fenotípica entre os teores de

óleo e de proteína foram iguais a -0,48 e entre o teor de proteína e produção de grãos, -0,64 e -0,33, respectivamente. Um resultado semelhante entre teores de proteína e de óleo foi encontrado por Miller & Fehr (1979), sendo a correlação genética -0,69 e a correlação fenotípica -0,72.

As correlações existentes entre o teor de proteína, o teor de óleo e a produtividade de grãos na soja dificultam o melhoramento genético, principalmente quando se procura aumentar o teor de proteína, que é normalmente inversamente correlacionado aos outros dois caracteres. A magnitude dessa correlação permite avaliar o efeito de um caráter sobre o outro. O estudo de correlações entre estes caracteres pode permitir que o melhorista encontre formas de obter genótipos com altos teores de proteína e óleo, sem prejudicar consideravelmente a produtividade, utilizando-se estratégias genéticas para escolha de genitores e métodos de melhoramento adequados.

2.4 DIVERGÊNCIA GENÉTICA E HETEROSE

O cruzamento entre linhagens endogâmicas resulta na formação de híbridos, nos quais os alelos recessivos de um genitor encontram-se com alelos dominantes do outro genitor e vice-versa, e isto pode ocorrer em muitos locos. Algumas linhagens apresentam boa complementaridade em razão da diferença entre as frequências alélicas e da presença de dominância nos locos que controlam o caráter em estudo.

Heterose ou vigor híbrido podem ser definidos como a superioridade dos indivíduos da geração F_1 em relação aos seus genitores. Este fenômeno vem sendo explorado há mais de 70 anos pelos geneticistas e melhoristas de plantas. As hipóteses mais aceitas para explicar a heterose envolvem a dominância e a sobredominância, além de possíveis efeitos epistáticos (Borém & Miranda, 2005). A presença de heterose atesta a importância dos efeitos de dominância no controle dos caracteres, bem como a existência de divergência nas frequências alélicas entre grupos e dentro destes (Vencovsky, 1970). A exploração da heterose pode ser considerada como uma das maiores contribuições da genética para a agricultura, com grandes reflexos para a produtividade agrícola. A primeira utilização prática da heterose, gerando dados históricos importantes foi na produção de milho. Os híbridos passaram a ser usados em larga escala nos Estados Unidos e, posteriormente, em muitos países (Bueno et al., 2001).

As vantagens para se produzirem híbridos são devido às possíveis combinações de diferentes caracteres quantitativos e qualitativos, reunindo genes favoráveis num só genótipo, possibilitando assim a exploração da heterose para caracteres importantes, como produtividade, proteína e óleo para melhoria da qualidade do produto final. Numa espécie autógama como a soja, a ação gênica não aditiva, tanto dominante quanto sobredominante, não tem valor prático, pelo menos até que seja possível produzir sementes híbridas em escala comercial a custo economicamente viável (Verneti, 1983). Neste caso, o melhorista utiliza a hibridação como forma de estimular a recombinação entre genes de diferentes materiais genéticos.

Uma vez que a heterose se deve à diferença das frequências alélicas entre os genitores, nos locos com dominância que controlam um determinado caráter, esta também é uma medida de divergência genética. A diversidade genética entre os genitores é fator importante para se obter um híbrido vigoroso. Assim, populações com diferentes frequências gênicas, no que diz respeito aos locos com dominância, apresentarão maior heterose. De acordo com Cress (1967) e Vencovsky (1970), a recíproca não é uma verdade absoluta, isto é, a ausência de heterose não implica necessariamente em falta de diversidade genética entre os genitores.

Embora exista um consenso sobre a necessidade de se ampliar a base genética dos programas de melhoramento de soja, tem-se observado a utilização repetitiva de certos genótipos com capacidade combinatória aparentemente alta e com boas características agronômicas. Até o ano de 1973, cerca de 80% das cultivares recomendadas para o cultivo no Rio Grande do Sul eram resultantes da introdução ou seleção de materiais introduzidos. Neste contexto, ressalta-se que mais de 70 cultivares de soja no Rio Grande do Sul eram derivadas de cruzamentos envolvendo as cultivares Hood ou Hill (Bonetti & Beskow, 1975; Bonetti, 1981; Bonetti, 1983).

Gizlice et al. (1993) citam que, nos Estados Unidos, a base genética das variedades recomendadas é constituída de pouco mais de 15 genitores. Hiromoto & Vello (1986) determinaram a base genética do germoplasma da soja cultivada no Brasil e compararam o grau de similaridade do germoplasma brasileiro com o norte-americano. Utilizando o coeficiente de parentesco de Malècot, os autores identificaram vinte e seis ancestrais do terceiro ciclo de melhoramento brasileiro de soja. Onze destes genitores contribuíram em 89% do conjunto gênico das variedades brasileiras. Então, puderam concluir que a base genética do germoplasma adaptado às condições brasileiras é muito

restrita. Vello et al. (1988) afirmaram que das 74 variedades recomendadas para o cultivo no ano agrícola 1983/84, 15% eram oriundas de introduções de variedades norte americanas, enquanto as 85% restantes foram obtidas de cruzamentos biparentais entre introduções norte americanas.

Pequeno (2001) avaliou a diversidade genética entre 79 genótipos de soja, incluindo as cultivares recomendadas para o Estado de Goiás, no período de 1996 a 2001. Foram encontrados 18 ancestrais nas genealogias de 39 cultivares avaliadas, sendo que 12 contribuíram com 94% dos genes presentes nessas cultivares, indicando uma base genética estreita desses genótipos.

Variação genotípica é a base para a seleção. Uma grande intensidade de variação aumenta a probabilidade de se encontrarem tipos desejáveis de plantas. O melhor método para se obter variabilidade é dispor de um programa de cruzamentos de base genética ampla. A maioria das hibridações em plantas autógamas envolve cruzamentos entre apenas dois genitores. As recombinações possíveis a partir desses cruzamentos biparentais são restritas para que um melhoramento rápido seja feito nas espécies autógamas. Existe, então, a tendência de afunilamento da variação genotípica nos programas de melhoramento, pois se restringem às recombinações que poderiam ser obtidas em outros cruzamentos (Bonetti, 1983).

Os valores de heterose em soja são muito variáveis para os diferentes caracteres agrônômicos, especialmente para a produtividade de grãos. Pandini et al. (2002) observaram heterose positiva para número de vagens por planta e número de sementes por planta. Heterose negativa ou não significativa tem sido relatada para peso de sementes e número de sementes por vagem. Gravina et al. (2003) observaram significância da capacidade geral de combinação para a resistência a *Cercospora sojina*, em um modelo dialélico com sete linhagens.

Freire Filho (1988) verificou a amplitude de variação das heteroses encontradas por diversos autores. A maior amplitude foi para produção por plantas variando de -2,3% a 299,9% e, num estudo feito pelo autor, verificou-se uma variação de -52,5% a 185,4% para o mesmo caráter.

O estudo da variabilidade existente nas populações é importante, pois permite verificar qual parte desta variação é genética. Assim, pode-se conhecer o controle genético do caráter e o potencial de cada população para a seleção. Nota-se a necessidade de

compreender os tipos de ação gênica que atuam na herança de caracteres quantitativos para uma utilização mais eficiente dos métodos de melhoramento de plantas.

O sucesso de um programa de melhoramento genético é dependente da seleção dos genitores. O planejamento dos cruzamentos aumenta as chances de desenvolvimento de variedades superiores, pois maximiza a utilização de genes favoráveis (Borém & Miranda, 2005). A soja no Brasil ilustra bem a importância de se planejarem os cruzamentos. Com a expansão da fronteira agrícola nas regiões de baixa latitude, a demanda por variedades de período juvenil longo aumentou, e visando atender essa demanda o programa de melhoramento de soja da Universidade de Viçosa (UFV) iniciou cruzamentos com as variedades de período juvenil longo. O melhoramento resultou em linhagens com boa adaptação e potencial para serem cultivadas no norte do Brasil. Os melhoristas utilizaram cultivares existentes no Brasil para introduzirem alelos de período juvenil longo via cruzamentos.

A heterose é uma importante ferramenta para auxiliar na escolha de genitores capazes de produzirem populações segregantes promissoras em espécies autógamas. A divergência entre os genitores é observada com base no efeito heterótico, uma vez que a heterose é uma medida da diferença entre as frequências gênicas dos genitores. Os genitores divergentes serão aqueles com maiores efeitos de heterose, o que permite inferir uma maior segregação genotípica, quando cruzados. Sendo assim, as informações de diversidade genética têm sido importantes na identificação das melhores combinações em busca de linhagens superiores.

2.5 TEOR DE PROTEÍNA NO GRÃO

2.5.1 Herança

Uma avaliação de cultivares de soja cultivadas nos anos de 1970 no Brasil, feita por Costa et al. (1981), mostrou que o teor de proteína variou em torno de $40,7 \pm 0,7$ g/100g. Este resultado foi semelhante ao teor protéico da soja comercializada nos Estados Unidos, segundo Hartwig (1979), que encontrou aproximadamente 40,5 g/100g no grão.

De acordo com Wilcox & Guodong (1997), os teores de proteína e de óleo em sementes das cultivares comerciais nos Estados Unidos, com poucas exceções, têm permanecido inalterados, nos últimos 70 anos, sendo de aproximadamente 40% e 21%, respectivamente. Voldeng et al. (1997) verificaram um aumento do rendimento de grãos

das cultivares cultivadas entre 1976 e 1992. Neste mesmo período o teor de proteína foi reduzido em 4 g/kg ao ano e o teor de óleo aumentou em 4 g/kg ao ano, verificando uma correlação negativa entre estes teores, nessas cultivares.

Em soja, muitos estudos da genética de caracteres agronômicos têm sido realizados com o interesse na obtenção de subsídios para o estabelecimento eficiente de estratégias de seleção. Nota-se que existem poucas informações a respeito do tipo de herança e do modo de ação gênica na determinação do teor de proteína (Piovesan, 2000).

Singh & Hadley (1972) puderam constatar que o teor de proteína da semente é determinado, em grande parte, pelo genótipo da planta mãe. Os autores também relatam que o efeito citoplasmático foi significativo em dois grupos de cruzamentos e que o genótipo do embrião tem pouca influência sobre o teor de proteína da semente. Em função destes resultados, sugerem que a seleção de sementes individuais para o teor de proteína em soja não deve ser eficiente.

Ishige (1984) e Pulcinelli (1992) observaram que os efeitos citoplasmático e paterno não foram evidentes, sugerindo que o teor de proteína na semente é determinado pelo genótipo materno. Wilcox & Simpson (1977) verificaram que o efeito citoplasmático em seis pares de cruzamentos não foi significativo para o teor de proteína.

Vários trabalhos têm mostrado que a magnitude dos efeitos gênicos aditivos é superior aos de dominância e epistáticos. Brim & Cockerham (1961) e Hanson et al. (1967) verificaram que o efeito aditivo teve maior magnitude que os efeitos de dominância e epistático, sugerindo o modelo aditivo simples na determinação dos teores de proteína e óleo no grão de soja.

Thorne & Fehr (1970) sintetizaram seis populações oriundas de cruzamentos biparentais e triparentais, as quais foram avançadas até F₆. Comparando a média das populações com a média dos genitores, para os teores de proteína e óleo da semente de soja, os autores concluíram que os efeitos gênicos aditivos foram mais importantes do que os efeitos de dominância. Lee & Wang (1986) também verificaram que os efeitos gênicos aditivos foram os principais para o teor de proteína no grão da soja. Pulcinelli (1992) também ressaltou que a dominância gênica para o teor de proteína no grão da soja não é evidente.

Ishige (1984), analisando os resultados de um cruzamento dialélico entre quatro genitores, observou que os efeitos gênicos aditivos eram significativos e com base

na magnitude estimada sugeriu que o teor de proteína deve ser altamente herdável, e os efeitos de dominância e epistasia não mostraram significância para este caráter.

Utilizando o esquema dialélico de Gardner & Eberhart (1966), Loiselle et al. (1990) analisaram a capacidade de combinação e os efeitos gênicos que influenciam no teor de proteína em genótipos de maturação precoce. Os resultados mostraram a não significância da heterose média para o caráter, mostrando que os efeitos gênicos aditivos devem contribuir com maior peso na determinação da sua herança.

Pimentel (1991), avaliando oito linhagens de soja em cruzamentos dialélicos, observou significância da capacidade geral de combinação para o teor de proteína e produção de grãos. Notou-se elevada amplitude de variação da heterose, evidenciando a presença de pares de linhagens mais divergentes que outros.

Piovesan (2000) verificou a significância para a capacidade geral de combinação como sendo mais importante que a capacidade específica de combinação para o teor de proteína, enfatizando a ação gênica aditiva e possivelmente a epistasia (aditiva x aditiva).

Outros autores verificaram também o tipo de ação gênica para caracteres como produção de grãos em soja. Leftel & Weiss (1958) avaliaram um dialelo de dez cultivares, utilizando as metodologias de Griffing (1956) e Hayman (1954). Os autores propuseram a presença de ações gênicas de dominância completa ou sobredominância para a produção de grãos e altura de plantas. Kaw & Menon (1972) encontraram correlações significativas entre o comportamento médio dos genitores e os respectivos valores da capacidade geral de combinação, para a produção de grãos. Isto indica que uma seleção com base no comportamento *per se* dos genitores pode ser feita visando uma seleção preliminar para a capacidade geral de combinação (Freire Filho, 1988).

Desde muito tempo as cultivares recomendados para plantio foram selecionados principalmente para produção de grãos e teor de óleo. Como citado anteriormente, normalmente ocorre uma correlação negativa desses dois caracteres com o teor de proteína. Assim, o teor de proteína tem se mantido em níveis baixos quando comparado com materiais não adaptados.

A seleção em gerações segregantes, após hibridação, é uma prática comum no melhoramento de soja. A eficácia da seleção depende do conhecimento da natureza dos sistemas gênicos que determinam as características de interesse e da influência do ambiente sobre elas. A herdabilidade é a proporção genética da variabilidade total, sendo

então de grande importância para o melhorista na escolha do método de melhoramento. Quanto maior for a proporção da variabilidade decorrente do ambiente, maior será a dificuldade de selecionar genótipos de forma efetiva. O estudo deste parâmetro permite ao melhorista antever as possibilidades de sucesso no programa de melhoramento.

Vários pesquisadores estudaram a herdabilidade do teor de proteína no grão de soja e verificaram estimativas relativamente altas. Wilcox (1998) verificou herdabilidades de 55% a 89% ao longo de sete ciclos de seleção recorrente. Johnson & Bernad (1963) mostraram que em gerações precoces os valores de herdabilidade apresentaram-se baixos quando comparados aos de gerações mais avançadas. Isso implica na dificuldade de se identificarem e selecionarem genótipos superiores em gerações precoces.

Shannon et al. (1972) obtiveram estimativas de herdabilidade que variaram de 81% a 96% para o teor de proteína. Dudley & Moll (1969) advertem que a estimativa de herdabilidade refere-se a uma característica de uma população, e esta é específica para as condições experimentais nas quais os genótipos foram estudados, sendo difícil generalizar estimativas de uma população para outra, ou para diferentes condições ambientais.

2.5.2 Melhoramento

Em virtude da importância da hibridação no aumento da variabilidade genética vários métodos foram desenvolvidos para a condução de gerações segregantes. Uma barreira que dificulta a seleção de linhagens produtivas com altos teores de proteína e óleo é a correlação entre estes caracteres. Vários trabalhos relatam a utilização de métodos de melhoramento objetivando aumentar um destes caracteres.

Ao contrário da correlação negativa entre a produção de grãos e o teor de proteína, notificada por vários autores, Mello Filho et al. (2004), após avaliar oito populações de soja, verificaram que é possível obter linhagens com teor protéico mais elevado, mantendo-se as médias de produção de grãos de seus respectivos genitores recorrentes.

Miller & Fehr (1979), após praticar um ciclo de seleção recorrente para o teor de proteína em soja, obtiveram um aumento de 1,5 g/100g na média do teor de proteína, mas com uma redução 0,7 g/100g no teor de óleo. Em condições semelhantes, praticaram um ciclo de seleção para baixo teor de óleo e obtiveram um aumento indireto de 0,8 g/100g no teor de proteína e uma redução da mesma magnitude no teor de óleo.

Brim & Burton (1979) praticaram quatro a seis ciclos de seleção recorrente para o teor de proteína em quatro populações de soja. Verificaram ganhos de 2,9 g/kg a 6,7 g/kg no teor de proteína e diminuição do teor de óleo de 4,2 g/kg a 1,7 g/kg. Observaram também diminuição na produção de grãos em duas destas populações. Os resultados de Kenworthy & Brim (1979) sugerem que a seleção recorrente visando a produção de grãos tem um efeito menor sobre o teor de proteína que a situação contrária.

A seleção recorrente permite que os genótipos selecionados em uma população sejam novamente inter cruzados e, com isso, após ciclos sucessivos de seleção, aumenta-se a frequência de alelos que controlam a expressão das características favoráveis. A probabilidade de encontrar uma linhagem portadora da maioria desses alelos aumenta com a seleção recorrente (Bueno et al., 2001). A seleção recorrente possibilita também a recombinação de genes ligados (Ramalho et al., 1993). O número de recombinações ainda é uma dúvida na seleção recorrente. Na soja, Guimarães & Fehr (1989) relatam que apenas um ciclo, após duas avaliações das progênies S_1 e S_2 , contribuiu para uma maior eficiência do método do que os casos envolvendo mais de uma recombinação.

A seleção recorrente foi também eficiente nos estudos de Wilcox (1998). Com oito ciclos de seleção recorrente conseguiu aumentar 5 g/kg no teor de proteína no grão de soja. A variabilidade aumentou com o decorrer dos ciclos, porém, houve evidência de que os alelos favoráveis para o aumento do teor de proteína acumularam-se no quinto ciclo.

Xu & Wilcox (1992) verificaram o aumento significativo no teor de proteína de 8 g/kg por ciclo e redução não significativa de 5 g/kg por ciclo no teor de óleo durante quatro ciclos de seleção recorrente para aumento do teor de proteína. Wilcox (1998) observou aumento de 46 g/kg no teor de proteína após oito ciclos de seleção recorrente, e o aumento na média deste caráter por ciclo foi de 5,8 g/kg. Durante este mesmo tempo o teor de óleo foi diminuído em 2,3 g/kg por ciclo de seleção.

Wilcox & Cavins (1995) estudaram correlações entre o teor de proteína e a produção de grãos, por meio de uma série crescente de retrocruzamentos entre dois genitores contrastantes. Verificaram uma correlação negativa decrescente entre os teores de proteína e produção de grãos à medida que avançaram os retrocruzamentos, obtendo no final do terceiro retrocruzamento linhagens produtivas e com alto teor de proteína.

Com o aumento do teor de proteína no grão de soja, as cultivares precisam ser tão ou mais produtivas que as atuais, isto é, num programa de melhoramento o objetivo seria aumentar o teor de proteína sem que haja depreciação dos valores agronômicos. Têm-

se utilizado cruzamentos entre cultivares com altos teores de proteína e cultivares adaptadas e com alto rendimento. Resultados observados por Shannon et al. (1972) mostram que o progresso no desenvolvimento de linhagens para produção de grãos a partir de variedades cruzadas de plantas com alto teor de proteína tem sido lento.

Hartwig & Hinson (1972) realizaram o retrocruzamento de uma linhagem não adaptada com alto teor de proteína e uma cultivar adaptada como parental recorrente. Selecionando para baixo teor de óleo obtiveram, na segunda geração, uma linhagem com 10% a mais no teor de proteína e apenas 3,5% menos produtiva comparada à cultivar parental recorrente. Recentemente têm-se notado o aumento de conteúdo de proteína e qualidade das sementes em programas de melhoramento de soja (Sediyama et al., 1999). Segundo Mello Filho et al. (2004), é possível obter linhagens com alto teor de proteína e manter, simultaneamente, o rendimento de grãos e as médias de qualidade fisiológica de semente de seus genitores recorrentes.

Após dois ciclos de retrocruzamento de uma linhagem com alto teor de proteína com três diferentes genitores recorrentes de alta produtividade, Wehrmann et al. (1987) identificaram que 22% das linhagens foram significativamente superiores para o teor de proteína e não diferiram para a produção de grãos em relação a um dos genitores recorrentes.

O retrocruzamento é normalmente utilizado para colocar ou melhorar uma característica de uma cultivar para a qual ela é deficiente. Este método é recomendável quando se deseja fazer a transferência de uma característica qualitativa, porém, tem sido utilizado também para caracteres quantitativos. Neste caso, porém, o processo se torna menos eficiente, e quanto menor a herdabilidade maior é a dificuldade de se identificarem, pelo fenótipo, os indivíduos superiores (Ramalho et al., 1993).

Holbrook et al. (1989) avaliaram a utilização de índices de seleção para o aumento de produção com a manutenção do teor de proteína na semente. Apesar de freqüente correlação negativa entre esses dois caracteres, obtiveram aumentos significativos na produção, sem alteração no teor de proteína, por meio da utilização de índices de seleção.

Bonato et al. (2000) observaram uma queda no teor de proteína nas cultivares comercializadas no Rio Grande do Sul, após 1980, especialmente em 1996 e em 1997, e que esta redução está ligada ao uso de determinados genitores nos programas de melhoramento.

2.6 TEOR DE ÓLEO NO GRÃO

Estudos sobre os efeitos gênicos na determinação do teor de óleo no grão e os métodos de seleção visando este caráter serão relatados a seguir. Nota-se escassez de informações atuais sobre o melhoramento para o teor de óleo no grão. Alguns resultados indicam que o teor de óleo tem sido determinado principalmente por efeito materno (Brim et al., 1968; Singh & Hadley, 1968). Mas, Wilcox & Simpson (1977) verificaram que o efeito citoplasmático em seis pares de cruzamentos não foi significativo para o teor de óleo.

A predominância de controle genético aditivo, com pouca evidência de ação gênica dominante para o teor de óleo no grão também tem sido verificada (Gates et al., 1960; Brim & Cockerham, 1961; Singh & Hadley, 1968). Estudos realizados por Soldini (1998) revelam que o teor de óleo é determinado principalmente por efeitos gênicos aditivos. A distribuição das frequências de alelos recessivos e dominantes mostrou que os genes recessivos foram responsáveis pelo aumento no teor de óleo, isto é, uma dominância unidirecional negativa.

Nos estudos de Weber (1950) não se observou a presença de dominância. Pôde-se verificar que o teor de óleo é condicionado por um número muito grande de genes e a interação entre eles foi na sua maior parte do tipo aditivo. Hanson & Weber (1962) verificaram a importância da variância epistática (aditiva x aditiva) para a produtividade e o teor de óleo no grão. Esses resultados foram diferentes dos encontrados por Brim & Cockerham (1961) que não tiveram evidências da importância de variância epistática na expressão desses caracteres. Lee & Wang (1986) verificaram que os efeitos gênicos aditivos foram os principais para o teor de óleo no grão da soja.

Segundo Brim (1973), a concentração de óleo na soja é controlada por vários locos com herança aditiva. A estimativa de herdabilidade do teor de óleo no grão de soja é relativamente alta (Burton, 1987), variando de 47% a 89% (Johnson et al., 1955; Kwon & Torrie, 1964; Smith & Weber, 1968; Shorter et al., 1976). Devido a esta alta herdabilidade, Burton & Brim (1981) desenvolveram um método de seleção recorrente para o aumento do teor de óleo, usando uma população segregante para o gene de macho-esterilidade. Usando esse método, eles mostraram que três ciclos de seleção recorrente foram suficientes para aumentar 11 g/kg no conteúdo de óleo na semente de soja e a herdabilidade estimada dentro de família e geral foram de 20% e 28%, respectivamente. Hanson & Weber (1961)

estimaram a herdabilidade para o teor de óleo, em gerações F₂, F₃ e F₄, obtendo respectivamente, valores de 35%, 46% e 58%.

Os produtores de soja procuram genótipos com alto rendimento e elevados teores de óleo e de proteína. Os programas iniciais de melhoramento de soja no mundo levaram em consideração o teor de óleo e a produtividade dos grãos como características principais de seleção. Isso fez com que variedades mais produtivas fossem selecionadas e liberadas para o plantio, ocorrendo assim uma redução gradual do teor de proteína no grão. A conquista do mercado da soja dependerá da preparação e dos avanços alcançados, não somente em produtividade de grãos, mas também na qualidade do grão de soja obtido.

Além da importância do óleo de soja no mercado mundial, nota-se a orientação da indústria para os sub-produtos da soja. O aumento dos teores de proteína e de óleo no grão resultaria num farelo de melhor qualidade e com alta produtividade de óleo, alcançando assim maior valor agregado, resultando em preços diferenciados no mercado.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 LINHAGENS GENITORAS

Os genitores foram escolhidos com base na avaliação realizada em 37 linhagens de soja, promissoras do ponto de vista agrônomo, pertencentes à coleção mantida e disponibilizada pela Agência Goiana de Desenvolvimento Rural e Fundiário (Agência Rural) e Centro Tecnológico de Pesquisa Agropecuária (CTPA). Foram utilizadas sementes mantidas em câmara fria, possivelmente com diferentes períodos de armazenamento. As linhagens foram divididas em dois grupos de acordo com a cor da flor, procurando utilizar esta característica como marcador morfológico para verificação de hibridação. Dentre as 37 linhagens, 13 possuem flores brancas (grupo 1) e 24 flores roxas (grupo 2), visando utilização como gene marcador nos futuros cruzamentos. As sementes das linhagens foram avaliadas quanto ao teor de proteína no grão, no laboratório do setor de Melhoramento de Plantas, da Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás (EA/UFG).

Com base nesses resultados foram selecionados 18 genitores, visando linhagens contrastantes dentro de cada grupo e não aparentadas, selecionando aquelas com genealogias e teores de proteína divergentes. Dos 18 genitores selecionados quatro possuem flores brancas e 14 flores roxas. Na Tabela 1 estão identificados os genitores e suas genealogias, divididos em grupos determinados pela cor da flor.

3.2 OBTENÇÃO DOS HÍBRIDOS

A realização do dialelo foi feita na Unidade da Agência Rural, em Senador Canedo-GO. O plantio dos genitores foi feito em cinco épocas de semeadura, em casa de vegetação. Cada época foi distanciada no tempo, em sete dias, com a finalidade de sincronizar a época de florescimento dos diferentes genitores a serem cruzados. A determinação do genitor macho e do genitor fêmea baseou-se em um gene marcador que foi a cor da flor, que permite a distinção entre cruzamentos efetivos e autofecundações no exame da geração F_1 . Para a obtenção do dialelo foi feito o cruzamento inter-grupos,

sendo que o grupo 1 foi constituído por genitores receptores de pólen e o grupo 2 por genitores doadores de pólen. Foram obtidos os 55 híbridos F₁, faltando um híbrido para os 56 programados devido à incompatibilidade de época de florescimento.

Tabela 1. Linhagens de soja e suas genealogias, escolhidas para o estudo de variabilidade genética e heterose para os teores de proteína e óleo no grão.

Cor da flor	Nº de identificação dos genitores	Linhagem	Genealogia	Ciclo de Maturação
Branca (Grupo 1) ♀	01	BRS-CARLA	BR-16 x BR83-147	Médio
	02	GOBR97-058163 NC	Sharkey x BR93-32043	Médio/Tardio
	03	GOBR95-69943	(OC-8 x BR-13) x (Doko x PI-229358)	Médio/Tardio
	04	GO 99-07.006	EMGOPA-316 x GOBR95-40469	Super Precoce
Roxa (Grupo 2) ♂	05	BRS-MILENA	FT-Ayara x BR83-147	Médio
	06	GOBR95-6018	BR-38 x FT-5 NC	Precoce
	07	GOBR95-322	BR85-6356 x OCEPAR-3	Precoce
	08	GOBR95-2019	MGBR22 x EMGOPA-304	Precoce
	09	GOBR97-056184 NC	LEFLORE x BR90-7057	Médio/Tardio
	10	GOBR94-1704	Cristalina x FT-Estrela	Médio
	11	DM-VITORIA	IAC-8 x MFV-9	Médio/Tardio
	12	GOBR99-134018	GO88-15016 x BR/EMGOPA-314	Médio/Tardio
	13	GOBR98-078009	CENTENNIAL x BR94-23373	Médio
	14	GO 99-08.039	GOBR95-2019 x EMGOPA-302	Precoce
	15	BRGO99-4105-01	MYCOSOY-45 x SUPREMA	Precoce
	16	BRB02-854-03-01	BR96-25619 x BR97-11260	Médio
	17	BRB02-969-03-01	BR98-25978 x CONQUISTA	Precoce
	18	BRGO99-4106-50	PIONEER 9442 x SUPREMA	-

Para cada época de plantio dos genitores foi adotado o procedimento a seguir. Foram organizadas oito fileiras com sete vasos por fileira, na casa de vegetação. Fez-se a distribuição do grupo 1 em fileiras individuais, totalizando quatro fileiras de sete vasos. Para os genitores do grupo 2, fez-se a distribuição aleatória de 28 vasos nas fileiras

restantes, sendo dois vasos de cada genitor. Foram intercaladas as fileiras de genitores do grupo 1, receptor de pólen, e fileiras de genitores do grupo 2, doador de pólen. Somente o cruzamento 2x14 (GOBR97-058163NC x GO 99-08.039) devido à incompatibilidade de época de florescimento. As vagens oriundas dos cruzamentos foram colhidas individualmente à medida que iam atingindo a maturidade e guardadas até o próximo plantio.

A semeadura das sementes F_1 foi realizada em 05 de janeiro de 2005. As sementes de cada vagem provenientes de único cruzamento foram colocadas em um único vaso. Este procedimento foi feito sete vezes para cada cruzamento, totalizando em sete vasos distribuídos em fileiras por cruzamento, aleatorizando-se os tratamentos nas fileiras. Dois vasos foram considerados como bordadura, a partir de um desses vasos, retirou-se de forma intercalada três vasos, descartando-se os dois vasos restantes (Figura 1). Por motivos práticos e seguindo os procedimentos usuais da estação de pesquisa as repetições não foram arranjadas em blocos. Desta forma, a diferença entre repetições fornece uma estimativa do resíduo dentro de fileiras. Admitindo-se que a variação ambiental se distribui aleatoriamente na casa de vegetação, esta variação dentro de fileiras representa convenientemente a variação residual de um delineamento inteiramente casualizado.

Os cruzamentos foram efetivos, pois se verificou que todas as plantas da geração F_1 tiveram flores roxas. As plantas de cada vaso representaram a repetição de cada cruzamento F_1 , e estas foram colhidas conjuntamente, identificadas e levadas à câmara de secagem. Após a secagem dos grãos, fez-se a seleção das sementes F_2 , descartando-se aquelas que não se apresentavam íntegras. As amostras foram armazenadas em potes plásticos com tampas até o início das análises laboratoriais.

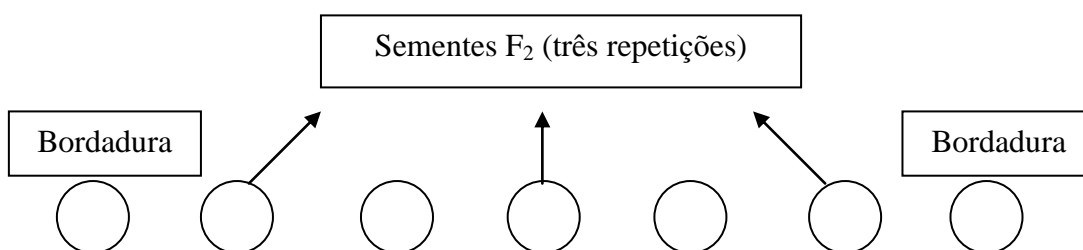


Figura 1. Esquema de amostragem de cada fileira das sementes F_2 para a realização da análise físico-química.

3.3 MÉTODO DE ANÁLISE DO TEOR DE PROTEÍNA

Todas as amostras de soja dos experimentos foram preparadas e analisadas como descrito a seguir. As amostras foram trituradas em moinho de facas, de modo que a farinha tivesse pequena granulometria visando maior homogeneização da amostra e, então, armazenadas em potes plásticos com tampas de rosca. Os potes plásticos contendo as amostras de soja foram aquecidos a 70°C por doze horas e, então, armazenados a uma temperatura de -10°C até a execução das análises. Os teores de proteína e óleo foram calculados sobre a base seca de todo o material da semente. Os valores foram expressos em g/100g, o que corresponde ao percentual, em massa, destes componentes no grão seco.

Para a determinação do teor de proteína foi utilizada a metodologia proposta pela AOAC “Official Methods of Analysis” (AOAC, 1975), com algumas adaptações. O método empregado foi o de Kjeldahl, que se baseia na determinação do nitrogênio total após digestão completa da amostra. Este método determina a quantidade de Nitrogênio (N) orgânico total, isto é, o N protéico e não protéico orgânico. Porém, na maioria dos alimentos, o N não protéico representa muito pouco no total. A razão entre o nitrogênio medido e a proteína estimada depende do tipo de amostra e de outros fatores. Baseando-se na Resolução RDC nº 360, de 23 de dezembro de 2003 (Anvisa, 2005), o fator utilizado para transformação do nitrogênio em proteína foi de 6,25.

O processo de determinação de proteína pelo método de Kjeldhal divide-se em duas etapas: digestão e destilação. A primeira parte do método baseia-se no aquecimento da amostra com ácido sulfúrico para digestão até que o carbono e hidrogênio sejam oxidados. O nitrogênio da proteína é reduzido e transformado em sulfato de amônia. A segunda parte do método baseia-se na liberação da amônia em solução de ácido bórico após a adição de hidróxido de sódio (NaOH) concentrado e aquecimento, formando borato de amônia. Faz-se, então, a dosagem de nitrogênio pela titulação da solução com ácido padronizado.

O processo de digestão foi feito utilizando-se um tubo micro-Kjeldahl. Para o processo de digestão, foram pesados aproximadamente 0,2 g da amostra, adicionando-se 5,0 mL de ácido sulfúrico PA e uma pequena quantidade da mistura catalítica (Sulfato de sódio e Sulfato de cobre na proporção 10:1). Estes tubos foram levados ao aparelho digestor e submetidos à temperatura inicial de 70°C e após uma hora foram submetidos à temperatura de 400°C durante quatro horas. Os tubos que apresentavam a solução límpida

e transparente foram retirados do digestor, e aqueles que ainda continham matéria orgânica nas paredes dos tubos foram deixados por mais meia hora no digestor.

O processo de destilação foi feito utilizando o aparelho de Kjeldahl automático. O procedimento seguiu as seguintes etapas: adicionou-se ao tubo 25 mL de NaOH 50% e injetou-se vapor promovendo a ebulição da solução. O condensado foi recolhido em erlenmeyer de 250 mL contendo 20 mL de solução de ácido bórico 4%. O destilado foi titulado com ácido sulfúrico 0,1N padronizado. Este volume foi transformado em porcentagem de proteína da amostra pela fórmula:

$$\text{proteína\%} = \frac{(\text{Va} - \text{Vb}) \times \text{N} \times \text{Fc} \times \text{Ft} \times 0,014}{\text{Pa}} \times 100$$

Em que:

Va: Volume de H₂SO₄ 0,1N gasto na titulação;

Vb: Volume de H₂SO₄ 0,1N gasto na titulação na prova em branco;

N: Normalidade do H₂SO₄;

Fc: Fator de correção do ácido padronizado;

Ft: Fator de transformação do nitrogênio em proteína;

0,014: miliequivalente grama do nitrogênio;

Pa: Peso da amostra em gramas.

3.4 MÉTODO DE ANÁLISE DO TEOR DE ÓLEO

A metodologia de extração de óleo utilizada foi do tipo Soxhlet, indicado pelo método oficial AOCS Aa 4-38 (AOCS, 1997), com algumas adaptações. Este método baseia-se na determinação da quantidade de óleo obtida pelo arraste de solvente. O solvente utilizado foi o éter de petróleo.

Pesaram-se em torno de 2,0 g da amostra de farelo de soja em cartucho de papel celulose (copos de celulose em forma de dedal). Estes cartuchos foram, então, levados ao aparelho de extração, suspensos por uma haste. Adicionaram-se 100 mL de éter de petróleo ao frasco de extração previamente seco e tarado. Este frasco foi conectado ao extrator semi-automático de Soxhlet a uma temperatura de 120°C. Verificou-se, então, o gotejamento do solvente sobre o cartucho numa velocidade superior a 200 gotas por minuto. Este procedimento foi feito por três horas. A haste com cartucho foi suspensa para que fosse recuperado parte do solvente. Recolhia-se, então, o solvente destilado em frascos âmbar. O frasco de extração foi retirado do extrator e levado à estufa a 70°C e resfriado em

dessecador até a obtenção de peso constante. O peso do óleo foi obtido então por diferença de peso do frasco extrator após toda a eliminação de solvente por evaporação usando-se a fórmula:

$$\text{óleo\%} = \frac{(P_2 - P_1)}{P_a} \times 100$$

Em que:

P_1 : peso em gramas do frasco de extração seco e resfriado antes da extração;

P_2 : peso em gramas do frasco de extração seco e resfriado após a extração;

P_a : Peso da amostra em gramas.

3.5 ANÁLISES ESTATÍSTICO-GENÉTICAS

3.5.1 Análises de variância

Os dados dos teores de proteína e de óleo dos genitores e de seus respectivos híbridos foram preliminarmente submetidos à análise de variância utilizando o modelo:

$$Y_{ij} = m + g_i + e_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : observação do tratamento i na repetição j ;

m : média geral do experimento;

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

e_{ij} : erro experimental ($j = 1, 2, \dots, R$).

Este modelo corresponde aquele utilizado para análise de variância de experimentos inteiramente casualizados.

3.5.2 Análise dialélica

Para a análise dialélica foi utilizado o método adaptado por Miranda Filho & Geraldi (1984), a partir do modelo de Gardner & Eberhart (1966), para o estudo da heterose em dialelos parciais. Este método utiliza as médias dos genitores e dos híbridos estimadas na análise anteriormente. Esta análise inclui p e q genitores de cada grupo e seus

respectivos pq híbridos, totalizando em pq+p+q observações. Então, o modelo estatístico adotado é (Cruz & Regazzi, 2001):

$$Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \theta(\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Os termos do modelo podem ser definidos como:

μ : média das médias do dois grupos de genitores;

d: medida da diferença entre as médias dos dois grupos de genitores;

v_i : efeito do i-ésimo genitor do grupo 1 ($i = 1, 2, \dots, p$);

v_j : efeito do j-ésimo genitor do grupo 2 ($j = 1, 2, \dots, q$);

\bar{h} : efeito da heterose média de todos os cruzamentos;

h_i : efeito de heterose do i-ésimo genitor do grupo 1;

h_j : efeito de heterose do j-ésimo genitor do grupo 2;

s_{ij} : efeito da heterose específica do cruzamento entre os genitores de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental associado às médias observadas.

Para as combinações híbridas tem-se que $\alpha = 0$ e $\theta = 1$; logo, o modelo se reduz a:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + (\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Para os genitores do grupo 1, tem-se $\alpha = 1$ e $\theta = 0$, logo o modelo se reduz a:

$$Y_{i0} = \mu + d + v_i + \bar{\varepsilon}_{i0}$$

Para os genitores do grupo 2, tem-se $\alpha = -1$ e $\theta = 0$, logo o modelo se reduz a:

$$Y_{0j} = \mu - d + v_j + \bar{\varepsilon}_{0j}$$

As estimativas dos efeitos do modelo e suas respectivas somas de quadrados, foram obtidas utilizando-se o método dos quadrados mínimos, em abordagem matricial. Nesta notação o modelo é descrito como: $Y = X\beta + \varepsilon$; onde Y é o vetor das médias observadas, X é a matriz de coeficientes do modelo, β é o vetor de parâmetros e ε é o

vetor de erros experimentais. A equação normal é dada por $X'X\hat{\beta} = X'Y$, em que, $\hat{\beta}$ é o vetor com as estimativas dos parâmetros do modelo.

Admitiram-se oito modelos, para a estimação dos efeitos de média (μ), do contraste entre os dois grupos (d), das variedades de cada grupo (v_i e v_j) e da heterose ($\bar{h} + h_i + h_j + s_{ij}$), conforme adotado por Oliveira (2003). Os modelos empregados foram os seguintes:

$$\text{Modelo 1: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 2: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 3: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_j) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 4: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 5: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \bar{h} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 6: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \bar{h} + h_i + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 7: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \bar{h} + h_j + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

$$\text{Modelo 8: } Y_{ij} = \mu + \alpha d + \frac{1}{2}(v_i + v_j) + \bar{h} + h_i + h_j + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Calcularam-se as somas de quadrados de parâmetros de cada modelo e, por diferença entre os modelos subsequentes, calcularam-se a contribuição de cada um destes efeitos. As somas de quadrados de parâmetros para cada modelo foram calculadas pela fórmula: $SQ_{(m)} = \hat{\beta}'X'Y_{(m)}$. O esquema da análise de variância para o delineamento dialélico está exposto na Tabela 2, com as somas de quadrados para cada efeito. Verificada a significância das fontes de variação da análise dialélica, os parâmetros do modelo foram estimados a partir do modelo 8, fazendo-se: $\hat{\beta} = (X'X)^{-1}(X'Y)$.

Os efeitos da heterose específica foram estimados a partir da seguinte fórmula:

$\hat{s}_{ij} = Y_{ij} - \hat{Y}_{ij}$, sendo \hat{Y}_{ij} estimada utilizando-se o modelo 8 (completo). Foi estimada ainda

a capacidade geral de combinação (CGC) de cada genitor (g_i e g_j), utilizando-se as expressões: $\hat{g}_i = \frac{1}{2} \hat{v}_i + \hat{h}_i$ e $\hat{g}_j = \frac{1}{2} \hat{v}_j + \hat{h}_j$.

Tabela 2. Esquema da análise de variância segundo o modelo de Miranda Filho & Geraldi (1984), em notação matricial.

FV	GL	SQ
Tratamentos	$pq + p + q - z - 1$	$Y'Y - Fc$
Genitores	$p + q - 1$	$\hat{\beta}'X'Y_{(4)} - Fc$
Grupo 1 (G1)	$p-1$	$\hat{\beta}'X'Y_{(2)} - \hat{\beta}'X'Y_{(1)}$
Grupo 2 (G2)	$q-1$	$\hat{\beta}'X'Y_{(3)} - \hat{\beta}'X'Y_{(1)}$
G1 vs G2	1	$\hat{\beta}'X'Y_{(1)} - Fc$
Heterose	$pq-z$	$Y'Y - \hat{\beta}'X'Y_{(4)}$
Heterose média	1	$\hat{\beta}'X'Y_{(5)} - \hat{\beta}'X'Y_{(4)}$
Heterose G1	$p-1$	$\hat{\beta}'X'Y_{(6)} - \hat{\beta}'X'Y_{(5)}$
Heterose G2	$q-1$	$\hat{\beta}'X'Y_{(7)} - \hat{\beta}'X'Y_{(5)}$
Heterose específica	$(p-1)(q-1) - z$	$Y'Y - \hat{\beta}'X'Y_{(8)}$
Resíduo/3	$(pq + p + q - z) (r-1)$	SQ resíduo

FV: Fonte de Variação; GL: Grau de Liberdade; SQ: Soma de Quadrados; p: número de genitores do grupo 1; q: número de genitores do grupo 2; z: número de cruzamentos perdidos ($z=1$); $Fc = (\Sigma Y)^2 / (pq+p+q-z)$.

3.5.3 Correlações

Foi estimado o coeficiente de correlação de Spearman (Steel & Torrie, 1960) para verificar a associação entre o teor de proteína e o teor de óleo no grão, com base na média dos tratamentos sobre as repetições. A correlação é dada pela equação:

$$r_s = 1 - \frac{6 \sum d_i^2}{n(n-1)(n+1)}$$

Em que:

d_i : diferença entre a posição das médias para cada caractere;

n: número de tratamentos.

A significância da correlação foi verificada pelo teste t estimado por:

$$t = r_s \sqrt{\frac{n-2}{1-r_s^2}}, \text{ com } n-2 \text{ gl}$$

Fez-se, ainda, a estimativa da correlação residual entre os dois caracteres, a partir dos quadrados médios e do produto médio das análises de variância e de covariância, respectivamente. Esta correlação mede a associação residual entre os caracteres, retirado o efeito de tratamentos, sendo predominantemente de natureza ambiental.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ANÁLISE DIALÉLICA

4.1.1 Teor de proteína

Na Tabela 3, pode verificar os resultados da análise de variância pelo modelo dialélico para o teor de proteína e seu respectivo coeficiente de variação e média. O coeficiente de variação do teor de proteína (2,91%) foi relativamente baixo contribuindo para a detecção da significância dos efeitos do modelo. Oliveira (2003) encontrou um coeficiente de variação de 3,66%, analisando o teor de proteína em milho.

Observa-se significância ($P < 0,01$) do quadrado médio de tratamentos. Isto mostra a existência de variabilidade significativa entre os tratamentos (genitores e híbridos) quanto ao teor de proteína no grão. Houve diferença significativa entre os genitores e variação destes em cada grupo, quanto ao teor de proteína. A magnitude do quadrado médio do efeito de grupo sugere uma maior variabilidade entre os genitores do grupo 2 do que no grupo 1. Verifica-se a significância ($P < 0,01$) para o efeito do contraste entre os grupos 1 e 2 para o teor de proteína, o que leva à conclusão de que os grupos de genitores diferem entre si quanto à média do caráter, sendo que o grupo 2 possui maior média.

Os teores dentro do grupo 1 variaram de 39,75 g/100g (genitor 4) a 44,35 g/100g (genitor 3), sendo que a média foi de 41,54 g/100g (Tabela 4). Os teores de proteína do grupo 2 variaram de 37,30 g/100g (genitor 5) a 47,25 g/100g (genitor 16) e a média foi de 42,37 g/100g. O grupo 2 apresentou uma amplitude de variação duas vezes maior e média superior em relação ao grupo 1, sugerindo a existência de uma maior frequência de alelos que aumentam o caráter.

Segundo Bonato et al. (2000), a média dos teores de proteína das variedades lançadas no Rio Grande do Sul entre 1970 e 1980 foi de 40,7% e entre 1991 e 1996, de 39,0%. Já o teor de proteína das variedades cultivadas entre 1949 e 1998 na América do Norte foi superior, sendo de 40,7% na região Norte e 41,1% na região Sul (Yaklich et al.,

2002). Os genótipos avaliados apresentaram teores de proteína em torno dos valores da literatura, destacando-se na média devido aos genótipos com altos teores de proteína.

Tabela 3. Análise de variância segundo modelo dialélico de Gardner e Eberhart (1966) adaptado por Miranda Filho & Geraldi (1984), para os teores de proteína (g/100g) e de óleo (g/100g) no grão, de genitores do grupo 1 (doador de pólen) e do grupo 2 (receptor de pólen) e suas combinações híbridas.

FV	GL	QM	
		Proteína	Óleo
Tratamentos	72	5,1847**	1,5130**
Genitores	17	15,3882**	3,6083**
Grupo 1(G1)	3	10,7144**	2,8491**
Grupo 2 (G2)	13	16,1203**	3,6147**
G1 vs G2	1	18,7335**	7,1877**
Heterose	55	2,0520**	0,8402**
Heterose média	1	20,8015**	1,2824**
Heterose G1	3	1,1713 ^{ns}	0,9404*
Heterose G2	13	1,8763**	0,2724**
Heterose específica	38	1,6882**	1,0149**
Resíduo/3	146	0,4730	0,1490
Coeficiente de variação (%)	-	2,91	4,04
Média geral (g/100g)	-	40,94	16,57

FV: Fontes de Variação; GL: Graus de Liberdade; QM: Quadrado Médio; ** e *: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente; ^{ns}: não significativo pelo teste F (P>0,05).

Com base nos dados dos genitores nota-se a existência de linhagens com teores de proteína significativamente maiores que outras. Os genótipos avaliados possuem variabilidade suficiente para se fazer seleção visando maiores teores de proteína. Iniciar um programa de melhoramento visando altos teores de proteína tomaria mais tempo e dispêndio de mão-de-obra e recursos financeiros. Então, a seleção de genótipos com teores de proteína satisfatórios, a partir de um grupo de linhagens em fase final de avaliação, poderia ser uma opção vantajosa em curto prazo, uma vez que estas linhagens já possuem características agrônomicas desejáveis.

A produção de sementes híbridas em soja é economicamente inviável, devido às barreiras naturais da espécie. Portanto, mesmo que isso fosse possível, a produção

comercial de sementes híbridas visando o alto teor de proteína não seria indicada. A média dos híbridos foi inferior à dos genitores, indicando que, em geral, os híbridos tenderiam ter 1,43 g/100g de proteína a menos do que os genitores.

Tabela 4. Médias (g/100g) do teor de proteína de dois grupos de linhagens de soja (\bar{Y}_{i0} e \bar{Y}_{0j}) e seus cruzamentos.

G2	G1				Média	\bar{Y}_{0j}
	1	2	3	4		
	Híbridos					
5	36,77	37,98	40,62	37,23	38,15	37,30
6	37,88	37,74	39,46	40,70	38,95	37,42
7	39,48	37,42	39,60	39,58	39,02	39,81
8	40,31	40,49	41,96	39,00	40,44	43,18
9	37,65	38,66	42,86	38,30	39,37	43,16
10	42,41	39,54	43,23	39,83	41,25	43,10
11	40,46	41,15	40,09	41,64	40,84	42,17
12	41,91	40,02	42,68	41,72	41,58	43,60
13	39,82	40,28	41,99	40,74	40,71	44,85
14	39,31	-	43,40	40,57	41,09	42,54
15	38,99	40,53	40,66	39,81	40,00	38,04
16	41,90	42,76	44,42	41,28	42,59	47,25
17	41,94	44,10	44,18	43,34	43,39	45,82
18	39,25	41,46	37,73	42,11	40,14	44,95
Média	39,86	40,16	41,63	40,42	40,53	42,37
\bar{Y}_{i0}	41,48	40,59	44,35	39,75	41,54	-

G1: genitores do grupo 1 (doadores de pólen); G2: genitores do grupo 2 (receptor de pólen); \bar{Y}_{i0} média dos genitores do grupo 1; \bar{Y}_{0j} média dos genitores do grupo 2.

O efeito de heterose de genitores dentro de cada grupo é função da diferença entre a média dos híbridos de cada genitor com a média geral dos híbridos. Então, para que um genitor se destaque quanto à sua heterose, os seus híbridos devem se destacar com relação à média de todos os híbridos. Pode-se observar na Tabela 3 que o efeito de heterose do grupo 1 não foi significativo ($P > 0,05$) pelo teste F. As linhagens do grupo 1 mostram-se homogêneas quanto às suas contribuições para heterose nos híbridos, fazendo com que suas capacidades gerais de combinação dependam, principalmente, dos efeitos de variedades proveniente dos efeitos gênicos aditivos. Esta semelhança de contribuição na formação dos híbridos entre as linhagens do grupo 1 não implica que as linhagens sejam, necessariamente, semelhantes com relação às frequências alélicas. Quanto ao grupo 2 houve significância ($P < 0,01$) para a heterose de variedades. Isso significa dizer que pelo

menos uma linhagem contribui significativamente para diferenciação de seus híbridos. Esta contribuição variada dos genitores do grupo 2 indica a existência de divergência entre estes genitores para a contribuição no teor de proteína de seus híbridos.

Moll et al. (1965) verificaram que existe uma estreita relação entre a magnitude da heterose e a divergência genética entre os genitores. Segundo Vencovsky (1970), se parte dos genitores diferirem entre si quanto às frequências gênicas médias ou quanto ao grau de dispersão destas, nos locos que apresentam dominância para o caráter, a heterose se manifestará. No entanto, a ausência de heterose não implica necessariamente na falta de divergência genética. Os efeitos podem variar de loco para loco, sendo ora negativos e ora positivos, e estes se compensarem causando a ausência de heterose no conjunto dos locos. Segundo Vencovsky & Barriga (1992), este tipo de comportamento declara que o caráter tem controle genético *sui generis*, com dominância bidirecional; porém, a presença de heterose indica, necessariamente, a presença de divergência genética entre os genitores, como foi verificado para as linhagens avaliadas neste trabalho. A presença da heterose sugere a possibilidade de utilização destas linhagens em programas de melhoramento, utilizando-se métodos de hibridação com a finalidade de reunir alelos favoráveis para o aumento do teor de proteína no grão de soja.

A heterose específica (Tabela 3) mostrou significância ($P < 0,01$) para o teor de proteína. A presença desta heterose leva a concluir que existe diferença suficientemente grande entre as frequências gênicas em pelo menos parte das linhagens de cada grupo e, também, a ocorrência de complementações específicas. Os genitores de cada grupo são suficientemente diferentes para que haja a complementação gênica ao nível de locos com dominância para o teor de proteína. Quando os alelos favoráveis encontram-se em locos diferentes entre dois genitores ocorre, então, a complementação expressa no híbrido. Assim, quando um dos genitores tem alguns locos com baixa frequência de alelos favoráveis e, justamente nestes locos o outro genitor tem frequências alélicas elevadas, tem-se então uma complementação. Levando em consideração vários alelos e vários locos essa complementação pode ser suficiente para levar à formação de híbridos com médias contrastantes com relação aos seus genitores. Se a complementação se der em locos com dominância positiva, esta pode levar à formação de híbridos superiores aos pais. A heterose específica não tem sensibilidade para detectar divergências nos locos sem dominância (Vencovsky & Barriga, 1992).

Nota-se escassez de informações sobre estudos dialélicos utilizando modelo de Gardner & Eberhart (1966) em soja. Porém, encontram-se vários trabalhos utilizando a metodologia proposta por Griffing (1956). Neste último modelo, as estimativas de capacidade geral e de capacidade específica de combinação podem ser obtidas pelos cruzamentos dialélicos. A heterose específica obtida pelo modelo de Gardner & Eberhart (1966) tem uma correspondência com a capacidade específica de combinação (CEC) obtida pelo método 4 de Griffing (1956). Nota-se, então, uma estreita relação entre a heterose específica e a capacidade específica de combinação (CEC).

Vários estudos dialélicos detectaram significância para a capacidade específica de combinação (CEC) para outros caracteres como dias para o florescimento, altura de planta, dias para a maturação, peso de sementes e outros (Leftel & Weiss, 1958; Weber et al., 1970; Srivastava et al., 1978; Piovesan, 2000). Pimentel (1991) teve evidências da CEC para o teor de proteína.

A partir do modelo de Griffing (1956) calcularam-se as somas de quadrados dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). A relação $SQ_{CGC}/(SQ_{CGC}+SQ_{CEC})$ foi calculada a partir do modelo adaptado por Geraldi & Miranda Filho (1988), sendo de 68% para o teor de proteína. Outros autores encontraram valores superiores desta relação. Nos estudos de Piovesan (2000) essa relação foi de 97% para o teor de proteína na geração F₂. Pimentel (1991) encontrou significância tanto para CGC quanto para CEC e uma relação de 87% para o teor de proteína. Griffing (1956) ressalta que a CGC decorre, principalmente, da variância genética aditiva e da variância epistática aditiva x aditiva, e a CEC resulta da variância genética dominante. Nass (1989) sugere que a magnitude da relação entre a capacidade geral de combinação e a capacidade específica de combinação enfatiza a ação gênica aditiva e, possivelmente, a epistasia aditiva x aditiva para um determinado caráter. Em contra partida, Miranda (1987) não recomenda inferências feitas a partir dos quadrados médios para as espécies autógamas, uma vez que a magnitude de CGC superior a de CEC nem sempre indica o predomínio de ação gênica do tipo aditiva. A menor relação $SQ_{CGC}/(SQ_{CGC}+SQ_{CEC})$ encontrada neste trabalho em relação às encontradas por outros autores mostra a importância dos efeitos de dominância na determinação do caráter. A partir da Tabela 3 calculou-se também a relação $SQ_{genitores}/(SQ_{genitores}+SQ_{heterose})$, sendo esta de 70% para o teor de proteína, isto é, 30% da variação total pode ser explicada pelo

efeitos da heterose. Isto evidencia, mais uma vez, a importância dos efeitos de dominância para o teor de proteína.

Para o conjunto de genitores avaliados, pode-se concluir que os efeitos gênicos aditivos e não aditivos são importantes para o controle do teor de proteína no grão devido à significância dos efeitos de variedades e dos componentes da heterose.

Como visto anteriormente, a determinação dos teores de proteína e de óleo no presente trabalho foi feita em sementes F_2 , colhidas da planta F_1 . Levando-se em consideração que ao se trabalhar com caracteres de sementes F_2 , pode haver um confundimento entre gerações devido aos efeitos do genótipo materno e do embrião na determinação fenotípica, buscou-se fazer uma explanação sobre o assunto afim de esclarecer a origem das estimativas dos componentes da heterose neste trabalho.

Miranda Filho & Chaves (1996) mostram que, quando se analisam caracteres quantitativos avaliados na geração F_2 , em esquema dialélico, o valor de θ do modelo de análise (item 3.6.2) nos híbridos equivale a $\frac{1}{2}$ e não a 1 como no modelo em F_1 . Esta modificação não altera os quadrados médios da análise dialélica, porém, altera as estimativas da heterose e seus componentes.

Singh & Hadley (1972) verificaram forte efeito materno na determinação do teor de proteína no grão de soja. O efeito do genótipo do embrião tem pouca influencia sobre a determinação do teor de proteína no grão. Os autores não encontraram diferença entre o teor de proteína das sementes F_1 e o teor de proteína das sementes produzidas por autofecundação da mesma planta F_1 .

Com base nestas informações o modelo empregado no presente trabalho é aquele com $\theta=1$, uma vez que se considerou que o teor de proteína nas sementes F_2 é determinado, principalmente, pelos genótipos das plantas F_1 respectivas.

Se os teores de proteína e óleo no grão forem determinados, mesmo que parcialmente, pelo genótipo do embrião (genótipo de F_2), os valores de heterose aqui obtidos podem estar subestimados. A importância e a ordem dos efeitos de heterose dos genitores e cruzamentos continuariam as mesmas, porém, a magnitude destes efeitos poderia aumentar, chegando-se ao dobro da encontrada neste trabalho. Isto, de acordo com a importância da contribuição do genótipo do embrião na determinação dos respectivos caracteres.

A média do teor de proteína variou entre os híbridos em até 7,65 g/100g no grão (Tabela 5). Isso mostra grande variabilidade entre as linhagens do dialelo quanto às suas contribuições nos híbridos. Observando-se a Tabela 5, os híbridos que se destacaram em ordem decrescente quanto ao teor de proteína no grão (g/100g) foram: 3x16 (44,42), 3x17 (44,18), 2x17 (44,10), 3x14 (43,40), 4x17 (43,34), 3x10 (43,23), 3x9 (42,86), 3x12 (42,68), 2x16 (42,76) e 1x10 (42,41). Nota-se a participação do genitor GOBR95-69943 em seis dos dez melhores híbridos, sendo que este se destaca também quanto ao teor de proteína *per se* dentro do grupo 1.

Tabela 5. Estimativas dos efeitos de variedades (\hat{v}_i e \hat{v}_j), heterose total (\hat{h}_{ij}), heterose de variedades (\hat{h}_i e \hat{h}_j), heterose específica (\hat{s}_{ij}) e capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) para o teor de proteína no grão.

G2	G1	Heterose Total				Heterose Específica				\hat{v}_j	\hat{h}_j	\hat{g}_j
		1	2	3	4	1	2	3	4			
5		-2,6195	-0,9601	-0,2053	-1,2899	-0,7146	0,1603	1,3620	-0,8076	-5,0692	0,1588	-2,3758
6		-1,5732	-1,2630	-1,4258	2,1162	-0,4006	-0,8749	-0,5907	1,8662	-4,9479	0,8910	-1,5829
7		-1,1717	-2,7822	-2,4776	-0,2016	1,1228	-1,2723	-0,5207	0,6702	-2,5554	-0,2308	-1,5085
8		-2,0226	-1,3909	-1,8026	-2,4667	0,5342	0,3815	0,4168	-1,3325	0,8062	-0,4932	-0,0901
9		-4,6711	-3,2107	-0,8949	-3,1551	-1,0520	-0,3761	2,3867	-0,9586	0,7871	-1,5555	-1,1619
10		0,1240	-2,3010	-0,4938	-1,5882	1,8249	-1,3846	0,8696	-1,3099	0,7269	0,3627	0,7262
11		-1,3648	-0,2264	-3,1681	0,6863	0,2896	0,6435	-1,8512	0,9181	-0,2047	0,4092	0,3068
12		-0,6274	-2,0722	-1,2978	0,0402	0,9981	-1,2313	-0,0099	0,2431	1,2313	0,4381	1,0538
13		-3,3474	-2,4356	-2,6118	-1,5625	-0,2219	-0,0946	0,1761	0,1404	2,4773	-1,0619	0,1768
14		-2,7042	-	-0,0501	-0,5780	-1,0067	-	1,3099	-0,3032	0,1733	0,3662	0,4528
15		-0,7664	1,2204	-0,5287	0,9223	-0,3421	0,8601	-0,4420	-0,0761	-4,3342	1,6394	-0,5277
16		-2,4679	-1,1569	-1,3827	-2,2220	-0,0244	0,5021	0,7233	-1,2011	4,8794	-0,3799	2,0598
17		-1,7140	0,8941	-0,9108	0,5581	-0,7846	1,0389	-0,3191	0,0648	3,4538	1,1343	2,8612
18		-3,9649	-1,3102	-6,9153	-0,2333	-0,2228	1,6473	-3,5108	2,0862	2,5762	-1,6785	-0,3904
	G1					1	2	3	4			
	\hat{v}_i	-	-	-	-	-0,0597	-0,9547	2,8079	-1,7936	-	-	-
	\hat{h}_i	-	-	-	-	-0,6362	0,1484	-0,2986	0,7865	-	-	-
	\hat{g}_i	-	-	-	-	-0,6661	-0,3290	1,1054	-0,1103	-	-	-

$\hat{\mu} = 41,96$ g/100g; $\hat{d} = -0,4136$ g/100g; $\hat{h} = -1,4275$ g/100g (-3,40%).

Na Tabela 5 pode-se observar a heterogeneidade entre os efeitos de variedades (\hat{v}_i e \hat{v}_j), sendo a amplitude de variação deste efeito maior no grupo 2. Para o grupo 1 somente o genitor 3 se destacou positivamente para o efeito de variedade. Nove dos quatorze genitores do grupo 2 possuem efeitos de variedade positivos. Como discutido anteriormente, a seleção praticada entre estes genitores poderia ser uma alternativa de obtenção de linhagens com teores de proteína e características agrônômicas desejáveis. Os genitores do grupo 2 que se destacaram em ordem decrescente para esta estimativa (g/100g) foram: 16 (4,88), 17 (3,45), 18 (2,58), 13 (2,48) e 12 (1,23). Estas linhagens apresentam maior potencial de uso *per se*.

Observa-se ampla variação do efeito de heterose total, apresentando uma amplitude de 9,03 g/100g. Dos 55 híbridos avaliados, somente oito apresentaram efeitos de heterose total positivos, o que sugere a presença de dominância bidirecional. Porém, nota-se, em média, o predomínio de dominância dos alelos que favorecem o decréscimo do caráter. Destes oito híbridos, somente dois se destacaram com relação à média do teor de proteína. Isto leva a observar que os híbridos com maiores efeitos de heterose nem sempre serão aqueles com maiores médias do respectivo caráter. Híbridos provenientes de cruzamentos entre genitores com média baixa podem ter efeitos de heterose maiores do que aqueles provenientes de cruzamentos entre genitores com média alta, uma vez que a heterose tem relação inversa à média dos genitores.

Para valores positivos do efeito de heterose total destacaram-se, em ordem decrescente, os seguintes híbridos, com suas respectivas porcentagens deste efeito: 4x6 (5,48%), 2x15 (3,10%), 4x15 (2,37%), 2x17 (2,07%), 4x11 (1,77%) e 4x17 (1,03%). Todos os genitores destes híbridos se destacaram positivamente quanto ao efeito de heterose de variedades, tornando evidente a presença de divergência entre estes genitores. Para valores negativos deste efeito destacaram-se, em ordem crescente, os seguintes híbridos: 3x18 (-15,49%), 1x9 (-11,04%), 1x18 (-9,17%), 1x13 (-7,75%) e 3x11 (-7,32%). Os genitores destes híbridos mostram-se divergentes nos locos em que controlam o teor de proteína, porém, com dominância negativa. O híbrido 3x11 obteve efeito médio de heterose de variedade positivo, mas, de baixa magnitude, se destacando devido principalmente ao efeito de heterose específica.

Segundo Vencovsky (1970), os valores de heterose de variedade mais fortemente negativos serão aqueles das variedades que apresentarem menor diversidade em

relação ao conjunto. O trabalho deste autor está relacionado com o modelo de Gardner & Eberhart (1966), que envolve populações em equilíbrio de Hardy-Weinberg, sendo então utilizado em populações de polinização aberta, principalmente em milho. As estimativas de heterose em milho são normalmente positivas para muitos caracteres, como no exemplo de Gardner (1965), citado por Vencovsky (1970), em que os efeitos de heterose para produção de grãos são positivos. Para o autor, os valores positivos de efeitos de heterose de variedades serão aqueles com desvios da frequência alélica positivos. Diante disso, a afirmação de Vencovsky (1970) baseia-se na condição de dominância positiva. No presente trabalho a dominância foi, em média, negativa. Isto sugere que os genitores com maior divergência serão aqueles que apresentarem efeitos de heterose de maior magnitude, sejam positivos ou negativos.

O efeito de heterose de variedade dos genitores do grupo 1 não foi significativo, mostrando que este efeito não difere de zero para este grupo de genitores. Quanto ao efeito de heterose de variedades (Tabela 5), os genitores que se destacaram positivamente em ordem decrescente de teor de proteína, no grupo 2, foram 15 (BRGO99-4105-01), 17 (BRB02-969-03-01), 6 (GOBR95-6018), 12 (GOBR99-131018) e 11 (DM-VITORIA). Estes genitores apresentam maior diversidade, contribuindo positivamente quanto ao teor de proteína na formação dos híbridos. Com a magnitude dos efeitos de variedade e de heterose de variedades alta, o genitor 17 (BRB02-969-03-01) garante a sua superioridade para a capacidade geral de combinação.

Os genitores que apresentaram em ordem crescente os efeitos de heterose de variedade negativos são: 18, 9, 13, 8 e 16, para o grupo 2. Estes são também divergentes dentro de seu grupo, porém, contribuem negativamente no teor de proteína para a formação dos híbridos .

O intervalo de variação para o efeito de heterose específica mostrou-se bastante amplo, de 2,39 g/100g a -3,51 g/100g. Portanto, o efeito de heterose específica pode participar significativamente no comportamento do híbrido. O efeito de heterose específica é estimado como desvio do modelo, acumulando os efeitos não explicados pelos parâmetros gerais. A natureza deste efeito sugere grande variação nos seus valores, como encontrado no trabalho. Os híbridos que se destacaram positivamente, em ordem decrescente, quanto às complementações específicas (Tabela 5) nos locos com dominância que controlam o teor de proteína foram: 3x9, 4x18, 4x6, 1x10, 2x18, 3x5, 3x14, 1x7, 2x17 e 1x12. Os híbridos que se destacaram negativamente em ordem decrescente de magnitude

quanto à heterose específica foram: 3x18, 3x11, 2x10, 4x8, 4x10, 2x7, 2x12, 4x16, 1x9 e 1x14.

Quando se obtêm alta estimativa de capacidade geral de combinação significa que o genitor se destaca dentre os demais com relação ao comportamento médio dos híbridos (Cruz & Regazzi, 2001). Os genitores que se destacaram positivamente para a capacidade geral de combinação (CGC), em ordem decrescente, foram: o genitor 3, do grupo 1, e os genitores 17, 16, 12, 10, 14, 11 e 13, do grupo 2 (Tabela 5). Isto leva à conclusão de que estes genitores são potencialmente superiores aos demais, como genitores em programas de melhoramento para o aumento do teor de proteína no grão. O genitor GOBR95-69943 (grupo 1) e o genitor BRB02-854-03-01 (grupo 2) apresentaram efeito de heterose de variedade negativo, porém, se destacaram para a CGC devido aos seus desempenhos *per se*. Os genitores GOBR99-134018 e BRB02-969-03-01 (grupo 2) apresentam um bom desempenho *per se* e efeitos de heterose de variedade relativamente altos, fazendo com que estes genitores se destacassem quanto à CGC. Já os genitores GOBR94-1704 e GO99-08.039 (grupo 2) apresentaram efeitos de variedades e de heterose de variedades com baixa magnitude, porém positivos. Os genitores que se destacaram negativamente para a CGC, do grupo 2, quanto ao teor de proteína no grão em ordem decrescente foram: 5, 6, 7, 9, 15 e 18.

Os híbridos que se destacaram quanto ao teor de proteína no grão tiveram genitores do grupo 2, exceto o genitor 9, com alta CGC, e seis destes híbridos tiveram o genitor 3 sendo este único com CGC positiva do grupo.

Busca-se fazer cruzamentos em plantas alógamas na expectativa de que um deles resulte numa combinação gênica superior. Para autógamias, como a soja, a hibridação é uma ferramenta de recombinação entre os genes de diferentes materiais. A escolha dos genitores é uma importante etapa de um programa de melhoramento. A capacidade geral de combinação avalia o desempenho do genitor levando em conta a sua média e seu efeito heterótico, envolvendo então os efeitos genéticos aditivos e de dominância. O conhecimento do desempenho dos genitores é um ponto importante para o sucesso de um programa para selecionar linhagens com características desejadas, como alto teor de proteína. A importância da capacidade de combinação na escolha de genitores é maior quando estes efeitos não aditivos estão envolvidos na determinação do caractere de interesse. Segundo Freire Filho (1988), a capacidade geral de combinação tem um bom

poder de predição na medida em que a variância epistática for de pequena magnitude, caso contrário, a capacidade geral de combinação tem pouco poder de predição.

De acordo com Miranda Filho & Chaves (1991), o índice $I'_j = \frac{1}{2} \hat{v}_j + \left(\frac{k-1}{k} \right) \hat{h}_j$

pode ser usado para seleção de variedades na formação de um composto, onde k é o tamanho do composto. Este índice aproxima-se das estimativas de CGC à medida que o número de variedades para a formação do composto aumenta. A população base a ser submetida à seleção recorrente deve apresentar elevado comportamento médio e variabilidade genética suficiente para assegurar o progresso contínuo nos ciclos de seleção. Diante destas informações, a seleção de linhagens para a formação de compostos para um programa de seleção recorrente, pode ser feita com base nas estimativas de CGC obtidas via dialelo. As linhagens 10, 11, 12, 13, 14, 16 e 17 são potencialmente superiores como genitores na formação de população base para a seleção recorrente visando o aumento do teor de proteína no grão.

Para as autógamias, a heterose tem grande importância na identificação de genitores divergentes, com a vantagem de avaliar exatamente os locos que controlam o caráter alvo. Outros métodos, como análise multivariada e marcadores moleculares, avaliam a divergência de forma generalizada, levando em conta locos que controlam caracteres que não são alvos. Assim, podem-se apontar populações divergentes quanto à sua origem e serem parecidos quanto ao caráter desejado.

O número de genótipos possíveis numa população segregante dependerá do número de locos que estão segregando. Para que haja esta segregação é necessário divergência entre os genitores em nível destes locos. Quanto maior a divergência entre os genitores, maior a probabilidade de se encontrar um genótipo superior na população segregante.

As informações de variabilidade genética têm sido avaliadas para a identificação das melhores combinações híbridas. O número de linhas homozigotas diferentes que se forma a partir de uma planta, no caso o híbrido, dependerá do número de seus genes em heterozigose. Isto indica que se o número de alelos diferentes presentes nos genitores envolvidos no cruzamento for grande podem-se desenvolver linhas mais divergentes, seja com alto ou baixo valor do caractere em questão. A divergência entre os pais indicará a magnitude da variabilidade. A heterose é uma medida de divergência, uma vez que esta mede a diferença das frequências alélicas entre os genitores nos locos com

dominância. Então, quanto maior a heterose maior a probabilidade de se encontrar uma linhagem com alto teor de proteína. Vale ressaltar que isto está aliado às médias dos genitores. O sucesso de um programa de melhoramento fundamenta-se, principalmente, na existência de variabilidade genética, que possibilita ao melhorista a seleção e, conseqüentemente, a obtenção de materiais superiores.

As linhagens avaliadas apresentam diversidade dentro de cada grupo. Existem pares de linhagens com maior divergência genética que outros. A seleção de linhagens divergentes quanto ao teor de proteína pode ser uma alternativa para gerar genótipos segregantes com maiores teores para este caráter. Deve-se também levar em consideração a média do teor de proteína das linhagens escolhidas. Se a média das linhagens for baixa poder-se-á ter ganho genético, porém, o genótipo melhorado, ainda assim, apresentará média baixa do caráter em questão. O ideal seria utilizar como genitores, linhagens com médias altas e divergentes entre si. Assim, a média da população segregante também seria alta e devido à divergência haveria uma maior variabilidade nas populações segregantes e, portanto, maior probabilidade de se encontrarem genótipos superiores.

Somente o genitor GOBR95-69943 do grupo 1 apresentou média superior à do grupo, e este genitor mostrou-se com menor divergência com base no efeito de heterose de variedades. Para o grupo 2, os genitores 8, 9, 10, 12, 13, 16, 17 e 18 apresentaram médias superiores à do grupo e são divergentes com base no efeito de heterose de variedades, sendo que os genitores 8, 9, 13, 16 e 18 com dominância média negativa, e os genitores 10, 12 e 17 com dominância média positiva.

4.1.2 Teor de óleo

Os resultados da análise de variância pelo modelo dialélico para o teor de óleo no grão e seu respectivo coeficiente de variação e média estão apresentados na Tabela 3. O coeficiente de variação do teor de óleo foi de 4,04%, contribuindo positivamente para a detecção da significância dos efeitos do modelo.

A significância ($P < 0,01$) do quadrado médio de tratamentos indica a existência de variabilidade dentro do conjunto de genótipos, genitores e híbridos, quanto ao teor de óleo no grão, justificando o desdobramento desta fonte de variação via análise dialélica.

Os genitores mostraram-se heterogêneos no conjunto e dentro de cada grupo, quanto ao teor de óleo no grão. Como verificado para o teor de proteína, a magnitude do quadrado médio do efeito de grupo sugere uma maior variabilidade entre os genitores do

grupo 2 do que no grupo 1 para o teor de óleo. Verifica-se a significância ($P < 0,01$) para o efeito do contraste entre os grupos, indicando diferença entre as médias de cada grupo, em favor do grupo 2.

A média do teor de óleo apresentou uma amplitude de variação de 3,82 g/100g entre os genitores (Tabela 6). Os teores de óleo dentro do grupo 1 variaram de 14,92 g/100g (genitor 3) a 18,45 g/100g (genitor 2) sendo que a média foi de 16,25 g/100g. Os teores de óleo do grupo 2 variaram de 14,93 g/100g (genitor 14) a 19,85 g/100g (genitor 5) e a média foi de 17,26 g/100g. Como observado para o teor de proteína, sugere-se a existência de uma maior frequência de alelos a favor do aumento do teor de óleo no grupo 2. A maior amplitude de variação no grupo 2 pode ter se dado em função do número de genitores do grupo.

Bonato et al. (2000) verificaram que a média do teor de óleo das variedades lançadas no Rio Grande do Sul entre os anos de 1970 e 1996 foi de 20,2 g/100g e entre os anos de 1991 e 1996, 20,5 g/100g. Médias semelhantes foram encontradas por Yaklich et al. (2002), avaliando variedades cultivadas na América do Norte entre os anos 1949 e 1998, que foram de 20,6 g/100g para a região norte e de 20,9 g/100g para a região sul. Pode-se observar que os teores de óleo dos genótipos avaliados apresentaram-se abaixo do esperado com base na literatura.

Vários fatores alteram a qualidade do grão da soja, como adubação, fotoperíodo, técnicas de irrigação e outros (Fabre & Planchon, 2000). Segundo Sistema de Produção (2004) da Embrapa Soja, as diferenças de data de floração entre cultivares, numa mesma época de semeadura são devido, principalmente, à resposta diferencial das cultivares ao fotoperíodo. A época de semeadura dos genótipos avaliados neste trabalho, em casa de vegetação foi no mês de janeiro. Este mês não seria o melhor indicado para o plantio de soja, o que poderia levar a respostas inesperadas da planta. Sendo assim, as médias dos teores de óleo dos genótipos avaliados poderiam ter sido influenciados pelo fotoperíodo e pela temperatura. Segundo Miranda et al. (1998), estes fatores afetam o período reprodutivo (número de dias do florescimento até a maturação), o que, por sua vez, altera o teor de óleo do grão.

As linhagens GOBR95-69943 e GO99-07.006 (grupo 1), GOBR94-1704 e GO99-08.039 (grupo 2) obtiveram as menores médias para este caráter. Observa-se que os híbridos destes genitores mantiveram média com valores também baixos quando comparada com a média dos demais.

Os genótipos mostraram-se variáveis quanto ao teor de óleo. Teores acima de 18 g/100g de óleo foram encontrados em genitores do grupo 2, sugerindo a seleção destes visando linhagens com maiores teores de óleo. Como discutido para o teor de proteína (item 4.1.1), pode-se fazer seleção entre linhagens em fase final de avaliação visando variedades com maiores teores de óleo.

O efeito da heterose foi significativo ($P < 0,01$), mostrando a presença de dominância nos locos que controlam o teor de óleo no grão. A presença de heterose para o teor de óleo no grão de soja também foi verificada por Lewers et al. (1998) e Feng et al. (2004), sugerindo a existência de efeito de dominância para esse caractere.

Tabela 6. Médias (g/100g) do teor de óleo de dois grupos de linhagens de soja e seus cruzamentos.

G2 \ G1	1	2	3	4	Média	\bar{Y}_{0j}
	Híbridos					
5	17,27	16,00	17,92	18,00	17,30	19,85
6	16,61	15,10	14,70	15,89	15,58	15,99
7	17,52	15,59	16,50	15,32	16,23	16,49
8	16,91	17,93	15,87	17,54	17,06	18,67
9	16,09	19,09	15,34	15,05	16,40	17,59
10	15,62	15,32	15,20	16,27	15,60	15,22
11	17,19	15,97	16,66	17,81	16,91	16,85
12	16,28	16,88	16,60	17,22	16,74	17,51
13	16,68	18,77	16,27	14,99	16,68	17,58
14	15,24	-	13,88	14,66	14,59	14,93
15	16,23	17,44	17,73	16,47	16,97	19,44
16	15,51	17,40	14,29	16,56	15,94	16,94
17	15,65	16,39	16,91	16,92	16,47	17,39
18	17,30	16,19	16,52	17,71	16,93	17,20
Média	16,44	16,78	16,03	16,46	16,42	17,26
\bar{Y}_{i0}	15,91	18,45	14,92	15,73	16,25	-

G1: genitores do grupo 1 (doadores de pólen); G2: genitores do grupo 2 (receptor de pólen); \bar{Y}_{i0} média dos genitores do grupo 1; \bar{Y}_{0j} média dos genitores do grupo 2.

O efeito negativo da heterose média (-0,36 g/100g) indica que a média dos híbridos é inferior à média dos genitores. Isto sugere que os genitores possuem frequências gênicas suficientemente diferentes em pelo menos parte dos locos com dominância e que também há predominância de dominância de alelos que contribuem para a diminuição do

teor de óleo. Como ocorrido para o teor de proteína (item 4.1.1), a produção de sementes híbridas em soja visando o alto teor de óleo, mesmo que fosse viável, não seria indicada.

Pode-se observar na Tabela 7 que o efeito de heterose de variedades foi significativo ($P < 0,05$) para o grupo 1 e também para o grupo 2 ($P < 0,05$). Os genitores de ambos grupos contribuem diferentemente para o teor de óleo na formação dos híbridos, indicando a existência de divergência entre estes genitores.

A heterose específica (Tabela 7) mostrou-se significativa ($P < 0,01$) para o teor de óleo. Os genitores de cada grupo mostraram-se divergentes ocorrendo, então, complementações gênicas em nível de locos com dominância para o teor de óleo.

Como no item 4.1.1 calcularam-se as somas de quadrados dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) para o teor de óleo a partir do modelo de Griffing (1956). A relação $SQ_{CGC}/(SQ_{CGC}+SQ_{CEC})$ foi de 55% e a relação $SQ_{\text{genitores}}/(SQ_{\text{genitores}}+SQ_{\text{heterose}})$ foi de 57%, evidenciando mais uma vez a importância dos efeitos de dominância para o teor de óleo. Essa última correlação corresponde ao coeficiente de determinação do modelo apenas com os efeitos dos genitores. A raiz quadrática deste coeficiente (0,75 no caso) corresponde ao coeficiente de correlação entre as médias dos pares de genitores com seus híbridos. Este valor, de magnitude relativamente alta, permite inferir com razoável segurança o comportamento dos híbridos com base no desempenho dos genitores.

Brim et al (1968) e Singh & Hadley (1968) verificaram também forte influência do efeito do genótipo da planta na determinação do teor de óleo no grão de soja. Como já discutido para o teor de proteína, o modelo empregado no presente trabalho é aquele com $\theta = 1$, uma vez que se considerou que o teor de óleo nas sementes F_2 é determinado, principalmente, pelos genótipos das plantas F_1 respectivas.

A média do teor de óleo variou entre os híbridos em até 5,21 g/100g no grão. Observando-se a Tabela 7, os híbridos que se destacaram em ordem decrescente quanto ao teor de óleo no grão (g/100g) foram: 2x9 (19,09), 2x13 (18,77), 4x5 (18,00), 2x8 (17,93), 3x5 (17,92), 4x11 (17,81), 3x15 (17,73), 4x18 (17,71), 4x8 (17,54) e 1x7 (17,52).

Na Tabela 7 pode-se observar a heterogeneidade entre os efeitos de variedades (\hat{v}_i e \hat{v}_j), sendo a amplitude de variação deste efeito maior no grupo 2. Somente o genitor GOBR97-058163 obteve teor de óleo acima da média do grupo 1. No grupo 2 destacaram-se em ordem decrescente, para o efeito de variedade os genitores: 5 (2,59 g/100g), 15 (2,18 g/100g), 8 (1,41 g/100g), 9 (0,33 g/100g), 13 (0,32 g/100g), 12 (0,25 g/100g) e 17 (0,13

g/100g). Este efeito de variedade representa a proporção gênica aditiva dos genitores na formação dos híbridos.

Os valores do efeito de heterose total (Tabela 7) variaram de negativo a positivo, apresentando uma amplitude de 4,67 g/100g. Isso sugere a presença de dominância bidirecional, porém, com predomínio de dominância dos alelos que favorecem o decréscimo do caráter.

Os híbridos que se destacaram, em ordem decrescente, quanto aos efeitos de heterose total, calculada em percentagem sobre a média dos respectivos genitores, para o teor de óleo no grão foram: 4x11 (9,33%), 1x7 (8,16%), 4x18 (7,56%), 2x9 (5,95%), 1x11 (5,16%), 4x10 (5,04%), 3x7 (4,92%), 3x11 (4,84%), 2x13 (4,67%) e 3x17 (4,21%). Estas combinações híbridas mostraram-se divergentes nos locos com dominância positiva, favorecendo o aumento do teor de óleo. Os genitores destes híbridos se destacaram positivamente quanto ao efeito de heterose de variedades, tornando evidente a presença de divergência entre eles. A heterose é um indicativo de divergência, então, os genitores com maior heterose serão aqueles divergentes em nível dos locos com dominância que controlam o caráter. A presença da heterose sugere a utilização destas combinações em programas de melhoramento, com a finalidade de reunir a alelos favoráveis para o aumento do teor de óleo no grão de soja.

Para valores negativos deste efeito destacaram-se, em ordem crescente, os seguintes híbridos: 2x5 (-16,45%), 2x6 (-12,30%), 2x7 (-10,77%), 3x16 (-10,30%), 4x13 (-9,97%), 4x9 (-9,65%), 2x18 (-9,14%), 2x10 (-9,03%) e 2x17 (-8,55%). Estas combinações híbridas também mostram divergência entre os genitores nos locos com dominância negativa e com maior valor absoluto para o efeito de heterose. Nota-se, em média, a predominância de alelos que diminuem o teor de óleo.

Como já discutido anteriormente (item 4.1.1), os locos que controlam o teor de óleo apresentaram dominância média negativa. Isto sugere que os genitores com maior divergência serão aqueles que apresentarem efeitos de maior magnitude, sejam positivos ou negativos. Para o efeito de heterose de variedades destacaram-se, em ordem decrescente, os genitores 4 e 3 do grupo 1, e os genitores 11, 18, 12, 10, 7 e 13, do grupo 2. Estes genitores apresentam maior divergência dentro de seus respectivos grupos, contribuindo positivamente para a formação dos híbrido quanto ao teor de óleo no grão.

Os genitores que apresentaram os efeitos de heterose de variedade negativos, em ordem crescente, foram: 2 para o grupo 1, e 14, 15, 5, 16 e 6 para o grupo 2. Estes são

também divergentes dentro de seus respectivos grupos, porém, contribuem negativamente na formação dos híbridos quanto ao teor de óleo.

Tabela 7. Estimativas dos efeitos de variedade (\hat{v}_i e \hat{v}_j), heterose total (\hat{h}_{ij}), heterose de variedade (\hat{h}_i e \hat{h}_j), heterose específica (\hat{s}_{ij}) e capacidade geral de combinação (\hat{g}_i e \hat{g}_j) para o teor de óleo no grão.

G2	G1	Heterose Total				Heterose Específica				\hat{v}_j	\hat{h}_j	\hat{g}_j
		1	2	3	4	1	2	3	4			
5		-0,6118	-3,1508	0,5342	0,2134	-0,0731	-1,5515	0,9878	0,6368	2,5887	-0,3881	0,9062
6		0,6605	-2,1178	-0,7616	0,0330	0,9919	-0,7257	-0,5154	0,2492	-1,2657	-0,1808	-0,8137
7		1,3213	-1,8809	0,7913	-0,7891	1,2456	-0,8959	0,6304	-0,9801	-0,7754	0,2263	-0,1615
8		-0,3827	-0,6226	-0,9255	0,3471	-0,2018	0,6189	-0,8298	0,4127	1,4064	-0,0303	0,6729
9		-0,6606	1,0731	-0,9142	-1,6080	-0,3483	2,4461	-0,6869	-1,4109	0,3326	-0,1618	0,0045
10		0,0491	-1,5201	0,1235	0,7977	-0,0285	-0,5370	-0,0393	0,6048	-2,0379	0,2282	-0,7907
11		0,8065	-1,6791	0,7682	1,5205	0,2374	-1,1875	0,1140	0,8361	-0,4104	0,7196	0,5145
12		-0,4330	-1,0955	0,3824	0,6002	-0,5116	-0,1134	0,2187	0,4063	0,2457	0,2291	0,3520
13		-0,0644	0,7581	0,0137	-1,6610	-0,0411	1,8421	-0,0481	-1,7530	0,3199	0,1272	0,2872
14		-0,1865	-	-1,0464	-0,6731	0,5156	-	-0,4294	-0,0862	-2,3280	-0,5516	-1,7156
15		-1,4442	-1,5052	0,5484	-1,1109	-0,7813	0,2184	1,1262	-0,5633	2,1802	-0,5124	0,5777
16		-0,9103	-0,2940	-1,6415	0,2293	-0,4712	1,2057	-1,2876	0,5531	-0,3221	-0,2885	-0,4496
17		-0,9985	-1,5315	0,7541	0,3625	-0,8602	-0,3325	0,8072	0,3855	0,1303	0,0123	0,0775
18		0,7469	-1,6281	0,4575	1,2441	0,3267	-0,9876	-0,0478	0,7087	-0,0644	0,5707	0,5385
	G1					1	2	3	4			
	\hat{v}_i	-	-	-	-	-0,3407	2,1956	-1,3291	-0,5258	-	-	-
	\hat{h}_i	-	-	-	-	0,2151	-0,8456	0,3002	0,3303	-	-	-
	\hat{g}_i	-	-	-	-	0,0447	0,2522	-0,3644	0,0674	-	-	-

$\hat{\mu} = 17,76$ g/100g; $\hat{d} = -0,538$ g/100g; $\hat{h} = -0,3656$ g/100g (-2,06%).

O intervalo de variação para o efeito de heterose específica para o teor de óleo foi de 2,45 g/100g a -1,75 g/100g. Isto indica uma complementação diferencial de pares de linhagens em nível de loco com dominância positiva ou negativa que controlam o teor de óleo no grão, podendo participar significativamente na formação do híbrido. Como discutido no item 4.1.1, as estimativas do efeito de heterose específica tendem a apresentar grande variação, pois estes valores são estimados como desvios do modelo com apenas os

efeitos principais. Os híbridos que se destacaram positivamente em ordem decrescente quanto às complementações específicas (Tabela 7) nos locos com dominância que controlam o teor de óleo foram: 2x9, 2x13, 1x7, 2x16, 3x15, 1x6, 3x5, 4x11, 3x17 e 4x18. Os híbridos que se destacaram negativamente, em ordem decrescente, em magnitude quanto à heterose específica foram: 4x13, 2x5, 4x9, 3x16, 2x11, 2x18, 4x7, 2x7, 1x17 e 3x8.

Os genitores que se destacaram positivamente para a capacidade geral de combinação (CGC), em ordem decrescente, foram: 2, 4 e 1 do grupo 1, e os genitores 5, 8, 15, 18, 11, 12 e 13 do grupo 2 (Tabela 7). Os genitores 1 e 4 (grupo 1) e os genitores 11 e 18 (grupo 2) apresentaram médias baixas, porém, efeitos de heterose de variedades suficientemente altos para que se destacassem quanto à CGC. O contrário pode ser observado pelo genitor 2 (grupo 1) e pelos genitores 5, 8 e 15 (grupo 2), que se destacaram quanto à CGC devido aos seus altos efeitos de variedade, neste caso os efeitos de variedades foram suficientemente altos a ponto de compensarem o efeito negativo provocado pela heterose na média dos seus híbridos; enquanto os genitores 12 e 13 tiveram médias e efeitos de heterose de variedades de pequenas magnitudes, porém, positivos, permitindo estimativas de CGC positivas. Os genitores com alta CGC são potencialmente superiores aos demais em cruzamento.

Também como já comentado no item 4.1.1, a seleção de linhagens para a formação de compostos para um programa de seleção recorrente, pode ser feita com base nas estimativas de CGC obtidas pelo dialelo (Miranda Filho & Chaves, 1991). Pode-se selecionar linhagens, entre as avaliadas neste trabalho, com médias altas e com maior divergência para o teor de óleo, buscando selecionar genótipos segregantes com maiores teores deste caráter.

O grupo 1 não possui genitores que se destacaram positivamente quanto ao efeito de variedade e de heterose de variedades simultaneamente. No grupo 2, os genitores GOBR99-134018 e GOBR98-078009 mostraram-se positivos para estes dois efeitos. Os genitores BRS-MILENA, GOBR95-2019, GOBR97-056184 e BRGO99-4105-01 tiveram teores de óleo acima da média do grupo e mostraram-se divergentes com base no efeito de heterose de variedade.

4.2 CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

A correlação de Spearman entre o teor de proteína e óleo no grão com base nas médias dos genótipos foi de -0,015, e a correlação residual -0,162, porém, nenhuma apresentou significância, a 5% de probabilidade. Portanto, não se pôde detectar a existência de correlação entre o teor de proteína e de óleo, para o conjunto de genótipos avaliados, incluindo os híbridos. Resultado semelhante foi encontrado por Ribeiro et al. (2005). Vários autores detectaram correlações negativas entre estes dois caracteres (Johnson et al., 1955; Kwon & Torrie, 1964; Thorne & Fehr, 1970; Hymowitz et al., 1972; Shannon et al., 1972; Simpson Junior & Wilcox, 1983; Burton, 1984; Openshaw & Hadley 1984; Bonato et al., 2000; Feng et al., 2004).

O conhecimento da correlação entre caracteres permite ao melhorista uma melhor orientação para a seleção de plantas superiores, principalmente no que se refere à intensidade de seleção a ser aplicada a cada caráter (Vello et al., 1973). A ausência de correlação permite a seleção para o aumento do teor de proteína sem que se altere o teor de óleo no grão de soja, ou vice-versa.

Somente o grupo 2 (genótipos com flor roxa) apresentou genitores que se destacaram dentro do grupo simultaneamente para os teores de proteína e de óleo, respectivamente, no grão sendo eles: 8 (43,18% e 18,67%) , 9 (43,16% e 17,59%), 12 (43,60% e 17,51%), 13 (44,85% e 17,58%) e 17 (45,82% e 17,39%). Entre estes genitores, somente os genitores GOBR99-134018 e BRB02-969-03-01 apresentaram divergência quanto à contribuição positiva de ambos caracteres na formação de híbridos. Diante disso, observa-se a possibilidade de seleção de linhagens com maiores teores de proteína e de óleo entre os genitores avaliados. Isso sugere que possa existir variabilidade suficiente entre as linhagens de avaliação final em programas de melhoramento de soja, tornando possível a seleção de genótipos com altos teores de ambos caracteres.

Para a CGC destacaram-se positivamente, para ambos os caracteres, os genitores DM-VITÓRIA, GOBR99-134018, GOBR98-078009 e BRB02-969-03-01. Estes genitores, portanto, são indicados para a formação de população base em programa de seleção recorrente. Sendo assim, pode-se obter uma mesma população com variabilidade suficiente para selecionar genótipos com altos teores de proteína e de óleo no grão.

Hoje, busca-se fazer aumento do teor de proteína sem que se prejudique o teor de óleo no grão. Diante dos resultados obtidos neste trabalho, pode-se verificar a

possibilidade da utilização de algumas linhagens avaliadas em programas de melhoramento visando o aumento simultâneo dos teores de proteína e óleo no grão.

5 CONCLUSÕES

Os resultados obtidos a partir do grupo de genitores avaliados permitem as seguintes conclusões:

1. Existe variabilidade genética entre as linhagens de soja, permitindo a seleção de genótipos, em fase final de programas de melhoramento, com vista a elevar os teores de proteína e de óleo no grão.
2. Os locos que controlam os teores de proteína e de óleo no grão exibem dominância bidirecional, com prevalência dos alelos que favorecem o decréscimo destes caracteres.
3. Existe heterose nas combinações híbridas, indicando divergência genética entre as linhagens nos locos que controlam os teores de proteína e de óleo no grão.
4. Não se evidenciou correlação significativa entre o teor de proteína e de óleo no grão, considerando os genótipos de soja avaliados, o que indica a possibilidade de seleção simultânea para os caracteres.

6 REFERÊNCIAS

- ANVISA. Agência Nacional de Vigilância Sanitária. Resolução RDC nº 360, de 23 de dezembro de 2003. D.O.U. - **Diário Oficial da União**; Poder Executivo. Brasília, 26 dez. 2003.
- AOAC – ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS. **Official methods of analysis**. Washington D.C., 1975. 1054 p
- AOCS – AMERICAN OIL CHEMISTS SOCIETY, **Official Methods**, Aa 4-38, 1997.
- BAKAR, J.; HIN, Y.S. High-protein rice-soya breakfast cereal. **Journal of Food Processing and Preservation**, Westport, v. 8, n. 3-4, p. 163-174, apr. 1984.
- BONATO, E.R.; BERTAGNOLLI, P.F.; LANGE, C.E.; RUBIN, S.A.L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 35, p.2391-2398, 2000.
- BONATO, E.R.; DALLAGNOL, A. Soybean in Brazil: Production and Research. In **WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE III**, 1985, Ames, Iowa/USA. **Proceedings World Soybean Research Conference III**, p.1248-1256, 1985.
- BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.). **Soja: Genética e Melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. v.2, cap. 9, p. 741-803.
- BONETTI, L.P. Resultados de cinco anos de testes e principais características de variedades de soja recomendadas para o Rio Grande do Sul. Trigo e Soja, Porto Alegre. **Fecotrigo**, v. 53, p.2-28. 1981.
- BONETTI, L.P.; BESKOW, G. As novas variedades da pesquisa de soja do Rio Grande do Sul. Trigo e Soja, Porto Alegre. **Fecotrigo**, v. 1, p. 8-21, 1975.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005.
- BORÉM, A.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p.443-462.
- BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: CALDWELL, B.E. (Ed.) **Soybeans: Improvement, production, and uses**. Madison: Am. Soc. Agron., 1973. p. 155–186.
- BRIM, C.A.; BURTON J.W. Recurrent selection in soybeans. II. Selection for increased percent protein in seeds. **Crop Science**, v.19, p.494–498. 1979
- BRIM, C.A.; COCKERHAM, C.C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. **Crop Science**, v.1, n.3, p.187-190, 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, v.8, n.5, p. 517-518, 1968.

BUENO, L.C.S.; MENDES, N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento de Plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001.

BURTON, J.W. Breeding soybeans for improved protein quantity and quality. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 3., 1984, Ames. **Proceedings World Soybean Research Conference**. Boulder: Westview, 1984. p.361-367.

BURTON, J.W. Quantitative genetics: results relevant to soybean breeding. In: WILCOX, J.R. (Ed.) **Soybeans: improvement, production and uses**. 2. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1987. cap 6, p. 211-247.

BURTON, J.W., BRIM, C.A.. Recurrent selection in soybeans. III. Selection for increased percent oil in seeds. **Crop Science**, v. 21, p. 31-34, 1981.

CHAVES, L.J. Interação de genótipos com ambientes. In.: NASS, L.L.; VALOIS, A.C.C.; MELO, I.S.; VALADARES-INGLIS, M.C. (Ed.) **Recursos genéticos e melhoramento - Planta**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673 – 713.

CHEFTEL, J.C.; CUQ, J.L.; LORIENT, D. **Proteínas alimentarias**. Zaragoza: Acribia, 1989. 346p.

CONAB. Safras. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>> Acesso em: 11 de dez. 2005.

COSTA, S.I.; MORI, E.E.M.; FUJITA, J.T. Características químicas, organolépticas e nutricionais de algumas cultivares de soja. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p.823-827.

CRESS, C.E. Reciprocal recurrent selection and modification in simulated populations. **Crop Science**, Madison, v.7, n.6, p.561-567, 1967.

CRUZ, C. D.; A. D. REGAZZI.. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 2ª Ed. Viçosa: UFV, 2001. 390p.

DUDLEY, J.W.; MOLL, R.H. Interpretation and use of estimatives of heritability and genetics variances in plant breeding. **Crop Science**, v.9, p.257-262, 1969.

EMBRAPA SOJA. Soja o Grão Mágico. Disponível em: <<http://www.cnpso.embrapa.br>> Acesso em: 15 dez. 2004.

FABRE, F.; PLANCHON, C. Nitrogen nutrition, yield and protein content in soybean. **Plant Science**, v.152, p.51-58, 2000

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.

FALCONER, D.S. **Introduction to quantitative genetics**. 2.ed. London: Longman. 1981. 340p.

- FAO – Food and Agriculture organization of the United Nations. **Tropical soybean: improvement and production. Plant Production and Protection Series**, Roma. n° 27, 1994
- FENG, L.; BURTON, J. W.; CARTER JR, T. E.; PANTALONE, V. R. Recurrent Half-Sib Selection with Testcross Evaluation for Increased Oil Content in Soybean. **Crop Science**. v.44, p.63-69, 2004.
- FRANCO, G. **Tabela de composição química de alimentos**. 7ª Ed. Rio de Janeiro: Athenen. 1986.
- FREIRE FILHO, F.R. **Análise genética de um dialelo entre genótipos precoces de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Piracicaba: 1988. 224p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – ESALQ, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 1988.
- GARDNER, C. O. Teoria de genetica estadística applicable a las medias de variedades, sus cruces y poblaciones afines. *Fitotecnia Latinoamericana*, v. 2, p. 11-22, 1965.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, v. 22, p. 439-52. 1966.
- GATES, C. E.; WEBER, C. R.; HORNER, T. W. A linkage study of quantitative characters in a soybean cross. **Agronomy Journal**, v. 52, p. 45-49, 1960.
- GERALDI, I.O.; MIRANDA FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses..**Braz. J. Genet.**, v.11, p. 419-430, 1988.
- GIZLICE, Z.; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North american soybean: I. Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**, v.33, p.614-620, 1993.
- GRAVINA, G. A.; SEDIYAMA, C. S.; MARTINS FILHO, S. Diallel analysis for frogeye leaf spot resistance in soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.6, p.673-680, 2003.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, Collingwood, v. 9, p. 463-493, 1956.
- GUIMARÃES, E. P; FEHR, W.R. Alternative strategies of recurrent selection for seed yield of soybean. **Euphytica**, v.40, p.111-120, 1989.
- GUODONG, Z.; JINLING, W. Genetic variability of main agronomic characters and protein percentage in interspecific crosses of soybeans. **Soybean Science**, v. 8, n. 1, p. 1-10, 1989.
- HANSON, W.D.; PROBST, A.H.; CALDWELL, B.E. Evaluation of a population of soybean genotypes with implications for improving self-pollinated crops. **Crop Science**, v.7, n.1, p.99-103, 1967.

HANSON, W.D.; WEBER, C.R. Analysis of genetic variability from generations of plant progeny lines in soybeans. **Crop Science**, v.2, p.63-67, 1962.

HANSON, W.D.; WEBER, C.R. Resolution of genetic variability in self-pollinated species with an application to the soybean. **Genetics**, v.45, p. 1425-1434, 1961.

HARTWIG, E.E. Breeding productive soybeans with a higher percentage of protein. In: INTERNATIONAL SYMPOSIUM SEED PROTEIN IMPROVEMENT IN CEREALS AND GRAIN LEGUMES, 1978, NEUHERBERG. **Proceedings International Symposium Seed Protein Improvement in Cereals and Grain Legumes**. Vienna: International Atomic Energy Agency, 1979. v.2, p.59-66.

HARTWIG, E.E.; HINSON, K. Association between chemical composition of seed yield of soybeans. **Crop Science**, Madison, v.12, p.829-830, 1972.

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

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

HOLBROOK, C.C.; BURTON, J.W.; CARTER, T.E. Evolution of recurrent restricted index selection for increasing yield while holding seed protein constant in soybean. **Crop Science**, v.29, p. 324-329, 1989.

HYMOWITZ T., SINGH R.J. Taxonomy and speciation. In: WILCOX, J.R. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. 2. ed. Madison: American Society of Agronomy, 1987. cap. 2, p. 23-48.

HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Econ. Bot.**, v. 24, p. 408-421, 1970.

HYMOWITZ, T.; COLLINS, F.I.; PANZNER, J.; WALKER, W.M. Relationship between the content of oil, protein, and sugar in soybean seed. **Agronomy Journal**, Madison, v.64, p.613-616, 1972.

ISHIGE, T. Biometrical analysis and estimation of the number of genes for seed protein content of soybean, *Glycine max* (L.) Merrill. **Japan Agricultural Research Quarterly**, v.17, p.230-235, 1984.

JOHNSON, H.W.; BERNAD, R.L. Soybean genetics and breeding. In: NORMAN, A.G. (Ed.). **The soybean genetics, breeding, physiology, nutrition, management**. New York: Academic Press, 1963.

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

KAW, R.N.; MENON, P.M. Association between yield and components in soybean. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, Calcutta, v.32, p.276-280, 1972.

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

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

LEE, S.H.; BAILEY, M.A., MIAN, M.A.R.; CARTER JR., T.E.; SHIPE, E.R.; ASHLEY, D.A.; PARROTT, W.A.; HUSSEY R.S.; BOERMA, H.R. RFLP loci associated with soybean seed protein and oil content across populations and locations. **Theor. Appl. Genet.** v.93, p.649-657, 1996.

LEE, W.B.; WANG, J.L. Comparison of inheritance of several agronomic characters between *Glycine max* x *G. soja*, *G. max* x *G. gracilis*, and *G. max* x *G. max*. **Soybean Genetic Newsletter**, v.13, p.59-61, 1986.

LEFTTEL, R.C.; WEISS, M.G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. **Agronomy Journal**, v. 50, p. 528-534, 1958.

LEWERS, K.S.; ST. MARTIN, S.K.; HEDGES, B.R.; PALMER, R.G. Testcross evaluation of soybean germplasm. **Crop Science**, v. 38, p. 1143-1149, 1998.

LIMA, G.J.M.M. Importância da qualidade nutricional da soja e de seus subprodutos no mercado de rações: situação atual e perspectivas futuras. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA. **Anais do Congresso Brasileiro de Soja**. Londrina: Embrapa Soja. 1999. p 165.

LOISELLE, F.; VOLDENG, H.D.; TURCOTTE, P.; ST-PIERRE, C.A. Analysis of agronomic characters for an eleven-parent diallel of early-maturing soybean genotypes in eastern Canada. **Canadian Journal of plant Science**, Ottawa, v.70, n.1, p.107-115, 1990.

MAREGA FILHO, M.; DESTRO, D.; MIRANDA, L. A. Relationships among oil content, protein content and seed size in soybeans. **Braz. arch. biol. technol.**, v.44, n.1, p.23-32, 2001.

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

MILLER, J.E.; FEHR, W.R.. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, v. 4, p. 196-198, 1979.

MIRANDA FILHO, J. B; GERALDI, I. O. An adapted model for the analysis of partial diallel crosses. **Rev. Bras. Genet.**, v. 7, p. 677-88, 1984.

MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Analysis of diallel crosses with F2 generations. **Brazilian Journal of Genetics**, v. 19, n. 1, p. 127-132. 1996.

MIRANDA FILHO, J.B.; CHAVES, L.J. Procedures for selecting composites based on prediction methods. **Theor. Appl. Genet.**, v. 81, p. 265-271, 1991.

MIRANDA, J.E.C. Análise genética de um cruzamento dialélico em pimentão (*Capsicum annum* L.). Piracicaba, 1987. 159p. Tese (Doutorado - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/USP).

MIRANDA, Z. F.S.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M.F. Soybean seed oil content: genetic control under different photoperiods. **Genet. Mol. Biol.**, v. 21, n.3, p. 387-394, 1998.

MOLL, R. H.; LONNQUIST, J.H. FORTUNO, J.V.; JOHNSON, E. C. The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. **Genetics**, New York, 52: 139-44, 1965.

NASS, L.L. **Potencialidade de genótipos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) para o cultivo de inverno através de cruzamentos dialélicos**. Piracicaba, 1989. 112p. Dissertação (Mestrado – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”/USP).

OLIVEIRA, J. P. **Avaliação da qualidade nutricional do grão em populações de milho de alta qualidade protéica e seus cruzamentos**. 2003. Dissertação (Doutorado em Agronomia) – Escola de Agronomia, Universidade Federal de Goiás.

OPENSHAW, S. J.; HADLEY, H.H. Selection indexes to modify protein concentration of soybean seeds. **Crop Science**, v.24, p.1-4, 1984.

PANDINI, F.; VELLO, N. A.; LOPES, A. C. A. Heterosis in soybeans for seed yield components and associated traits. **Braz. arch. biol. technol.**, v.45, n.4, p.401-412, 2002.

PEQUENO, S.A. **Parentesco e diversidade genética molecular em cultivares de soja recomendados para o estado de Goiás**. 2001. Dissertação (Mestrado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2001.

PIMENTEL, A.M. **Cruzamentos dialélicos em soja com ênfase em teor de proteína e produção de grãos**. 1991. 150p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – ESALQ, Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” / USP, Piracicaba, 1991.

PIOVESAN, N. D. **Aplicação de cruzamentos dialélicos no melhoramento genético do teor de protéico em soja**. 2000. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa: UFV, 2000.

PROBST, A.H.; JUDD, R.W... Origin, U.S. history and development, and world distribution.. In: CALDWELL, B.E. (Ed.), **Soybeans: Improvement, production, and uses**. Madison: Am. Soc. Agron., 1973. cap. 1, p. 1-15

PULCINELLI, C.E. **Herança do teor de proteína em soja**. 1992. 67p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba: ESALQ, 1992.

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

- RAO, M.S.S.; BHAGSARI, A.S.; MOHAMED, A.I. Yield, protein, and oil quality of soybean genotypes selected for tofu production. **Plant Foods for Human Nutrition**, v.52, n.3, p. 241-251, 1998.
- RIBEIRO, K. O., CHAVES, L. J., OLIVEIRA, J. P., BRASIL, E. M., DUARTE, J. B., OLIVEIRA, P. M. F., MORAIS, L. K. Avaliação de genótipos de soja quanto aos teores de proteína e óleo no grão. In: 3° CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 2005, Gramado. **Anais do 3° Congresso Brasileiro de Melhoramento de Plantas**. Passo Fundo: Embrapa Trigo, 2005.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. **Melhoramento da soja**. In: BOREM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999. 817p.
- SHANNON, J.G.; WILCOX, J.R.; PROBST, A.H. Estimated gains from selection for protein and yield in the F₄ generation of six soybean populations. **Crop Science**, v.12, p.824-830, 1972.
- SHORTER, R.; BYTH, D.E.; MUNGOMERY, V.E. Estimates of selections parameters associated with protein and oil content of soybean seeds (*Glycine max* (L.) Merrill). **Australian Journal of Agricultural Research**, v.28, p.211-222, 1976.
- SIMPSON JUNIOR, A.M.; WILCOX, J.R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean populations. **Crop Science**, Madison, v.23, p.1077-1081, 1983.
- SINGH, M.; HADLEY, H.H. Maternal and cytoplasmic effects on seed protein content in soybeans *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, v.12, p.583-585, 1972.
- SINGH, M.; HADLEY, H.H. Maternal control of oil synthesis in soybeans, *Glycine max* (L.) Merrill. **Crop Science**, v.8, p.622-624, 1968.
- SISTEMA DE PRODUÇÃO/EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de Produção de soja – região central do Brasil**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste: Fundação Meridional, 2004. 239p.
- SMITH, K. J.; HUYSER, W. World Distribution and Significance of Soybean. In: Wilcox, J. R. (Ed). **Soybeans: Improvement, Production, and Uses**. 2. ed. American Society of Agronomy. Madison, Wisconsin. 1987. p.1-22.
- SMITH, R.R.; WEBER, C.R. Mass selection by specific gravity for protein and oil in soybean populations. **Crop Science**, v. 8, p.373–377, 1968.
- SOLDINI, D.O. **Potencial genético de cruzamentos dialélicos parciais de soja com ênfase nas produtividades de grãos e óleo**. Piracicaba, 1998. 78p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- SRIVASTAVA, R.L.; AHMAD, Z.; SINGH, H.G.; SAXENA, J.K. Combinig ability for yield and related attributes in soybean. **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 48, p. 148-155, 1978.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H. **Principles and procedures of statistics**. New York: Mc Graw-Hill, 1960. 481p.

THORNE, J.C.; FEHR, W.R. Incorporation of high-protein, exotic germplasm into soybean populations by 2- and 3-way crosses. **Crop Science**, v.10, p.652-655, 1970.

USDA – **United States Department of Agriculture**. PS&D Official Statistics. Disponível em: <http://www.fas.usda.gov>. Acessado em: 10 dez. 2005.

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of Brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, p. 679–697, 1988.

VELLO, N.A.; VENCOVYSKY, R.; GERALDI, I.O. Correlações genéticas e fenotípicas, respostas correlacionadas, ganho esperado na seleção e herdabilidade de alguns caracteres em capim gordura (*Melinis multiflora* Beav.). **Relatório Científico do Departamento de Genética. Piracicaba**, v.7, p. 208-217, 1973.

VENCOVYSKY, R. **Alguns aspectos te os e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades**. Piracicaba, 1970. 59p. Tese (Livre-Docência em Genética e Melhoramento de Plantas) - ESALQ/USP, 1970.

VENCOVYSKY, R.; P. BARRIGA. **Modelos biométricos no fitomelhoramento**. Sociedade Brasileira de Genética: Ribeirão Preto, 1992. 496p.

VERNETTI, F.J. Genética da soja: caracteres quantitativos. In: VERNETTI, F.J. (Ed.). **Soja: Genética e Melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. v.2, cap. 8, p. 725-740.

VOLDENG, H.D.; COBER, E.R.; HUME, D.J.; GILLARD, C.; MORRISON, M.J. Fifty-eight years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **Crop Science**, Madison, v.37, p.428-431, 1997.

WANG, S.H.; CABRAL, L.C.; FERNANDES, S.M. Bebidas à base de extrato hidrossolúvel de arroz e soja. **Ciência e Tecnologia de Alimentos**, Campinas, v. 17, n. 2, p. 73-77, maio/ago. 1997.

WEBER, C.R. Inheritance and interrelations of some agronomic and chemical characters in an interspecific cross in soybeans, *Glycine max* x *Glycine ussuriensis*. **Research Bulletin**, n.374, Ames, Iowa, 1950.

WEBER, C.R.; EMPIG, L.T.; THORNE, J.C. Heterotic performance and combining ability of two-way F1 soybean hybrids. **Crop Science**, v.10, p.159-160, 1970.

WEHRMANN, V.K.; FEHR, W.R.; CIANZIO, S.R.; CAVINS, J.F. Transfer of high seed protein to high-yielding soybean cultivars. **Crop Science**, v. 27, p. 927–931, 1987.

WEISS, M.G.; WEBER, C.R.; WILLIAMS, L.T.T.; PROBST, A.H. Correlations of agronomic characters and temperature with seed compositional characters in soybean, as influenced by variety and time of planting. **Agronomy Journal**, Madison, v.44, p.289-297, 1952.

WILCOX, J.R. Increasing Seed Protein in Soybean with Eight Cycles of Recurrent Selection. **Crop Science**, v. 38, p.1536, 1998.

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

WILCOX, J.R.; GUODONG, Z. Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, Madison, v.37, p.361-364, 1997.

WILCOX, J.R.; SIMPSON JR, A.M. Performance of reciprocal soybean hybrids. **Crop Science**, v.26, p.11-19, 1977.

XU, H.; WILCOX, J.R. Recurrent selection for maturity and percent seed protein in *Glycine max* based on S₀ plant evaluations. **Euphytica**, v. 62, p. 51–57, 1992.

YAKLICH, R; VINYARD, B; CAMP, M; DOUGLASS, S. Analysis of seed protein and oil from soybean Northern and Southern Region Uniform Tests. **Crop Science**, v.42, p. 1504-1515, 2002.