

## DIVERGÊNCIA ENTRE PROGENITORES E VARIABILIDADE DAS POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA<sup>1</sup>

Lucas Koshy Naoe<sup>2</sup>  
Carlos Siguelyuki Sedyama<sup>3</sup>  
Glauco Vieira Miranda<sup>3</sup>  
Cosme Damião Cruz<sup>4</sup>  
Maurílio Alves Moreira<sup>5</sup>

### RESUMO

Foram estudados neste trabalho cruzamentos entre os cultivares Doko RC, IAC-12 e UFV-10. Os objetivos foram analisar as características agronômicas das gerações F<sub>3</sub> de três cruzamentos, cujos progenitores apresentaram diferentes distâncias genéticas, avaliadas por meio de marcadores moleculares do tipo RAPD e pela distância generalizada de Mahalanobis, calculada com dados das características agronômicas avaliadas. De acordo com os resultados obtidos, concluiu-se que: a diversidade prevista em estudos baseados em dados moleculares foi coerente com aqueles obtidos de dados quantitativos; o cruzamento entre progenitores mais divergentes proporcionou maior variabilidade na geração F<sub>3</sub>; a divergência entre progenitores e a presença de variabilidade genética nas famílias F<sub>3</sub> não se relacionaram com a heterose nas características agronômicas avaliadas; e, mesmo os progenitores não apresentando diferenças significativas entre si, pode ocorrer variabilidade entre famílias F<sub>3</sub>.

Palavras-chaves: *Glycine max*, geração F<sub>3</sub>, divergência entre progenitores, variabilidade genética, heterose.

---

<sup>1</sup> Aceito para publicação em 12.03.2001.

<sup>2</sup> Estudante de doutorado do Curso de Genética e Melhoramento da UFV, 36571-000 Viçosa, MG. ds29180@correio.cpd.ufv.br.

<sup>3</sup> Dep. de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, UFV.

<sup>4</sup> Dep. de Biologia Geral da Universidade Federal de Viçosa, UFV.

<sup>5</sup> Dep. de Bioquímica e Biologia Molecular da Universidade Federal de Viçosa, UFV.

## ABSTRACT

### DIVERGENCE AMONG PROGENITORS AND GENETIC VARIABILITY OF SOYBEAN SEGREGATING POPULATIONS

Crossings between Doko RC, IAC-12 and UFV-10 soybean cultivars were studied in this work to evaluate the agronomic characters of F<sub>3</sub> generations, whose ancestors had presented different genetic distances, evaluated by means of RAPD type molecular markers and the Mahalanobis generalized distance, based on agronomic characteristic data. According to the results, it was concluded that the diversity foreseen in studies based on molecular data agreed with those obtained from quantitative data; crossing between more divergent ancestors provided greater variability in the F<sub>3</sub> generation; the divergence among progenitors and the presence of genetic variability in F<sub>3</sub> families were not related with heterosis; cross between ancestors not presenting significant differences between themselves, may present variability among F<sub>3</sub> families.

Key words: *Glycine max*, F3 generation, divergence, genetic variability, heterosis.

## INTRODUÇÃO

A produção brasileira de soja contribui com, aproximadamente, 20% da produção mundial. Para que essa contribuição seja aumentada, ou mesmo mantida, é necessário o desenvolvimento constante de novos cultivares. O melhoramento genético da soja é um processo contínuo e objetiva o desenvolvimento de cultivares mais produtivos, resistentes as pragas e doenças, estáveis e mais bem adaptados às diferentes regiões e sistemas de cultivo; objetiva, também, o desenvolvimento de cultivares com características especiais, para atender a demandas específicas (2).

Um dos principais objetivos considerados nos programas de melhoramento é o aumento da produtividade, obtida por meio de cultivares que apresentam combinação de genes favoráveis. Uma vez atingido esse equilíbrio, ganhos adicionais de produtividade tornam-se mais difíceis de serem conseguidos e, em geral, cultivares adaptados ou selecionados para determinada região de produção acabam tendo similaridade genética. Mesmo assim, o acréscimo da produtividade na soja, conseguido pelos melhoristas, nos Estados Unidos, tem sido possível, em razão da diversidade genética entre genitores nos programas de melhoramento (7).

Fisher (5) demonstrou que a covariância entre parentes é função de quantidades diferentes dos componentes da variância genética. Segundo Falconer (4), a amplitude da variabilidade genética numa população segregante é função da divergência genética entre os progenitores. Miranda et al. (10) relataram duas maneiras básicas de se avaliar a divergência, sendo a primeira de natureza quantitativa e a outra, preditiva. Entre os métodos de natureza quantitativa de avaliação da divergência, citam-se as análises dialélicas. Já os métodos preditivos são aqueles que relacionam a

divergência dos progenitores com o desempenho dos híbridos, tomando-se por base as diferenças morfológicas e fisiológicas apresentadas pelos progenitores na determinação da divergência, a qual é geralmente quantificada pela muitos casos, pode não existir relação entre ambos (3, 12). Paschal II e Wilcox (11) avaliaram diversos cruzamentos entre genótipos exóticos oriundos da Manchúria, China e Coréia com genótipos melhorados dos Estados Unidos. Esses autores observaram que não havia correlação entre diversidade de origem geográfica e heterose e que, provavelmente, as populações que deram origem a esses genótipos não estiveram suficientemente isoladas para possibilitar divergência marcante.

No Brasil, Hiromoto e Vello (8), utilizando coeficiente de parentesco de Malécot, determinaram a base genética do germoplasma da soja, e relataram que 100% do conjunto gênico de soja existente no Brasil é oriundo da contribuição de 26 ancestrais, tendo 11 linhagens asiáticas ancestrais contribuindo com mais de 90%. Quatro ancestrais com maior contribuição para o germoplasma brasileiro são os mesmos que dão maior contribuição para o germoplasma do sul dos Estados Unidos, mostrando que, possivelmente, os cultivares brasileiros foram desenvolvidos com a utilização de genótipos oriundos dessa região. Esses autores discorreram sobre a necessidade de aumentar a base genética dos cultivares brasileiros para evitar o perigo da vulnerabilidade do germoplasma e o estabelecimento de patamares de produção.

Abdelnoor et al. (1) trabalharam com marcadores moleculares do tipo RAPD para avaliar a diversidade genética entre 38 cultivares brasileiros de soja e relataram que os cultivares poderiam ser separados em dois grandes grupos. Miranda (9) analisou a divergência genética, com base em 16 características agronômicas, e agrupou cinco progenitores e 10 combinações híbridas de soja pelo método de otimização de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, formando quatro grupos.

O objetivo deste trabalho foi analisar o desempenho de três cruzamentos de soja ( Doko RC x IAC-12, Doko RC x UFV-10, IAC-12 x UFV-10), por meio das estimativas das variâncias das famílias e dos progenitores. Os progenitores apresentavam diferentes distâncias genéticas, avaliadas por meio de marcadores moleculares do tipo RAPD, e por meio da distância generalizada de Mahalanobis, aplicada sobre as características agronômicas. O trabalho visou, ainda, verificar a presença de heterose, relacionando os resultados com a divergência genética dos progenitores.

## MATERIAL E MÉTODOS

### *Material genético*

Os progenitores dos cruzamentos deste trabalho foram escolhidos com base em suas distâncias genéticas avaliadas por meio de marcadores moleculares do tipo RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (1) e da distância generalizada de Mahalanobis, com base nas características agronômicas das plantas (9).

Foram utilizadas as gerações F<sub>3</sub> dos cruzamentos (Doko RC x IAC-12, Doko RC x UFV-10 e IAC-12 x UFV-10). Os três progenitores (Doko RC, IAC-12 e UFV-10) são cultivares plantados da região central do Brasil e, em trabalhos conduzidos por Abdelnoor et al. (1) e Miranda (9), para avaliar suas divergências genéticas, foram caracterizados conforme apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 – Medidas de similaridade e dissimilaridade entre os progenitores		
	Similaridade*	Dissimilaridade**
Doko RC e UFV-10	22	140
Doko RC e IAC-12	20	273
IAC-12 e UFV-10	09	367

\* Similaridade: analisada com base em marcadores moleculares (1).  
 \*\* Dissimilaridade: analisada com base em características agronômicas (9).

Ressalve-se que, no trabalho de Abdelnoor et al. (1), foi estudado o cultivar Doko, enquanto neste foi utilizado o Doko RC, resistente ao fungo *Cercospora sojina* Hara, obtido por retrocruzamentos e considerado semelhante ao Doko. Os progenitores que mais divergem entre si, entre os cultivares considerados, são IAC-12 e UFV-10, e os mais próximos são Doko RC e UFV-10; já os cultivares Doko RC e IAC-12 têm distância genética intermediária entre si.

### *Delineamento experimental*

Foram utilizadas as sementes das plantas F<sub>2</sub> para formarem as famílias F<sub>3</sub>. O ensaio foi realizado no ano agrícola 97/98, no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, localizado no "campus" da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, na Zona da Mata do Estado de Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 20°45'20"S e

42°51'W. Utilizou-se o delineamento em blocos casualizados, com duas repetições. Cada cruzamento foi representado por um conjunto de 50 famílias F<sub>3</sub>. A cada cinco famílias foram intercalados os progenitores correspondentes.

O espaçamento utilizado foi de 0,75 m entre fileiras e 0,20m entre plantas, obtida por desbaste, 15 dias após a emergência das plântulas. Cada fileira continha nove plantas e a avaliação foi realizada em sete plantas, sendo as outras duas consideradas bordaduras. Ainda, ao redor do experimento, foi utilizada outra bordadura, constituída de duas linhas do cultivar FT-Cristalina.

A colheita foi realizada manualmente à medida que as vagens se apresentaram maduras. A debulha foi feita com trilhadeira de plantas individuais.

### *Características avaliadas*

As características avaliadas em cada planta foram: número de dias da emergência até o início da floração (estádio R1), denominado número de dias para floração (NDF); altura da planta no florescimento (no estágio R1), obtida pela medição da distância, em cm, do nível do solo até a extremidade da haste principal (APF); número de dias da emergência até a maturação (no estágio R8), denominado número de dias para maturação (NDM); período reprodutivo, em número de dias, compreendido entre a floração e a maturação (NFM); altura da primeira vagem, obtida pela medição da distância, em cm, do nível do solo até a inserção da primeira vagem da haste principal, na época da colheita (APV); altura da última vagem, obtida pela medição da distância, em cm, do nível do solo até a inserção da última vagem da haste principal, na época da colheita (AUV); número de nós da haste principal na maturação (estádio R8), avaliado a partir do nó correspondente ao par de folhas unifolioladas, até o último nó da haste principal (NNM); número de vagens com sementes formadas por planta (NDV) e de sementes por planta (NDS); razão entre o número de sementes e de vagens, ou seja o número de sementes por vagem (NSV); e peso de 100 sementes (PCS), avaliado com base no número de sementes por planta e no peso total de sementes por planta, em gramas (PRO).

Os termos R1 e R8 referem-se, respectivamente, ao início da floração e à maturação, de acordo com Fehr e Caviness (6).

### *Análises genético-estatísticas*

As variâncias foram estimadas a partir das análises das características realizadas com base nas médias de cada fileira das famílias e dos progenitores, sendo as observações efetuadas em plantas individuais.

Foram realizadas três análises de variâncias, sendo uma para cada cruzamento. O modelo estatístico, para um caráter de um cruzamento, foi representado pela seguinte expressão:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

em que

$Y_{ij}$  = valor observado na parcela que recebeu o tratamento  $i$ , no bloco  $j$ ;

$\mu$  = média geral;

$T_i$  = efeito da  $i$ -ésima família  $F_3$  ou fileira de progenitor, em que  $i = 1, 2, \dots, t$ ;

$B_j$  = efeito do bloco de ordem  $j$ , em que  $j = 1, 2, \dots, r$ ; e

$\varepsilon_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$ .

A soma de quadrados de tratamento foi decomposta em quatro fontes de variação: entre famílias  $F_3$ , entre fileiras do progenitor 1, entre fileiras do progenitor 2 e entre populações ( $F_3$ ,  $P_1$  e  $P_2$ ). As fontes de variação entre fileiras dos progenitores 1 e 2 foram reunidas, para obtenção da variação entre fileiras de progenitores. Os dois graus de liberdade da variação entre populações foram decompostos em dois contrastes ortogonais, sendo família versus progenitores indicativo de heterose; e progenitor 1 versus progenitor 2 indicativo de diferença entre progenitores.

Para se verificar a significância dos efeitos, foi aplicado o teste  $F$ , nos níveis de 5% e 1%, utilizando-se o quadrado médio do resíduo como erro. Para avaliar a fonte de variação entre famílias  $F_3$ , o teste foi aplicado utilizando-se a variação entre fileiras dos progenitores, sendo indicativo de variabilidade genotípica.

## RESULTADOS E DISCUSSÕES

No Quadro 2, são apresentadas as médias estimadas e as análises de variâncias dos dados envolvendo o cruzamento Doko RC x UFV-10, considerados os progenitores geneticamente menos divergentes do experimento. As características número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, altura da última vagem, número de nós na maturação e peso total de sementes apresentaram variação significativa

QUADRO 2 – Análise de variância dos dados das 12 características avaliadas no experimento com a geração F<sub>3</sub> do cruzamento Doko RC x UFV-10 e estimativas das médias das famílias F<sub>3</sub> e dos progenitores

F.V.	G.L.	Quadrados Médios <sup>1</sup>						AUV
		NDF	APF	NDM	NFM	APV	AUV	
Blocos	1	14,973	7,536	81,274	152,704	0,029	9,486	
Tratamentos	(69)	25,139*	119,723	17,473	43,735	8,062*	97,806	
Entre famílias F <sub>3</sub>	49	34,336**	162,384**	15,066	50,281	9,145	129,762**	
Entre fileiras P <sub>1</sub> (Doko RC)	(9)	3,842	28,829	11,302	12,022	3,950	38,178	
Entre fileiras P <sub>2</sub> (UFV-10)	(9)	1,948	4,953	40,630	49,524	8,071	5,185	
Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	18	2,895	16,891	25,966	30,773	6,011	21,682	
Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	(2)	19,572	78,581	35,378	97,881	10,256	34,987	
P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	1	37,657	0,517	65,152	195,759**	20,143*	64,031	
Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1	1,486	156,645	5,604	0,002	0,369	5,943	
Resíduo	69	14,590	115,963	20,596	33,397	5,046	80,569	
Média da família F <sub>3</sub>		60,60	52,81	145,86	85,26	12,21	57,57	
Média do progenitor 1		61,65	49,34	144,68	83,03	13,38	55,14	
Média do progenitor 2		58,91	49,66	148,29	89,38	11,37	58,71	
CV (%)		6,30	20,39	3,11	6,78	18,39	15,59	

Continua...

QUADRO 2 -- Continuação.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios <sup>1</sup>						
		NNM	NDV	NDS	NSV	PCS	PRO	
Blocos	1	0,000	2059,669	1072,228	0,050	8,368	187,302	
Tratamentos	(69)	1,628	3098,387**	11278,293*	0,033	3,336	313,061**	
Entre famílias F <sub>3</sub>	49	2,098**	3579,309	13441,793	0,035	3,264	385,330*	
Entre fileiras P <sub>1</sub> (Doko RC)	(9)	0,714	1486,010	5135,445	0,019	6,369	159,796	
Entre fileiras P <sub>2</sub> (UFV-10)	(9)	0,344	2780,939	8148,375	0,042	1,434	142,427	
Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	18	0,529	2133,474	6641,910	0,030	3,902	151,112*	
Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	(2)	53,401**	24844,808**	80951,045**	0,039	3,141	1603,734**	
P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	1	98,061**	40397,208**	130353,578**	0,065	5,606	2350,793**	
Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1	8,740	9292,408*	31548,511*	0,013	0,676	856,675**	
Resíduo	69	3,005	1703,980	6815,669	0,026	3,379	81,920	
Média da família F <sub>3</sub>		15,98	204,80	340,52	1,66	15,20	51,75	
Média do progenitor 1		12,98	134,35	212,79	1,58	15,59	33,17	
Média do progenitor 2		17,41	224,24	374,26	1,70	14,66	54,85	
CV (%)		10,85	20,16	24,25	9,63	12,09	17,49	

(\*\*) e (\*) Significativos a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.

<sup>1</sup> NDF = número de dias para floração, APF = altura da planta no florescimento, NDM = número de dias para maturação, NFM = período reprodutivo, APV = altura da primeira vagem, AUV = altura da última vagem, NNM = número de nós na maturação, NDV = número de vagens, NDS = número de sementes por vagem, NSV = número de sementes, PCS = peso de 100 sementes e PRO = peso total de sementes.



entre famílias  $F_3$ , indicando variabilidade genética nessas características. Observa-se que, quando se compararam os progenitores, estes se mostraram suficientemente diferentes, para apresentar variação significativa, nas características período reprodutivo, altura da primeira vagem, número de nós na maturação, número de vagens e de sementes e peso total de sementes. Além disso, foi observada heterose média significativa, no número de vagens e de sementes e no peso total de sementes, indicada pela significância da comparação entre a média das famílias  $F_3$  e a média dos progenitores.

Os resultados das análises relativas ao cruzamento Doko RC x IAC-12, progenitores de divergência genética intermediária, são apresentados no Quadro 3. Observa-se que duas das características apresentaram variação significativa entre famílias  $F_3$ , número de nós na maturação e peso total de sementes. Os progenitores apresentaram variação significativa nas características número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de dias para maturação, altura da primeira e da última vagem, peso de 100 sementes e peso total de sementes. Também verificou-se presença significativa de heterose nas características número de dias para o florescimento, altura de planta no florescimento, altura da última vagem e peso de 100 sementes.

No Quadro 4, são apresentadas as análises dos dados relativos ao cruzamento IAC-12 x UFV-10, considerados os progenitores geneticamente mais divergentes entre si. Observa-se que apresentaram variação significativa, entre famílias  $F_3$ , as características número de dias para florescimento, altura da primeira e da última vagem, número de nós na maturação, número de vagens e de sementes e peso total de sementes. As diferenças entre progenitores foram significativas para todas as características, fato de certa forma esperado, pois são os progenitores mais divergentes. A heterose mostrou-se significativa apenas para a característica peso total de sementes.

Observou-se que as características número de dias para florescimento, alturas da planta na floração e da última vagem, no cruzamento Doko RC X UFV-10, e número de nós na maturação, no cruzamento Doko RC x IAC-12, não apresentaram variações significativas entre progenitores. No entanto, as famílias  $F_3$ , oriundas desses cruzamentos, apresentaram variações significativas nas características, demonstrando que, mesmo não evidenciando variabilidade fenotípica, existe variabilidade genética, a qual propiciou a variação significativa, ou seja, os genes envolvidos afetam as características de modo semelhante, porém são diferentes nos progenitores.

A análise das 12 características agrônômicas pela técnica univariada mostrou que os dados estavam coerentes com as distâncias obtidas por Abdelnoor et al. (1) e Miranda (9), pois, nos contrastes entre os progenitores, o cruzamento menos divergente, Doko RC X UFV-10,

QUADRO 3 – Análise de variância dos dados das 12 características avaliadas no experimento com a geração F<sub>3</sub> do cruzamento 'Doko RC' x 'IAC-12'

F.V.	G.L.	Quadrados Médios <sup>1</sup>					AUV
		NDF	APF	NDM	NFM	APV	
Blocos	1	88,829	3,118	371,404	461,006	56,624	9,416
Tratamentos	(69)	3,762	32,967	9,878	9,179	3,577	40,423
Entre famílias F <sub>3</sub>	49	3,670	30,916	5,756	8,963	3,306	38,085
Entre fileiras P <sub>1</sub> (Doko RC)	(9)	6,463	61,923	35,849	10,483	8,202	80,635
Entre fileiras P <sub>2</sub> (IAC-12)	(9)	2,394	22,502	8,539	11,089	1,226	21,922
Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	18	4,429	42,212	22,194	10,786	4,714	51,279
Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	(2)	675,687**	1264,749**	978,050**	71,068	63,422**	733,564**
P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	1	871,200**	1386,636**	1190,134*	93,021	100,608**	768,130**
Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1	480,174*	1142,861**	765,965	49,114	26,236	698,997**
Resíduo	69	71,721	69,344	214,525	230,571	7,442	95,431
Média da família F <sub>3</sub>		49,44	38,70	128,47	79,03	8,94	49,80
Média do progenitor 1		61,84	55,97	143,51	81,67	12,54	62,99
Média do progenitor 2		48,64	39,32	128,08	79,44	8,06	50,60
CV (%)		17,13	21,52	11,40	19,21	30,50	19,62

Continua...

QUADRO 3 - Continuação

F.V.	G.L.	Quadrado Médio				
		NNM	NDV	NDS	NSV	PCS RO
Blocos	1	89,884	16108,921	8653,157	135,610	37,6743,044
Tratamentos	(69)	0,871	1453,275	5984,765**	0,028	1,4812,865*
Entre famílias F <sub>3</sub>	49	1,054*	1668,230	7081,697	0,029	1,2547,932*
Entre fileiras P <sub>1</sub> (Doko RC)	(9)	0,392	614,669	2801,176	0,026	2,9879,519
Entre fileiras P <sub>2</sub> (IAC-12)	(9)	0,550	1444,518	4526,118	0,031	1,5427,037
Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	18	0,471	1029,594	3663,647	0,029	2,2658,278
Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	(2)	2,432	3012,111	3843,726	0,321	44,5616,643*
P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	1	3,401	3862,810	7217,421	0,136	47,0540,789*
Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1	1,463	2161,411	470,030	0,505	42,0672,497
Resíduo	69	6,801	1334,281	2701,531	0,132	5,0071,445
Média da família F <sub>3</sub>		14,67	185,00	284,25	1,54	12,445,37
Média do progenitor 1		13,94	158,80	259,52	1,63	14,678,06
Média do progenitor 2		14,76	186,60	297,51	1,59	10,100,05
CV (%)		17,77	19,74	18,28	23,64	17,983,89

(\*\*) e (\*) Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.

1/ NDF = número de dias para floração, APF = altura da planta no florescimento, NDM = número de dias io, NFM = período reprodutivo, APV = altura da primeira vagem, AUV = altura da última vagem, NNM = número de vagens, NDS = número de vagens, NDS = número de sementes, NSV = número de sementes por vagem, PCS = sementes e PRO = peso total de sementes.

QUADRO 4 – Análise de variância dos dados das 12 características avaliadas nos experimentos com a geração F<sub>3</sub> do cruzamento 'IAC-12' x 'UFV-10'

F.V.	G.L.	Quadrados Médios <sup>1</sup>						AUV
		NDF	APF	NDM	NFM	APV		
Blocos	1	16,792	5,061	2,137	2,084	0,432	12,968	
Tratamentos	(69)	21,729	30,194	52,172	39,970	4,985	54,222	
Entre famílias F <sub>3</sub>	49	29,120**	34,238	61,617	40,329	6,000*	69,001**	
Entre fileiras P <sub>1</sub> (IAC-12)	(9)	3,388	31,870	41,956	50,338	4,069	24,493	
Entre fileiras P <sub>2</sub> (UFV-10)	(9)	4,663	13,209	22,555	36,531	1,483	15,542	
Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	18	4,026	22,539	32,255	43,434	2,776	20,018	
Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	(2)	215,463**	426,322**	1042,929**	380,158**	63,298**	478,793**	
P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	1	405,000**	843,144**	2066,254**	662,894**	122,159**	766,145**	
Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1	25,926	9,500	19,603	97,422	4,437	191,440	
Resíduo	69	25,157	55,761	68,680	28,285	6,144	83,736	
Média da família F <sub>3</sub>		52,54	46,61	139,38	86,84	11,01	59,24	
Média do progenitor 1		49,39	39,30	128,04	78,66	7,99	49,39	
Média do progenitor 2		58,39	52,29	148,37	89,98	12,93	61,77	
CV (%)		9,55	16,02	5,95	6,12	22,50	15,45	

Continua...

QUADRO 4 – Continuação.

		Quadrados Médios <sup>1</sup>						
G.L.		NNM	NDV	NDS	NSV	PCS	PRO	
	Blocos	0,023	2487,031	13,766	0,137	0,146	24,825	
	Tratamentos	2,361	4237,516**	16028,102**	0,032	3,549	318,618**	
	Entre famílias F <sub>3</sub>	2,869*	5265,188*	19218,413*	0,034	4,108	402,062**	
	Entre fileiras P <sub>1</sub> (IAC-12)	1,541	1656,434	7920,508	0,038	0,717	110,827	
	Entre fileiras P <sub>2</sub> (UFV-10)	0,940	2165,164	10328,021	0,024	4,127	142,907	
	Entre fileiras P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	1,240	1910,799	9124,264*	0,031	2,422	126,867*	
	Entre méd. F <sub>3</sub> , P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	39,213**	15130,444**	28531,162**	0,080*	39,140**	2125,170**	
	P <sub>1</sub> vs P <sub>2</sub>	78,295**	29426,942**	55651,250**	0,142*	74,494**	3992,411**	
	Méd. F <sub>3</sub> vs méd. P <sub>1</sub> e P <sub>2</sub>	0,131	833,945	1411,074	0,017	3,786	257,929*	
	Resíduo	3,115	1617,996	5176,705	0,024	4,993	72,156	
	Média da família F <sub>3</sub>	16,52	222,70	398,57	1,79	12,34	49,19	
	Média do progenitor 1	14,44	191,98	355,76	1,85	11,05	39,31	
	Média do progenitor 2	18,40	268,70	461,26	1,72	14,65	67,57	
	CV (%)	10,69	18,06	18,05	8,66	18,10	17,27	

(\*\*) e (\*) Significativo a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste F, respectivamente.

<sup>1/</sup> NDF = número de dias para floração, APF = altura da planta no florescimento, NDM = número de dias para maturação, NFM = período reprodutivo, APV = altura da primeira vagem, AUV = altura da última vagem, NNM = número de nós na maturação, NDV = número de vagens, NDS = número de sementes por vagem, PCS = peso de 100 sementes e PRO = peso total de sementes.

apresentou seis diferenças significativas; o cruzamento entre os progenitores de distância intermediária, Doko RC x IAC-12, apresentou sete diferenças significativas e o cruzamento mais divergente, IAC-12 X UFV-10, apresentou as 12 diferenças significativas, isto é, as médias dos progenitores foram significativamente diferentes em todas as variáveis analisadas. Não se verificou tendência de cruzamento entre progenitores mais divergentes apresentar maior frequência de heterose, o que também foi observado por Paschal II e Wilcox (11), que avaliaram diversos cruzamentos entre genótipos exóticos oriundos da Manchúria, China e Coréia com genótipos melhorados dos Estados Unidos. Estes autores constataram que não havia correlação entre diversidade de origem geográfica e heterose e que, provavelmente, as populações que deram origem a esses genótipos não estiveram suficientemente isoladas para possibilitar divergência marcante. No caso presente, todos os três progenitores são cultivares recomendados para plantio na região central do Brasil e apresentam as características agrônômicas adequadas às suas explorações econômicas na região, o que permite inferir que não apresentam, também, grande divergência genética entre si.

### CONCLUSÕES

- a) A diversidade prevista em estudos baseados em dados moleculares é coerente com aqueles obtidos de dados quantitativos.
- b) Cruzamento entre progenitores mais divergentes proporciona maior variabilidade na geração  $F_3$ .
- c) A divergência entre progenitores e a variabilidade genética nas famílias  $F_3$  não se relacionam com a heterose nas características agrônômicas avaliadas.
- d) As características número de dias para florescimento, altura da planta na floração e altura da última vagem, no cruzamento Doko RC x IAC-12, apresentam variabilidade entre as famílias  $F_3$ , enquanto os progenitores não apresentam diferenças significativas entre si.

### AGRADECIMENTOS

Os autores são gratos ao Professor Ph. D. Tuneo Sedyama, do Dep. de Fitotecnia da UFV, pela pronta ajuda durante a realização deste trabalho.

### REFERÊNCIAS

1. ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G. & MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germoplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. *Revista Brasileira de Genética*, 18:265-73, 1995.

1987. 279p.

5. FISHER, R.A. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. *Trans. Roy. Soc. Edinb.*, 52:399-433, 1918.
6. FEHR, W.R. & CAVINESS, C.E. Stages of soybean development. Ames, Iowa, Cooperative Extension Service, Iowa State University, 1977. 11p. (Special Report, 80).
7. 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*, 33:614-20, 1993.
8. HIROMOTO, D.M. & VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. *Revista Brasileira de Genética*, 9:295-306, 1986.
9. MIRANDA, G.V. Diversidade genética e desempenho de cultivares elites de soja como progenitores. Viçosa, UFV, 1998. 117p. (Tese de Doutorado).
10. MIRANDA, J.E.C.; CRUZ, C.D. & COSTA, C.P. Predição do comportamento de híbrido de pimentão (*Capsicum annuum* L.) pela divergência genética dos progenitores. *Revista Brasileira de Genética*, 11:929-37, 1988.
11. PASCHAL II, E.H. & WILCOX, J.R. Heterosis and combining ability in exotic soybean germplasm. *Crop Science*, 15: 344-9, 1975.
12. SINGH, T.H. & GILL, S.S. Genetic diversity in upland cotton under different environments. *The Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, 44:506-13, 1984.