

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES F₅ E F₆ DE SOJA¹

Rogério Luiz Backes²
Múcio Silva Reis³
Tuneo Sedyama³
Cosme Damião Cruz⁴
Rita de Cássia Teixeira⁵

RESUMO

Avaliaram-se cinco populações de soja, três na geração F₆ e duas na F₅, em Viçosa-MG, no ano agrícola 1997/98, utilizando o esquema experimental de famílias sem repetições, intercaladas com progenitores, com repetições, possibilitando a estimação do componente ambiental associado à variância fenotípica das populações em estudo e, conseqüentemente, os parâmetros genéticos. As avaliações de famílias e de indivíduos dentro de família permitiram estimar os parâmetros genéticos, que servirão de guia para a seleção. A variância genética nestas gerações está predominantemente distribuída entre famílias, o que se refletiu na maior herdabilidade desta unidade de seleção. A produção de grãos e seus componentes primários foram os caracteres que, em geral, apresentaram as menores herdabilidades restritas e, ao mesmo tempo, maiores diferenças entre herdabilidades nos sentidos amplo e restrito. A distribuição da variância genética e as estimativas da herdabilidade indicaram que a seleção nestas gerações deve ser realizada primordialmente entre as famílias.

Palavras-chaves: *Glycine max*, melhoramento genético.

¹ Aceito para publicação em 18.02.2002. Extraído da tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa pelo primeiro autor, para a obtenção do título de Magister Scientiae.

² Estudante de doutorado em Genética e Melhoramento, UFV, 36571-000 Viçosa-MG, ds36625@correio.ufv.br. Bolsista do CNPq.

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

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

⁵ Departamento de Fitotecnia, UFV, 36571-000 Viçosa-MG. Bolsista do Programa de Melhoramento de Soja.

ABSTRACT

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS IN F₅ AND F₆ SOYBEAN POPULATIONS

Five soybean populations were evaluated, three in the F₆ generation and two in the F₅ in Viçosa - MG, in the agricultural year 1997/98. The experimental design was of families without replications, inserted with progenitors with replications, allowing the estimation of the environmental component associated to the phenotypic variance of the populations under study, and consequently the genetic parameters. The evaluations at family and at individual within the family allowed to estimate the genetic parameters that will be used as selection guide. The genetic variance at these generations is predominantly distributed among families, which resulted in the biggest heritability for this selection unity. The grain production and its primary components were the characters that in general showed the lowest narrow heritability and, at the same time, the biggest differences between heritabilities in a broad and narrow sense. The distribution of the genetic variance and the estimates of the heritability at these generations indicated that the selection should mainly be accomplished among the families.

Key words: *Glycine max*, breeding.

INTRODUÇÃO

O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial para o processo de seleção e à predição do comportamento das gerações segregantes. É na variância que estão centralizados os estudos dos caracteres quantitativos (5, 8, 11). A existência da variância aditiva é um indicativo de relacionamento entre o comportamento da unidade selecionada e a unidade melhorada, ou seja, a sua descendência. O valor genético aditivo é um indicador do número de alelos favoráveis da unidade de seleção.

A herdabilidade corresponde à proporção herdável da variabilidade fenotípica ou proporção da variância total que é atribuída aos efeitos médios dos genes, e são estes que determinam o grau de semelhança entre os parentes. O coeficiente de herdabilidade pode variar de zero a um. No caso de $h^2 = 1$, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre eles. Quando $h^2 = 0$, a variabilidade do caráter não tem origem genética. Neste caso, não existe correlação alguma entre valor genético e valor fenotípico da unidade de seleção (1, 8).

Para que a herdabilidade cumpra a sua principal finalidade, que é a estimação de ganhos por seleção, ela deve ser estimada para a unidade de seleção, geralmente o indivíduo ou a família. Em autógamias, com a autofecundação, ocorre redistribuição da variância genética nas populações conduzidas em estruturas de famílias, fazendo com que diferentes unidades de seleção sejam consideradas durante a seleção, ao longo das gerações de autofecundação (4, 16, 20).

Normalmente, a herdabilidade é calculada por meio de análise de variância. É normal a ocorrência de erros associados às estimativas de herdabilidade e a outros componentes da variância genética; sendo assim, as estimativas devem ser avaliadas com cuidado. Ocorre grande faixa de variação nas estimativas de herdabilidade de um mesmo caráter, que podem ser parcialmente atribuídas à amostragem e às diferenças populacionais e ambientais (9, 14, 16, 21).

Este trabalho teve por objetivo estimar alguns parâmetros genéticos entre e dentro de famílias em cinco populações F_5 e F_6 de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) e recomendar a unidade de seleção mais promissora.

MATERIAL E MÉTODOS

Na realização deste trabalho foram conduzidos cinco experimentos como parte do programa de melhoramento de soja do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, no ano agrícola 1997/98. As gerações anteriores destas populações foram estudadas por Reis (18). Estudaram-se cinco populações de soja, estruturadas em famílias, três na geração F_6 e duas na F_5 , provenientes dos seguintes cruzamentos, com o respectivo número de famílias: I) CEPS 77-16 x Doko RC - 84 famílias (F_6); II) CEPS 89-26 x IAC - 8 - 81 famílias (F_6); III) CEPS 89-26 x FT - Cristalina - 75 famílias (F_6); IV) Coker 6738 x FT - Cristalina RC4F₄ - 92 famílias (F_5); e V) Agratech 550 x FT - Cristalina RC4F₄ - 81 famílias (F_5).

Os experimentos foram instalados em 5-12-1997, na Universidade Federal de Viçosa, MG (650 m, 20°45'S, 42°51'W). O solo foi preparado por meio de aradura e duas gradagens, e a adubação foi realizada no sulco de plantio, aplicando-se 70 kg/ha de P_2O_5 e 35 kg/ha de K_2O . Foram realizadas pulverizações, para controle de pragas, e irrigações, conforme a necessidade da cultura.

A distribuição do material experimental no campo foi a de famílias com testemunhas intercaladas. O limitado número de sementes e a possível segregação nas gerações F_5 e F_6 dificultaram a utilização de delineamentos estatísticos com repetição, com o tamanho de parcela usualmente empregado. O sistema de famílias intercaladas com testemunhas é, na verdade, uma derivação do delineamento de blocos aumentados, em que as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns e as famílias, aos tratamentos regulares. Os próprios progenitores foram utilizados como testemunhas, porém, as linhagens progenitoras CEPS 77-16 nas populações II e III, e CEPS 89-26 na população I foram substituídas, devido à não-disponibilidade de sementes destas linhagens, pelo cultivar BR-16, que apresenta região de adaptação semelhante.

O esquema experimental foi o seguinte: iniciando cada cruzamento (1ª parcela), foi plantada uma testemunha (pai 1); nas próximas cinco

linhas (2ª a 6ª parcela), foram plantadas famílias (progênie de uma planta selecionada) da população em estudo; a linha seguinte (7ª parcela) foi ocupada pela outra testemunha (pai 2); na seqüência, mais cinco linhas foram ocupadas com famílias (8ª a 12ª parcela); e novamente repetiu-se uma linha (13ª parcela) com a primeira testemunha (pai 1); e assim sucessivamente, até terminar todas as plantas selecionadas.

A parcela foi constituída por uma linha de 1,0 m, no espaçamento de 0,7 m entre linhas. Foram utilizadas 30 sementes por parcela no plantio, e de 15 a 20 dias após a emergência foi feito o desbaste, deixando-se 15 plantas por metro. Para a avaliação, foram etiquetadas seis plantas competitivas dentro de cada parcela. Este procedimento ocorreu antes do florescimento, para que não houvesse tendenciosidade na escolha das plantas a serem avaliadas.

Os seguintes caracteres foram avaliados: número de dias para florescimento (NDF); altura da planta no florescimento, em centímetros (APF); número de nós no florescimento (NNF); número de dias para maturação (estádio R8) (NDM); altura da planta na maturação (APM); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); produção de grãos de cada planta, em gramas (PRO); e peso médio de 100 sementes (PCS).

A análise de variância de cada um dos progenitores e das famílias foi realizada conforme o esquema apresentado no Quadro 1, considerando o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + f_i + e_i + d_{ij} + \delta_{ij}$$

em que

μ = média geral (progenitor ou famílias);

f_i = efeito genético atribuído à i-ésima família (para os progenitores este efeito é inexistente);

e_i = efeito ambiental entre fileiras (de um pai ou de famílias);

d_{ij} = efeito genético atribuído à j-ésima planta da i-ésima família (para os progenitores este efeito é inexistente); e

δ_{ij} = efeito ambiental entre plantas dentro da fileira (de um pai ou de famílias).

O estimador da variância fenotípica entre famílias ($\hat{\sigma}_{Fb}^2$) foi o QMEf, e o estimador da variância fenotípica dentro ($\hat{\sigma}_{Fw}^2$) foi o QMDf (Quadro 1).

A variância ambiental foi estimada com base na variação fenotípica entre as repetições das testemunhas intercaladas entre as famílias. Assim, a variância ambiental entre ($\hat{\sigma}_{Eb}^2$) e dentro ($\hat{\sigma}_{Ew}^2$) de famílias foi estimada, respectivamente, por:

$$\hat{\sigma}_{Eb}^2 = \frac{(r_1 - 1)QMEp1 + (r_2 - 1)QMEp2}{r_1 + r_2 - 2} \quad e$$

$$\hat{\sigma}_{Ew}^2 = \frac{(r_1p - r_1)QMDp1 + (r_2p - r_2)QMDp2}{p(r_1 + r_2) - r_1 - r_2}$$

As variâncias genotípicas entre ($\hat{\sigma}_{Gb}^2$) e dentro ($\hat{\sigma}_{Gw}^2$) de famílias foram estimadas por diferença, respectivamente, da seguinte forma:

$$\hat{\sigma}_{Gb}^2 = \hat{\sigma}_{Fb}^2 - \hat{\sigma}_{Eb}^2 \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}_{Gw}^2 = \hat{\sigma}_{Fw}^2 - \hat{\sigma}_{Ew}^2$$

A variância genotípica foi decomposta em variância aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) e devida à dominância ($\hat{\sigma}_D^2$), por meio das expressões de distribuição desta entre e dentro de famílias autofecundadas, citadas por Falconer (8):

$$\hat{\sigma}_{Gb}^2 = 2F_n \hat{\sigma}_A^2 + F_n(1 - F_n) \hat{\sigma}_D^2 \quad \text{e} \quad \hat{\sigma}_{Gw}^2 = (1 - F_n) \hat{\sigma}_A^2 + (1 - F_n) \hat{\sigma}_D^2$$

Conhecendo-se que o coeficiente de endogamia F_n das gerações F_5 e F_6 é de 7/8 e 15/16, respectivamente, conforme Ramalho e Vencovsky (15), é possível estimar a variância aditiva nestas populações e, conseqüentemente, as herdabilidades no sentido restrito.

As herdabilidades nos sentidos amplo (h_{ab}^2) e restrito (h_{rb}^2), para as médias de famílias, foram estimadas, respectivamente, por:

$$h_{ab}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{Gb}^2}{\hat{\sigma}_{Fb}^2} \quad \text{e} \quad h_{rb}^2 = \frac{2F_n \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{Fb}^2}$$

As herdabilidades nos sentidos amplo (h_{aw}^2) e restrito (h_{rw}^2), para plantas dentro de famílias, foram estimadas, respectivamente, por:

$$h_{aw}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{Gw}^2}{\hat{\sigma}_{Fw}^2} \quad \text{e} \quad h_{rw}^2 = \frac{(1 - F_n) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_{Fw}^2}$$

Estimou-se também o coeficiente de variação genética entre famílias: $CVg(\%) = \left(\sqrt{\hat{\sigma}_{Gb}^2} / \bar{X} \right) * 100$, em que \bar{X} é a média geral do caráter em consideração.

As análises estatísticas deste trabalho foram processadas com o aplicativo computacional GENES, desenvolvido por Cruz (6).

QUADRO 1 - Esquema da análise de variância.

FV	Famílias		Progenitor 1		Progenitor 2	
	GL ^{1/}	QM ^{3/}	GL ^{2/}	QM ^{3/}	GL ^{2/}	QM ^{3/}
Entre parcelas	f - 1	QMEf	r ₁ - 1	QMEp 1	r ₂ - 1	QMEp2
Dentro de parcelas	fn - f	QMDf	r ₁ p - r ₁	QMDp 1	r ₂ p - r ₂	QMDp2
Total	fn - 1		r ₁ p - 1		r ₂ p - 1	

^{1/} f = número de famílias em avaliação; e n = número de plantas por família.

^{2/} r₁ e r₂ = número de repetições do progenitor 1 e 2, respectivamente; e p = número de plantas por progenitor.

^{3/} QME = quadrado médio entre famílias ou entre repetições dos progenitores; e QMD = quadrado médio entre plantas dentro das famílias ou entre plantas dentro das repetições dos progenitores.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Nos Quadros de 2 a 6 são apresentadas as estimativas das variâncias fenotípicas e genotípicas e de alguns parâmetros genéticos. Observa-se que a variância fenotípica está distribuída principalmente entre as famílias, e menor parcela encontra-se dentro da família, em todos os caracteres, em todas as populações. Da mesma forma, a variância genotípica também está predominantemente distribuída entre as famílias, como pode ser observado pelo cociente entre a variância genética entre famílias e a dentro de famílias (Quadros de 2 a 6). A magnitude desta relação foi bastante variável nos diferentes caracteres e entre as populações. Em geral, os maiores cocientes entre a variância genética entre e a dentro de famílias foram encontrados nos caracteres agrônômicos (os quais, neste texto, designarão exclusivamente: DPF, APF, NNF, DPM, APM e NNM). Já a produção e seus componentes primários, com exceção do PCS, apresentaram, em geral, os menores cocientes. Nas populações III, IV e V (Quadros 4, 5 e 6) os menores cocientes foram, respectivamente, 3,02; 3,42; e 1,52, todos referentes ao caráter PRO. Verifica-se nestes cocientes que a redistribuição da variância genética ocorre de maneira diferenciada entre os caracteres.

Como as populações IV e V estão uma geração atrasada em relação às outras, seria esperado que as aquelas apresentassem menor cociente entre as variâncias genéticas entre e a dentro de famílias, comparativamente às outras. Porém, esta expectativa não foi confirmada em todas as comparações possíveis, devido, provavelmente, à pequena diferença esperada com base nas expressões de redistribuição da variância genotípica, citadas por Falconer (8), em razão da proximidade dos coeficientes de endogamia nestas gerações: $7/8$ para a F_5 e $15/16$ para a F_6 .

Em geral, as médias das populações foram intermediárias em relação aos progenitores e, ou, testemunhas (Quadros de 2 a 6). Nas populações II e III (Quadros 3 e 4, respectivamente) as médias de APF e APM foram superiores à média do progenitor superior. Acredita-se que a causa disso possa ser a seleção nos ciclos anteriores (18), pois uma das estratégias foi selecionar as plantas mais altas; a outra foi selecionar as plantas mais produtivas, o que leva normalmente a uma seleção correlacionada de plantas mais altas. Esta hipótese baseia-se em estimativas de correlação entre produção e altura apresentadas por diversos autores, entre eles Anand e Torrie (2), Johnson et al. (9), Kaw e Menon (10), Montenegro (12), Peluzio et al. (13) e Santos (19).

QUADRO 2 – Estimativas, para 10 caracteres da soja, das variâncias fenotípicas entre ($\hat{\sigma}^2_{Fb}$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}^2_{Fw}$), das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{cb}$) e dentro ($\hat{\sigma}^2_{cw}$), da superioridade proporcional das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{cb} / \hat{\sigma}^2_{cw}$), das herdabilidades no sentido amplo entre (h^2_{ab}) e dentro (h^2_{aw}), do coeficiente de variação genética entre famílias (CVg), das herdabilidades no sentido restrito entre (h^2_{rb}) e dentro de famílias (h^2_{rw}), das médias de BR-16(P1) e Doko RC(P2) e da média da população I, geração F₆ do cruzamento de CEPS 77-16 x Doko RC

Parâmetro	Caráter ^{1/}									
	DPF	APF	NNF	DPM	APM	NNM	NVP	NSV ^{2/}	PCS ^{2/}	PRO
$\hat{\sigma}^2_{Fb}$	174,24	1724,06	16,71	210,48	4167,50	43,84	3444,56	14,26	2130,67	241,09
$\hat{\sigma}^2_{Fw}$	11,44	123,29	2,52	24,93	284,80	4,72	1401,11	3,98	392,26	90,68
$\hat{\sigma}^2_{cb}$	123,55	1454,36	12,74	169,76	3585,05	32,16	2313,48	4,78	1024,76	143,37
$\hat{\sigma}^2_{cw}$	4,89	69,94	0,52	12,02	154,69	1,19	621,64	1,56	6,83	31,97
$\hat{\sigma}^2_{cb} / \hat{\sigma}^2_{cw}$	25,27	20,79	24,50	14,12	23,18	27,03	3,72	3,06	150,04	4,48
h^2_{ab}	70,91	84,36	76,25	80,65	86,02	73,35	67,16	33,55	48,10	59,46
h^2_{aw}	42,76	56,73	20,46	48,23	54,32	25,22	44,37	39,27	1,74	35,26
CVg	16,75	42,31	23,88	9,13	52,94	32,24	63,25	13,84	20,39	64,24
h^2_{rb}	70,48	83,15	75,72	77,73	85,21	73,09	51,86	24,02	48,10	48,55
h^2_{rw}	35,78	38,76	16,71	21,87	41,56	22,64	4,25	2,87	1,74	4,30
P1	48,28	44,89	10,85	120,48	60,87	12,85	46,02	1,81	17,10	14,25
P2	74,50	101,11	17,22	142,93	115,72	19,31	68,04	1,59	15,54	16,61
F6	66,38	90,13	14,95	142,67	113,11	17,59	76,04	1,58	15,70	18,64

^{1/} DPF = número de dias para a floração; APF = altura da planta na floração; NNF = número de nós na floração; DPM = número de dias para maturação; APM = altura da planta na maturação; NNM = número de nós na maturação; NVP = número de vagens por planta; NSV = número de sementes por vagem; PCS = peso de 100 sementes; e PRO = produção de grãos.

^{2/} Variâncias multiplicadas por 100.

QUADRO 3 – Estimativas, para 10 caracteres da soja, das variâncias fenotípicas entre ($\hat{\sigma}^2_{Fb}$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}^2_{Fw}$), das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Gb}$) e dentro ($\hat{\sigma}^2_{Gw}$), da superioridade proporcional das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Gb}/\hat{\sigma}^2_{Gw}$), das herdabilidades no sentido amplo entre (h^2_{ab}) e dentro (h^2_{aw}), do coeficiente de variação genética entre famílias (CVg), das herdabilidades no sentido restrito entre (h^2_{rb}) e dentro de famílias (h^2_{rw}), das médias de BR-16(P1) e IAC-8(P2) e da média da população II, geração F₆ do cruzamento de CEPS 89-26 x IAC-8

Parâmetro	Caráter ^{1/}									
	DPF	APF	NNF	DPM	APM	NNM	NVP	NSV ^{2/}	PCS ^{2/}	PRO
$\hat{\sigma}^2_{Fb}$	239,55	2408,62	5,71	249,10	3325,07	6,87	857,27	13,50	670,75	92,44
$\hat{\sigma}^2_{Fw}$	7,68	68,97	1,52	15,16	109,72	2,57	514,67	4,15	197,53	46,31
$\hat{\sigma}^2_{Gb}$	213,18	2311,51	4,74	164,60	3065,07	4,26	536,85	4,52	99,80	58,43
$\hat{\sigma}^2_{Gw}$	0,56	22,73	0,53	2,43	5,58	0,59	282,24	0,29	10,87	26,25
$\hat{\sigma}^2_{Gb}/\hat{\sigma}^2_{Gw}$	380,68	101,69	8,94	67,74	549,30	7,22	1,90	15,59	9,18	2,23
h^2_{ab}	88,99	95,97	83,05	66,08	92,18	62,06	62,62	33,44	14,88	63,22
h^2_{aw}	7,32	32,96	34,94	15,99	5,09	22,84	54,84	6,88	5,50	56,67
CVg	22,91	56,90	17,18	9,62	50,79	13,06	41,17	12,73	6,15	49,77
h^2_{rb}	88,99	95,97	76,72	66,08	92,18	55,79	32,78	32,48	13,79	37,78
h^2_{rw}	7,32	32,96	9,61	15,99	5,09	4,96	1,82	3,53	1,56	2,51
P1	46,83	41,61	10,37	119,67	53,91	12,20	43,57	1,70	15,95	12,43
P2	61,88	78,04	12,79	135,52	103,60	16,35	58,31	1,59	17,68	16,35
F6	63,74	84,50	12,67	133,43	109,01	15,80	56,29	1,67	16,25	15,36

^{1/} DPF = número de dias para a floração; APF = altura da planta na floração; NNF = número de nós na floração; DPM = número de dias para maturação; APM = altura da planta na maturação; NNM = número de nós na maturação; NVP = número de vagens por planta; NSV = número de sementes por vagem; PCS = peso de 100 sementes; e PRO = produção de grãos.

^{2/} Variâncias multiplicadas por 100.

QUADRO 4 – Estimativas, para 10 caracteres da soja, das variâncias fenotípicas entre ($\hat{\sigma}^2_{Fb}$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}^2_{Fw}$), das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Gb}$) e dentro ($\hat{\sigma}^2_{Gw}$), da superioridade proporcional das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Cb} / \hat{\sigma}^2_{Gw}$), das herdabilidades no sentido amplo entre (h^2_{ab}) e dentro (h^2_{aw}), do coeficiente de variação genética entre famílias (CVg), das herdabilidades no sentido restrito entre (h^2_{rb}) e dentro de famílias (h^2_{rw}), das médias de BR-16(P1) e FT-Cristalina(P2) e da média da população III, geração F₆ do cruzamento de CEPS 89-96 x FT-Cristalina

Parâmetro	Caráter ^{1/}									
	DPF	APF	NNF	DPM	APM	NNM	NVP	NSV ^{2/}	PCS ^{2/}	PRO
$\hat{\sigma}^2_{Fb}$	75,26	1488,26	14,73	196,36	1537,33	16,52	2282,08	19,88	1963,46	135,80
$\hat{\sigma}^2_{Fw}$	5,29	71,64	2,39	19,27	102,73	3,40	832,64	3,17	237,55	53,69
$\hat{\sigma}^2_{Gb}$	62,15	1313,08	10,24	93,32	1320,14	10,95	1333,34	9,68	1222,30	62,72
$\hat{\sigma}^2_{Gw}$	1,37	53,27	0,76	9,28	75,80	1,79	311,84	0,24	50,52	20,80
$\hat{\sigma}^2_{Cb} / \hat{\sigma}^2_{Gw}$	45,36	24,65	13,47	10,06	17,42	6,12	4,28	4,33	24,19	3,02
h^2_{ab}	82,59	88,23	69,48	47,52	85,87	66,29	58,43	48,68	62,25	46,19
h^2_{aw}	25,78	74,36	31,62	48,15	73,78	52,81	37,45	7,42	21,27	38,75
CVg	12,61	46,17	21,68	6,93	35,92	18,63	50,83	18,09	24,09	44,97
h^2_{rb}	82,59	87,61	66,76	44,48	83,87	57,91	47,09	48,68	61,77	32,85
h^2_{rw}	25,78	60,67	13,37	15,11	41,84	9,38	4,30	7,42	17,02	2,77
$\bar{P1}$	45,27	42,33	10,56	123,50	56,13	12,48	43,81	1,69	17,17	12,70
$\bar{P2}$	65,69	68,19	15,56	143,29	91,31	19,31	85,13	1,87	11,58	18,45
$\bar{F6}$	62,52	78,48	14,76	139,35	101,14	17,76	71,84	1,72	14,51	17,61

^{1/} DPF = número de dias para a floração; APF = altura da planta na floração; NNF = número de nós na floração; DPM = número de dias para maturação; APM = altura da planta na maturação; NNM = número de nós na maturação; NVP = número de vagens por planta; NSV = número de sementes por vagem; PCS = peso de 100 sementes; e PRO = produção de grãos.

^{2/} Variâncias multiplicadas por 100.

QUADRO 5 – Estimativas, para 10 caracteres da soja, das variâncias fenotípicas entre ($\hat{\sigma}^2_{fb}$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}^2_{fw}$), das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{ob}$) e dentro ($\hat{\sigma}^2_{ow}$), da superioridade proporcional das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{ob} / \hat{\sigma}^2_{ow}$), das herdabilidades no sentido amplo entre (h^2_{ab}) e dentro (h^2_{aw}), do coeficiente de variação genética entre famílias (CVg), das herdabilidades no sentido restrito entre (h^2_{rb}) e dentro de famílias (h^2_{rw}), das médias de Coker 6738(P1) e FT-Cristalina RC4(P2) e da média da população IV, geração F₅ do cruzamento destes cultivares

Parâmetro	Caráter									
	DPF	APF	NNF	DPM	APM	NNM	NVP	NSV ^{2/}	PCS ^{2/}	PRO
$\hat{\sigma}^2_{fb}$	334,95	1302,66	33,96	278,97	2112,74	54,69	2099,16	6,81	2254,00	117,93
$\hat{\sigma}^2_{fw}$	8,89	57,90	2,73	17,20	90,80	4,04	871,77	2,10	288,83	54,31
$\hat{\sigma}^2_{ob}$	278,25	959,24	28,74	137,61	1255,40	39,98	1850,83	0,56	716,17	103,62
$\hat{\sigma}^2_{ow}$	5,78	37,12	1,15	8,07	38,39	1,61	444,21	0,03	1,96	30,30
$\hat{\sigma}^2_{ob} / \hat{\sigma}^2_{ow}$	48,14	25,84	24,99	17,05	32,70	24,83	4,17	18,67	365,39	3,42
h^2_{ab}	83,07	73,64	84,63	49,33	59,42	73,10	88,17	8,18	31,77	87,87
h^2_{aw}	64,98	64,11	41,93	46,91	42,28	39,94	50,95	1,21	0,68	55,79
CVg	26,63	44,08	36,37	8,39	41,35	36,80	63,92	4,62	18,08	63,62
h^2_{rb}	83,07	73,64	84,63	49,33	59,42	73,10	74,30	8,18	31,77	69,74
h^2_{rw}	64,98	64,11	41,93	46,91	42,28	39,94	12,78	1,21	0,68	10,82
$\bar{P1}$	39,43	29,78	8,30	125,10	36,00	9,57	28,63	1,58	20,52	9,25
$\bar{P2}$	70,15	88,25	17,02	144,44	101,17	19,33	76,67	1,63	11,95	14,94
$\bar{F6}$	62,64	70,26	14,74	139,82	85,69	17,18	67,30	1,62	14,80	16,00

^{1/} DPF = número de dias para a floração; APF = altura da planta na floração; NNF = número de nós na floração; DPM = número de dias para maturação; APM = altura da planta na maturação; NNM = número de nós na maturação; NVP = número de vagens por planta; NSV = número de sementes por vagem; PCS = peso de 100 sementes; e PRO = produção de grãos.

^{2/} Variâncias multiplicadas por 100.

QUADRO 6 – Estimativas, para 10 caracteres da soja, das variâncias fenotípicas entre ($\hat{\sigma}^2_{Fb}$) e dentro de famílias ($\hat{\sigma}^2_{Fw}$), das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Gb}$) e dentro ($\hat{\sigma}^2_{Gw}$), da superioridade proporcional das variâncias genéticas entre ($\hat{\sigma}^2_{Cb} / \hat{\sigma}^2_{Gw}$), das herdabilidades no sentido amplo entre (h^2_{aw}) e dentro (h^2_{rb}), do coeficiente de variação genética entre famílias (CVg), das herdabilidades no sentido restrito entre (h^2_{rb}) e dentro de famílias (h^2_{rw}), das médias de Agratech 550(PI) e FT-Cristalina RC4(P2) e da média da população V, geração F₅ do cruzamento destes cultivares

Parâmetro	Caráter									
	DPF	APF	NNF	DPM	APM	NNM	NVP	NSV ^{2/}	PCS ^{2/}	PRO
$\hat{\sigma}^2_{Fb}$	262,10	1327,94	23,02	301,98	2750,73	42,62	1464,96	15,62	3980,54	96,60
$\hat{\sigma}^2_{Fw}$	6,63	58,80	2,05	28,64	88,59	2,62	570,20	4,06	241,91	46,05
$\hat{\sigma}^2_{Cb}$	252,33	1188,33	20,21	154,82	2227,98	32,20	319,66	6,11	3038,40	35,13
$\hat{\sigma}^2_{Gw}$	1,39	31,49	0,85	12,98	15,92	0,38	65,59	0,24	29,41	23,14
$\hat{\sigma}^2_{Cb} / \hat{\sigma}^2_{Gw}$	181,53	37,74	23,78	11,93	139,95	84,74	4,87	25,46	103,31	1,52
h^2_{ab}	96,27	89,49	87,81	51,27	81,00	75,55	21,82	39,13	76,33	36,37
h^2_{aw}	20,98	53,56	41,50	45,30	17,97	14,49	11,50	5,94	12,16	50,25
CVg	27,44	48,85	32,79	9,12	51,36	34,00	27,22	14,89	35,52	35,71
h^2_{rb}	96,27	89,49	87,81	50,67	81,00	75,55	19,10	39,13	76,33	16,43
h^2_{rw}	20,98	53,56	41,50	38,16	17,97	14,49	3,50	5,94	12,16	2,46
$\bar{P}1$	41,28	45,13	9,02	126,22	60,04	11,39	26,52	1,57	23,68	9,63
$\bar{P}2$	67,63	84,27	16,19	143,15	100,33	18,44	80,42	1,56	11,63	14,52
$\bar{F}6$	57,88	70,57	13,71	136,41	91,90	16,69	65,68	1,66	15,52	16,60

^{1/} DPF = número de dias para a floração; APF = altura da planta na floração; NNF = número de nós na floração; DPM = número de dias para maturação; APM = altura da planta na maturação; NNM = número de nós na maturação; NVP = número de vagens por planta; NSV = número de sementes por vagem; PCS = peso de cem sementes; PRO = produção de grãos.

^{2/} Variâncias multiplicadas por 100.

A produção média das famílias superou a média do pai superior nas populações I, IV e V (Quadros 2, 5 e 6, respectivamente) e está bastante próxima à do pai superior nas populações II e III (Quadros 3 e 4). Como ainda ocorre variabilidade genética nas populações, estas apresentam potencial para serem melhoradas por meio de novos ciclos de seleção.

Nos Quadros de 2 a 6, comparando as herdabilidades no sentido amplo, entre e dentro de famílias, observa-se que a fração genética é mais importante na determinação das diferenças fenotípicas entre as famílias do que nas diferenças entre indivíduos de uma mesma família. Esta consideração está baseada na superioridade da herdabilidade entre famílias ou de médias de famílias, se comparada à herdabilidade dentro de famílias. Apenas em três caracteres a herdabilidade para plantas dentro da família supera a herdabilidade entre famílias: NSV na população I; DPM na população III; e PRO na população V (Quadros 2, 4, e 6, respectivamente).

Em geral, os valores de herdabilidade entre famílias no sentido amplo foram altos. Apenas dois caracteres (NSV e PCS) nas populações I e II (Quadros 2 e 3, respectivamente) e três nas populações III (DPM, NSV e PRO), IV (DPM, NSV e PCS) e V (NVP, NSV e PRO), respectivamente nos Quadros 4, 5 e 6, apresentaram valores abaixo de 50%. As estimativas de herdabilidade no sentido amplo para plantas dentro de famílias foram predominantemente baixas; apenas dois caracteres apresentaram valores acima de 50% nas populações I, II e V, três na população III e quatro na população IV. Tais resultados apontam que o desempenho médio da família é um bom indicador do seu valor genotípico. Já a superioridade fenotípica entre os indivíduos de uma mesma família não indica necessariamente a superioridade genotípica, como é evidenciado pelas baixas estimativas de herdabilidade dentro de famílias, na maioria dos caracteres.

Observa-se que o desempenho da família terá maior importância no processo de seleção. Isto se deve à redistribuição da variância genética, consequência das sucessivas gerações de autofecundação, que levam à homozigose, tornando as progênies mais uniformes a cada geração. Há redução de 50% na heterozigose, a cada geração de autofecundação, e aumento da uniformidade genética dentro da família com a diminuição do número de genes ainda segregando. Estas considerações justificam a recomendação de priorizar a seleção entre famílias, em substituição à seleção individual, após a geração F_5 , concordando com as afirmações de Cockerham e Matzinger (4), Ramalho et al. (16) e Sedyama et al. (20).

Quanto ao caráter PRO, as estimativas de herdabilidade no sentido amplo entre famílias, nas populações estudadas, variaram de 36,37 a 87,87% (Quadros de 2 a 6), mostrando que as estimativas são realmente específicas para a população e condição ambiental em que foram obtidas. Segundo Falconer (8), as variações nas estimativas de herdabilidade do

mesmo caráter podem ser atribuídas a uma série de fatores, dentre eles as diferenças reais entre populações.

Em relação aos componentes primários da produção houve grande discrepância das estimativas de herdabilidade entre as populações. Já em relação aos caracteres agronômicos, houve maior proximidade das estimativas nas diferentes populações (Quadros de 2 a 6). Observa-se que as estimativas de herdabilidade ampla entre famílias foram superiores nos caracteres agronômicos e inferiores na PRO e em seus componentes primários. Tal comportamento está de acordo com o observado por Campos (3) e Santos (19).

Em geral, as herdabilidades no sentido restrito entre famílias foram elevadas, acima de 50%. Porém, alguns valores abaixo de 50% foram obtidos, principalmente no caráter produção de grãos (PRO) e seus componentes primários (NVP, NSV e PCS). O caráter PRO, na população IV (Quadro 5), apresentou alta herdabilidade restrita entre famílias, de 69,74%, sendo os valores inferiores a este nas demais populações. A menor herdabilidade restrita entre famílias para esse caráter foi de 16,43%, estimada na população V (Quadro 6). A produção, tratando-se de um caráter quantitativo, controlado por muitos genes, sofre maior influência ambiental, resultando normalmente em menores valores de herdabilidade em comparação a seus componentes ou aos demais caracteres agronômicos estudados. Tal constatação está de acordo com os resultados obtidos por Campos (3), Santos (19) e Weber e Moorthy (22). Destro et al. (7) também observaram essa tendência em algumas das populações estudadas. Além disso, ainda sobre o caráter PRO, destaca-se a variância devida à dominância, que também colabora para a obtenção de baixas estimativas de herdabilidade no sentido restrito.

Para os caracteres agronômicos, na maior parte dos casos, as estimativas de herdabilidade restrita para média de família foram altas, acima de 50% (Quadros de 2 a 6), bastante semelhantes à herdabilidade no sentido amplo da mesma unidade, mostrando que a maior parte da variância genotípica é constituída pela própria variância aditiva.

A herdabilidade no sentido restrito para indivíduo dentro de família apresentou, em geral, estimativas muito baixas, principalmente na PRO e em seus componentes primários. Na PRO, a herdabilidade restrita dentro de famílias variou de 2,46 a 10,82%. Herdabilidades restritas para indivíduos dentro de família acima de 50% foram observadas apenas na APF nas populações III, IV e V (Quadros 4, 5 e 6, respectivamente) e em DPF na população IV (Quadro 5).

Com base nas herdabilidades restritas dentro de famílias, nas populações estudadas, torna-se evidente que a eficiência da seleção dentro de famílias será baixa. Em quase todos os caracteres, apenas uma pequena fração das diferenças fenotípicas entre os indivíduos de uma mesma

família é de natureza herdável, ou seja, a correlação entre fenótipo e valor genético aditivo é pequena, e as diferenças entre as plantas de mesma família se devem, predominantemente, a diferenças ambientais e desvios devidos à dominância e, portanto, não herdáveis. Esta constatação é justificada pela redistribuição da variância genética aditiva. Assim, a seleção entre famílias será primordial, pois é nelas que se encontra disponível a maior parte da variância genética aditiva, e elas apresentam maior correlação entre valor fenotípico e genético aditivo. Estes resultados estão de acordo com os obtidos por Reis et al. (17).

Quanto maior o valor da herdabilidade, mais fácil será obter ganho por seleção no caráter. Portanto, haverá distinção entre os caracteres e as populações quanto à facilidade e magnitude dos ganhos que poderão ser obtidos com a seleção, em razão das diferenças de herdabilidade.

Os coeficientes de variação genética (CVg) fornecem um comparativo da variância genética disponível para a seleção, principalmente entre caracteres e populações distintas. A PRO apresentou o maior CVg entre todos os caracteres na população I (Quadro 2), o segundo maior entre todos os caracteres na população IV (Quadro 5) e o terceiro maior nas populações II, III e V (Quadros 3, 4 e 6, respectivamente). Apesar de a seleção ter sido praticada neste caráter nas gerações anteriores, ainda há muita variabilidade genética disponível para novos ciclos de seleção. Porém, tal afirmação pode estar sendo distorcida pelas diferenças de precisão experimental dos caracteres e, em alguns casos, pelos desvios devidos à dominância, não exploráveis pela seleção.

As estimativas de herdabilidade ampla e restrita para médias de família, em um mesmo caráter, tiveram, em geral, magnitudes muito semelhantes, principalmente nos caracteres agronômicos. Em diversos casos, esses valores coincidiram, em virtude da ausência de desvios causados pela dominância. No entanto, a PRO e o NVP foram os caracteres que mostraram diferenças mais consistentes entre as estimativas, nos sentidos amplo e restrito, considerando todas as populações. Nestes caracteres, há ainda importante contribuição dos desvios causados pela dominância, colaborando para o valor genotípico. Tal fato pode estar relacionado com o número de genes que controlam o caráter, de forma que maior número de gerações de autofecundação será necessário para atingir a homozigose nestes caracteres.

A discrepância entre as estimativas de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito mostra a importância da predição de ganhos com base na herdabilidade restrita, principalmente quando o objetivo é comparar os potenciais de diferentes populações e a facilidade ou dificuldade de melhorar um ou outro caráter numa população.

CONCLUSÕES

1) A avaliação de famílias sem repetições, intercaladas com testemunhas, é uma alternativa para a estimação de parâmetros genéticos.

2) A variância genética está predominantemente distribuída entre as famílias, em detrimento da fração distribuída dentro de famílias, nas gerações F_5 e F_6 .

3) A produção de grãos e seus componentes primários são os caracteres que apresentam, em geral, as menores herdabilidades restritas e as maiores diferenças entre herdabilidades ampla e restrita.

4) De acordo com os parâmetros estimados nestas gerações, a unidade de seleção primordial é a família.

REFERÊNCIAS

1. ALLARD, R.W. Princípios de melhoramento genético das plantas. São Paulo, Edgard Blucher, 1971. 381p.
2. ANAND, S.C. & TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationship among traits in the F_3 and F_4 generations of three soybean crosses. *Crop Sci.*, 3:508-11, 1963.
3. CAMPOS, L.A.C. Estudo da heterose, da herdabilidade e de correlações de algumas características agrônômicas em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, UFV, 1979. 76p. (Tese de mestrado).
4. COCKERHAM, C.C. & MATZINGER, D.F. Selection response based on selfed progenies. *Crop Sci.*, 25:483-8, 1985.
5. CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2nd ed. Viçosa, Ed. UFV, 1997. 390p.
6. CRUZ, C.D. Programa GENES – Versão Windows - Aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa, Ed. UFV, 2001. 648p.
7. DESTRO, D.; SEDIYAMA, T.; SILVA, J.C.; SEDIYAMA, C.S. & THIÉBAUT, J.T.L. Estimativas de herdabilidade de alguns caracteres, em dois cruzamentos de soja. *Pesq. Agropec. Bras.*, 22:291-304, 1987.
8. FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Viçosa, Ed. UFV, 1987. 279p.
9. JOHNSON, H.W.; ROBINSON, H.F. & COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. *Agron. J.*, 47:477-83, 1955.
10. KAW, R.N. & MENON, P.M. Association between yield and components in soybean. *Indian J. Genet. Plant Breed.*, 32:276-80, 1972.
11. MOLL, R.H. & STUBER, C.W. Quantitative genetics – Empirical results relevant to plant breeding. *Adv. Agron.*, 26:277-313, 1974.
12. MONTENEGRO, E.E. Estimativas de parâmetros genéticos, no verão e no inverno, em cruzamentos entre cultivares de soja (*Glycine max* (L.) Merrill), divergentes quanto à juvenilidade. Viçosa, UFV, 1994. 57p. (Tese de mestrado).
13. PELUZIO, M.P.; SEDIYAMA, C.S.; SEDIYAMA, T. & REIS, M.S. Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente entre alguns caracteres de soja, em Pedro Afonso, Tocantins. *Rev. Ceres*, 45:303-8, 1998.
14. PESEK, J. & BAKER, R.J. Comparison of predicted and observed responses to selection for yield in wheat. *Can. J. Plant Sci.*, 51:187-92, 1971.
15. RAMALHO, M.A.P. & VENCOSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. *Ciênc. Prát.*, 2:117-40, 1978.

16. RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B. & ZIMMERMANN, M.J.O. Genética quantitativa em plantas autógamas; aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Goiânia, UFG, 1993. 271p.
17. REIS, E.F.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T. & SEDIYAMA, C.S. Seleção e eficiência da predição de ganhos, tendo em vista a produção de grãos, em uma população de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Rev. Ceres, 46:411-22, 1999.
18. REIS, E.F. Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em diferentes populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, UFV, 2000. 120p. (Tese de Doutorado).
19. SANTOS, C.A.F. Análise de trilha e estimativas de parâmetros genéticos em progênies F_6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Viçosa, UFV, 1994. 71p. (Tese de Mestrado).
20. SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C. & REIS, M.S. Melhoramento da soja. In: Borém, A. (ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, Ed. UFV, 1999. p.487-533.
21. VENCOVSKY, R. Alguns aspectos teóricos e aplicados a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, ESALQ, 1970. 59p. (Tese de Livre Docente).
22. WEBER, C.R. & MOORTHY, B.R. Heritable and nonheritable relationships and variability of oil content and agronomic characters in the F_2 generation of soybean crosses. Agron. J., 44:202-9, 1952.