

ANÁLISE DAS GERAÇÕES F₂ E F₃, PARA ESTIMAR VARIÂNCIAS ADITIVAS, DE DOMINÂNCIA E DE AMBIENTE, EM UM SISTEMA FATORIAL DE CRUZAMENTOS EM SOJA^{1/}

Paulo Roberto Cecon^{2/}
Carlos Sigueyuki Sedyama^{3/}
Adair José Regazzi^{2/}
Tuneo Sedyama^{3/}

1. INTRODUÇÃO

O conhecimento da variabilidade genética existente é indispensável ao melhorista, uma vez que a variação é a matéria-prima do seu trabalho.

As causas da variação são as diferenças genéticas e de ambiente, que podem ser expressas em termos de variâncias (4). A variância genética aditiva é a mais útil para o melhorista, pois é de sua magnitude que depende o sucesso da seleção. Essa variabilidade não só é importante para a seleção de populações segregantes, mas também é aproveitada na seleção praticada em outros tipos de agrupamentos de genótipos (6).

BRIM e COCKERHAM (1), trabalhando com soja, estimaram, em duas populações, os componentes da variância genética para nove caracteres. Encontraram valores de variância da dominância negativos para os caracteres dias para maturação e peso de sementes. As variâncias aditivas foram maiores que as variâncias da dominância para todos os caracteres. Os resultados obtidos indicaram que a variância aditiva foi o principal componente da variância genética para todos os caracteres.

^{1/} Parte da tese de mestrado do primeiro autor.

Recebido para publicação em 15-8-1985.

^{2/} Departamento de Matemática da U.F.V. 36570 Viçosa, MG.

^{3/} Departamento de Fitotecnia da U.F.V. 36570 Viçosa, MG.

Também trabalhando com soja, CAMACHO (2) observou que as estimativas da variância aditiva e da variância da dominância para o caráter altura da planta, obtidas de populações F_3 e F_4 , foram significativamente maiores que zero, mas a variância da dominância foi maior que a variância aditiva para os dois casos. Entretanto, a variância aditiva foi suficiente para propiciar progresso satisfatório na seleção.

Existem várias maneiras de estimar os componentes da variância genética. No presente trabalho escolheu-se o Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (3), utilizando-se, entretanto, em vez de F_1 , as gerações F_2 e F_3 , em razão da dificuldade de obter quantidade elevada de indivíduos F_1 em soja.

O objetivo principal deste trabalho foi estimar as variâncias genéticas e ambientais para os caracteres dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagens/planta e número de sementes/planta, utilizando gerações F_2 e F_3 de cruzamento fatorial.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O estudo foi conduzido nos anos agrícolas de 1980/81 e 1981/82, em solo Podzólico Vermelho-Amarelo Câmbico, fase terraço, no «campus» da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais. Viçosa situa-se na Zona da Mata, à altitude média de 650 metros, 20°51' de longitude Oeste e latitude de 20°45' Sul.

2.1. Cultivares Utilizados nos Cruzamentos

Foram utilizados oito cultivares de soja, de ciclo e porte diferentes, cujos nomes e descrição encontram-se no Quadro 1. Os cruzamentos dos oito cultivares foram realizados de acordo com o Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (3), ou seja, no esquema fatorial 4×4 , onde os cultivares Paraná, UFV-2, IAC-2 e UFV-Araguaia foram utilizados como progenitores femininos e Pérola, Bossier, Viçosa e UFV-1 como progenitores masculinos.

2.2. Instalação e Condução dos Experimentos

2.2.1. Experimento I — F_2 (1980/81)

Neste experimento, foram utilizadas sementes F_2 dos referidos cruzamentos, cedidas pelo Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Viçosa.

A área foi preparada com uma aradura e duas gradagens, a última feita dias antes do início da semeadura, realizada de 10 a 12 de dezembro de 1980. A adubação foi feita diretamente nos sulcos de plantio, por ocasião da semeadura, aplicando-se 10-100-60 kg/ha de N, P_2O_5 e K_2O .

O adubo foi misturado com o solo em sulcos abertos com enxadões. Em seguida, foi feita a semeadura. As sementes foram distribuídas manualmente nos sulcos e cobertas com terra. Os sulcos eram espaçados de 0,60 m, com densidade de 24 plantas/m, e tinham comprimento variável. Foram utilizadas 150 plantas consecutivas em cada fileira.

O experimento constou de 16 fileiras e em cada fileira foi plantado um tratamento (cruzamento).

Neste experimento, as análises foram realizadas com base nas observações de plantas individuais.

QUADRO 1 - Descrição dos cultivares utilizados nos cruzamentos

Cultivar	Progenitor	Pedigree	Grupo de maturação	Cor da flor	Cor da pubescência	Cor do hilo	Hábito de crescimento
<i>Parente</i>	Feminino	<i>Hill</i> x <i>F₁</i> (<i>Roscoe</i> x <i>Ogden</i>)	VI	Branca	Cinza	Amarelo-clara	Determinado
<i>IAC-2</i>	Feminino	<i>Yeltrando</i> x <i>Aliança Preta</i>	VIII	Branca	Cinza	Marrom-clara	Indeterminado
<i>UFV-2</i>	Feminino	<i>Hardee</i> x <i>IAC-2</i>	VIII	Branca	Cinza	Marrom-clara	Determinado
<i>UFV-Araguaia</i>	Feminino	<i>Hardee</i> x <i>IAC-2</i>	IX	Branca	Cinza	Marrom-clara	Determinado
<i>Pérola</i>	Masculino	<i>Hood</i> x <i>Industrial</i>	VI	Roxa	Cinza	Amarelo-clara	Determinado
<i>Bossier</i>	Masculino	<i>Sel. em Lee</i> (<i>S-100</i> x <i>CHS</i>)	VII	Roxa	Marrom	Preta	Determinado
<i>Vigosa</i>	Masculino	<i>D49-2491</i> x <i>Improved Pelican</i>	VIII	Roxa	Marrom	Marrom-acinzentada	Determinado
<i>UFV-1</i>	Masculino	Seleção em <i>Vigosa</i>	IX	Roxa	Marrom	Marrom-acinzentada	Determinado

Fontes: (5, 7, 8, 9).

2.2.2. Experimento II — F_3 (1981/82)

Este experimento foi instalado entre os dias 16 e 18 de dezembro de 1981, no mesmo local do experimento anterior, e recebeu os mesmos tratamentos culturais.

Foram selecionadas 120 plantas F_2 de cada tratamento do Experimento I, que tinham 20 ou mais sementes.

O experimento foi constituído dos mesmos 16 tratamentos, acrescidos dos respectivos progenitores, formando 16 conjuntos progênie-progenitores. Cada conjunto tinha 150 fileiras de 60 cm de comprimento, espaçadas de 60 cm e com 20 sementes. As 150 fileiras eram formadas pelas 30 fileiras de progenitores, 15 do progenitor 1 e 15 do progenitor 2, e 120 fileiras com plantas F_3 , oriundas de sementes de plantas individuais F_2 .

As práticas culturais foram as normalmente dispensadas à cultura da soja, mantendo-se o experimento livre de pragas e ervas daninhas.

As observações foram realizadas em cada planta, entretanto as análises foram baseadas na média das plantas da fileira que tinha de 8 a 12 plantas.

2.3. Observação e Determinação das Características

As observações realizadas nas plantas F_2 , F_3 e progenitoras foram as seguintes: altura da planta, dias para maturação, número de nós na haste principal, número de vagens por planta e número de sementes por planta.

2.4. Delineamento Genético

Utilizou-se o Delineamento II de COMSTOCK e ROBINSON (9). Nesse delineamento, efetuam-se cruzamentos de m machos com f fêmeas: cada macho é cruzado com todas as fêmeas, e vice-versa. Disso resulta um total de $m \times f$ cruzamentos. Nesse delineamento, normalmente, são avaliados indivíduos da geração F_1 , mas, neste estudo, foram avaliados os indivíduos das gerações F_2 e F_3 .

Para o Delineamento II, o modelo é o seguinte (3):

$$Y_{ijk} = \mu + M_i + F_j + (MF)_{ij} + E_{ijk}$$

sendo

Y_{ijk} = k -ésima observação do cruzamento do i -ésimo macho com a j -ésima fêmea;

$i = 1, 2, 3, 4$ machos;

$j = 1, 2, 3, 4$ fêmeas;

$k = 1, \dots, n_{ij}$, sendo n_{ij} o número de repetições de cada combinação i e j ;

μ = média geral;

M_i = efeito atribuído ao macho i , sendo

$M_i \sim \text{NID}(0, \sigma_M^2)$ e

σ_M^2 = componente da variância devida ao efeito do macho;

F_j = efeito atribuído à j -ésima fêmea, sendo

$F_j \sim \text{NID}(0, \sigma_F^2)$ e

σ_F^2 = componente da variância devida ao efeito da fêmea;

$(MF)_{ij}$ = efeito da interação do i -ésimo macho e j -ésima fêmea, sendo

$(MF)_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma_{MF}^2)$ e

σ_{MF}^2 = componente da variância devida à interação;

E_{ijk} = erro devido à k-ésima observação do cruzamento do i-ésimo macho com a j-ésima fêmea, sendo

$E_{ijk} \sim \text{NID}(0, \sigma_E^2)$.

Para estimar as variâncias e covariâncias, a normalidade não é necessária, bastando que os termos do modelo sejam independentemente distribuídos.

De acordo com as hipóteses admitidas no modelo, tem-se

$$E(Y_{ijk}) = \mu.$$

A covariância de indivíduos provenientes de progenitores masculinos e feminos comuns na geração F_1 é a covariância de irmãos completos, dada por

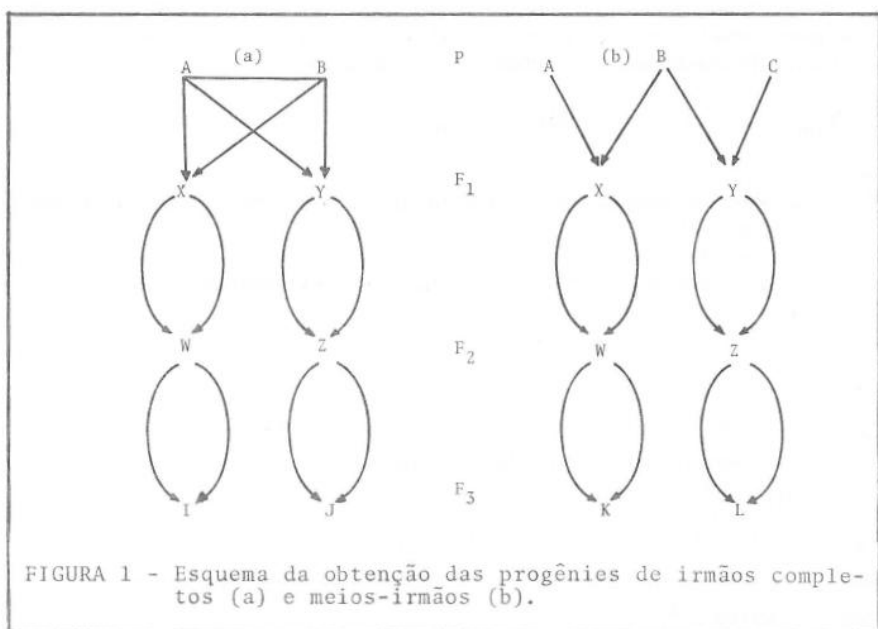
$$\text{COV(IC)} = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{MF}^2.$$

Da mesma forma, a covariância de meios-irmãos é dada por

$$\text{COV(MI)} = \frac{\sigma_M^2 + \sigma_F^2}{2}$$

2.4.1. Covariâncias de irmãos completos e de meios-irmãos, em termos de variâncias genéticas

De acordo com as hipóteses admitidas no modelo genético, considerando o esquema dos progenitores (Figura 1), com coeficientes de endogamia $F = 1$, tem-se que a covariância de progênies de irmãos completos e de meios-irmãos, na geração F_2 ou F_3 , é dada por



$$\text{COV(PIC)} = 2r_{IJ}\sigma_A^2 + \delta_{IJ}\sigma_D^2 + (2r_{IJ})^2\sigma_{AA}^2 + (\delta_{IJ})^2\sigma_{DD}^2 + \dots$$

sendo r_{ij} o coeficiente de parentesco entre I e J:

$$r_{IJ} = r_{W.W,Z.Z} = \frac{1}{4} (r_{W.Z} + r_{W.Z} + r_{W.Z} + r_{W.Z}) = r_{W.Z}$$

$$r_{W.Z} = r_{X.X,Y.Y} = r_{X.Y}$$

$$\begin{aligned} r_{X.Y} &= r_{A.B,A.B} = \frac{1}{4} (r_{A.A} + r_{A.B} + r_{B.A} + r_{B.B}) \\ &= \frac{1}{4} \left(\frac{1}{2} (1 + F_A) + 0 + 0 + \frac{1}{2} (1 + F_B) \right) \\ &= \frac{1}{4} (1 + 0 + 0 + 1) = \frac{1}{2} \end{aligned}$$

$$r_{X.Y} = \frac{1}{2}$$

Considerando δ a probabilidade de os dois alelos do indivíduo I serem idênticos, por ascendência, aos dois alelos do indivíduo J, tem-se

$$\begin{aligned} \delta_{IJ} &= r_{W.W}r_{Z.Z} = r_{W.Z} \cdot r_{W.Z} + r_{W.Z} \cdot r_{W.Z} \\ &= \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} \\ &= \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2} \end{aligned}$$

$$\text{COV(PIC)} = \sigma_A^2 + \frac{1}{2} \sigma_D^2 + \sigma_{AA}^2 + \frac{1}{4} \sigma_{DD}^2 + \dots$$

$$A \text{ COV(PMI)} = 2r_{KL} \sigma_A^2 + (2r_{KL})^2 \sigma_{AA}^2 + \dots$$

$$r_{KL} = r_{W.W,Z.Z} = r_{W.Z}$$

$$r_{W.Z} = r_{X.Y}$$

$$\begin{aligned} r_{X.Y} &= r_{A.B,B.C} = \frac{1}{4} (r_{A.B} + r_{A.C} + r_{B.B} + r_{B.C}) \\ &= \frac{1}{4} (0 + 0 + \frac{1}{2} (1 + F_B) + 0) \\ &= \frac{1}{4} (0 + 0 + 1 + 0) = \frac{1}{4} \end{aligned}$$

$$\text{COV(PMI)} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_{AA}^2 + \dots$$

Portanto:

$$\text{COV(PIC)} = \sigma_A^2 + \frac{1}{2} \sigma_D^2 + \sigma_{AA}^2 + \frac{1}{2} \sigma_{AD}^2 + \frac{1}{4} \sigma_{DD}^2 + \dots$$

e

$$\text{COV(PMI)} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 + \frac{1}{4} \sigma_{AA}^2 + \dots$$

σ_A^2 = variância genética aditiva;

σ_D^2 = variância devida à dominância;

σ_{AA}^2 = variância genética epistática aditiva x aditiva;

σ_{AD}^2 = variância genética epistática aditiva x dominância;

σ_{DD}^2 = variância genética epistática dominância x dominância.

Para o caso específico deste estudo, admitiu-se ausência de epistasias.

Então, tem-se que

$$\text{COV(PIC)} = \sigma_A^2 + \frac{1}{2} \sigma_D^2$$

$$\text{COV(PMI)} = \frac{1}{2} \sigma_A^2$$

Logo:

$$\frac{\sigma_M^2 + \sigma_F^2}{2} = \frac{1}{2} \sigma_A^2 \text{ e } \sigma_A^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2$$

$$\sigma_{M.F}^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{2} \sigma_D^2 - \sigma_A^2$$

$$\sigma_{M.F}^2 = \frac{1}{2} \sigma_D^2 \text{ e } \sigma_D^2 = 2\sigma_{M.F}^2$$

$$\sigma_G^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{M.F}^2$$

σ_G^2 = variância genotípica;

$$\sigma_P^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{M.F}^2 + \sigma_E^2;$$

σ_P^2 = variância fenotípica.

Os componentes de variância utilizados nos cálculos das covariâncias de irmãos completos e meios-irmãos da geração F_1 são os mesmos das gerações F_2 e F_3 , variando apenas, em cada caso, os coeficientes das variâncias mencionadas. Isso resulta do fato de se utilizar sempre a média da fileira da geração posterior para representar a progênie da planta da geração anterior.

O esquema geral da análise de variância da geração F_2 encontra-se no Quadro 2

Os componentes de variância foram estimados do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}^2 = M_1; \hat{\sigma}_{MF}^2 = \frac{(M_2 - M_1)}{K}; \hat{\sigma}_F^2 = \frac{(M_3 - M_2)}{KI}; \hat{\sigma}_M^2 = \frac{(M_4 - M_2)}{KJ}$$

QUADRO 2 - Análise de variância da geração F_2

F.V.	G.L.	QM	E (QM)
Machos	I-1	M_4	$\sigma^2 + K\sigma_{MF}^2 + KJ\sigma_M^2$
Fêmeas	J-1	M_3	$\sigma^2 + K\sigma_{MF}^2 + KI\sigma_F^2$
Machos x Fêmeas	(J-1) (I-1)	M_2	$\sigma^2 + K\sigma_{MF}^2$
Erro	IJK-IJ	M_1	σ^2
Total	IJK-1		

O esquema da análise de variância da geração F_3 encontra-se no Quadro 3.

QUADRO 3 - Análise de variância da geração F_3

F.V.	G.L.	QM	E (QM)
Machos	I-1	M_4	$\sigma_e^2 + K_4\sigma_{M.F}^2 + K_5\sigma_M^2$
Fêmeas	J-1	M_3	$\sigma_e^2 + K_2\sigma_{M.F}^2 + K_3\sigma_F^2$
Machos x Fêmeas	(I-1) (J-1)	M_2	$\sigma_e^2 + K_1\sigma_{M.F}^2$
Erro	$n_{..} - IJ$	M_1	σ_e^2
Total	$n_{..} - 1$		

Para efeito de dedução dos K_ℓ , para $\ell = [1, 5]$, $i = [1, I]$, $j = [1, J]$ e $K [1, n_{ij}]$, suprimiu-se a média geral do modelo, obtendo-se os seguintes resultados:

$$Y_{ijk} = M_i + F_j + (MF)_{ij} + e_{ijk}$$

$$Y_{ij.} = n_{ij}M_i + n_{ij}F_j + n_{ij}(MF)_{ij} + \sum_k e_{ijk}$$

$$Y_{i..} = n_{i.}M_i + \sum_j n_{ij}F_j + \sum_j n_{ij}(MF)_{ij} + \sum_{j,k} e_{ijk}$$

$$Y_{...} = \sum_i n_{i.} M_i + \sum_j n_{.j} F_j + \sum_{ij} n_{ij}(MF)_{ij} + \sum_{i,j,k} e_{ijk}$$

$$SQ_{Macho} = \sum_i \frac{Y_{i.}^2}{n_{i.}} - \frac{(\sum_{i,j,k} Y_{ijk})^2}{n_{..}}$$

Aplicando esperança matemática, tem-se

$$E(SQMacho) = I\sigma^2 + n_{..}\sigma_M^2 + \frac{(\sum_j n_{ij}^2)}{n_{..}}\sigma_F^2 + (\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}})\sigma_{MF}^2 -$$

$$- (\sigma^2 + \frac{(\sum_i n_{i.}^2)}{n_{..}}\sigma_M^2 + \frac{(\sum_j n_{.j}^2)}{n_{..}}\sigma_F^2 +$$

$$+ \frac{(\sum_{ij} n_{ij}^2)}{n_{..}}\sigma_{MF}^2)$$

$$E(SQMacho) = (I-1)\sigma^2 + (n_{..} - \frac{\sum_i n_{i.}^2}{n_{..}})\sigma_M^2 +$$

$$+ (\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}} - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}})\sigma_{MF}^2$$

$$E(QMMacho) = \frac{E(SQMacho)}{I-1}$$

$$E(QMMacho) = \sigma^2 + \underbrace{\frac{(\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}} - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}})}{I-1}}_{K_4} \sigma_{MF}^2 +$$

$$+ \underbrace{\frac{(n_{..} - \frac{\sum_i n_{i.}^2}{n_{..}})}{I-1}}_{K_5} \sigma_M^2$$

$$(SQFêmea) = \sum_j \frac{Y_{.j}^2}{n_j} - \frac{(\sum_{i,j,k} Y_{ijk})^2}{n_{..}}$$

$$E(SQFêmea) = J\sigma^2 + n_{..}\sigma_F^2 + \frac{(\sum_i n_{i.}^2)}{n_{..}}\sigma_M^2 +$$

$$+ (\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_j})\sigma_{MF}^2 - (\sigma^2 + \frac{(\sum_i n_{i.}^2)}{n_{..}})\sigma_M^2 +$$

$$\begin{aligned}
& + \frac{(\sum_j n_j^2)}{n_{..}} \sigma_F^2 + \frac{(\sum_{ij} n_{ij}^2)}{n_{..}} \sigma_{MF}^2 \\
E(\text{SQFêmea}) = & (J-1)\sigma^2 + (n_{..} - \frac{\sum_j n_j^2}{n_{..}}) \sigma_F^2 + (\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_j} - \\
& - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}}) \sigma_{MF}^2
\end{aligned}$$

$$E(\text{QMFêmea}) = \frac{E(\text{SQFêmea})}{J-1}$$

$$\begin{aligned}
E(\text{QMFêmea}) = & \sigma^2 + \underbrace{\frac{(\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_j} - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}})}{(J-1)}}_{K_2} \sigma_{MF}^2 +
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& + \underbrace{\frac{(n_{..} - \frac{\sum_j n_j^2}{n_{..}})}{j-1}}_{K_3} \sigma_F^2
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
(\text{SQM.F}) = & \sum_{ij} \frac{Y_{ij}^2}{n_{ij}} - \sum_i \frac{Y_{i.}^2}{n_{i.}} - \sum_j \frac{Y_{.j}^2}{n_{.j}} + \\
& + \frac{(\sum_{ijk} Y_{ijk})^2}{n_{..}}
\end{aligned}$$

$$E(\text{QMM.F}) = \frac{E(\text{SQM.F})}{(J-1)(I-1)}$$

$$E(QMM.F) = \sigma^2 + \underbrace{\frac{(n_{..} - \sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}} - \sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{.j}} + \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}})}{(J-1)(I-1)}}_{K_1} \sigma_{MF}^2$$

Assim, os valores de K_1 , K_2 , K_3 , K_4 e K_5 foram calculados com o emprego das seguintes expressões:

$$K_1 = \frac{\left[n_{..} - \sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}} - \sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{.j}} + \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}} \right]}{(I-1)(J-1)}$$

$$K_2 = \frac{\left[\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{.j}} - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}} \right]}{J-1}$$

$$K_3 = \frac{\left[n_{..} - \frac{\sum_j n_{.j}^2}{n_{..}} \right]}{J-1}$$

$$K_4 = \frac{\left[\sum_{ij} \frac{n_{ij}^2}{n_{i.}} - \frac{\sum_{ij} n_{ij}^2}{n_{..}} \right]}{I-1}$$

$$K_5 = \frac{\left[n_{..} - \frac{\sum_i n_{i.}^2}{n_{..}} \right]}{I-1}$$

sendo

I = número de machos;

J = número de fêmeas;

$n_{..}$ = número total de observações;

n_{ij} = número de observações provenientes do cruzamento do i -ésimo macho com a j -ésima fêmea;

n_i = total de observações provenientes do i -ésimo macho;

n_j = total de observações provenientes da j -ésima fêmea.

Os componentes de variância foram estimados do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}^2 = M_1; \hat{\sigma}_{MF}^2 = \frac{(M_2 - M_1)}{K_1}; \hat{\sigma}_F^2 = \frac{(M_3 - M_2)}{K_3}; \hat{\sigma}_M^2 = \frac{(M_4 - M_2)}{K_5}$$

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1. Análises Estatísticas e Estimativas dos Parâmetros com Dados Obtidos na Geração F_2

No Quadro 4, verifica-se que foram significativos, a 1 e 5% de probabilidade, pelo teste F, os quadrados médios dos efeitos de macho, fêmea e macho x fêmea, para todos os caracteres, exceto número de vagens/planta e número de sementes/planta, para os quais não se verificou significância dos efeitos de machos ou fêmeas. Esses quadrados médios significativos evidenciam a existência de variabilidade genotípica. Pode-se verificar, pelo Quadro 5, que os componentes aditivos da variância genotípica foram de maior importância para todos os caracteres, exceto número de vagens/planta e número de sementes/planta. Consequentemente, técnicas de melhoramento que tiram proveito da variância aditiva podem ser efetivamente usadas para a obtenção de maior ganho dos caracteres analisados.

Para número de vagens/planta, a variância aditiva estimada foi negativa para o componente de variância atribuído ao efeito de macho ($\hat{\sigma}_M^2$). Como a variância, por definição, não pode ser negativa, uma explicação possível é que deve ser estimativa de algum valor real zero ou de algum valor positivo muito pequeno, tendo essa estimativa negativa resultado de erros de amostragem (3).

Pode-se observar que a estimativa da variância devida à dominância foi maior que a estimativa da variância aditiva, para número de vagens/planta e número de sementes/planta, o que está de acordo com os resultados obtidos por CAMACHO (2).

3.2. Análises Estatísticas e Estimativas dos Parâmetros com Dados Obtidos na Geração F_3

No Quadro 6, verifica-se que os efeitos dos fatores macho, fêmea e macho x fêmea foram significativos, a 1% de probabilidade, pelo teste F, para todos os caracteres, exceto dias para maturação, indicando a presença de variabilidade genética aditiva e não-aditiva.

Como no experimento anterior, pôde-se verificar (Quadro 7) que as variâncias aditivas foram maiores que as variâncias devidas à dominância para todos os caracteres analisados, incluindo número de vagens/planta e número de sementes/planta. Esse resultado está de acordo com os obtidos por BRIM e COCKERHAM (1) e indica a eficiência da análise do cruzamento fatorial com uso de gerações mais avançadas (F_2 ou F_3).

O maior número de observações utilizado na geração F_3 parece ter eliminado o problema de obtenção de estimativas negativas de variância. Esse fato pode também ter ocorrido porque no segundo experimento foram utilizadas as médias de fileiras aleatórias, ao passo que no primeiro as plantas de cada tratamento ocupavam apenas uma fileira.

QUADRO 4 - Resumo das análises de variância de dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagens/planta e número de sementes/planta, na geração F₂

F.V.	G.L.	Quadrados médios					Número de sementes/planta
		Dias para maturação	Altura da planta	Número de nós/planta	Número de vagens/planta		
Macho	3	6771,5**	19437,4**	160,2*	211,0 (ns)		7754,2 (ns)
Fêmea	3	6749,1**	13469,2**	160,0*	1539,2 (ns)		7785,9 (ns)
Macho x Fêmea	9	110,5**	318,7**	30,3**	1099,5**		5122,3**
Resíduo	1904	34,2	111,3	3,5	125,8		539,8
C.V. (%)		4,9	19,4	18,23	46,9		48,3

* F - significativo ao nível de 5% de probabilidade.

** F - significativo ao nível de 1% de probabilidade.

ns F - não-significativo ao nível de 5% de probabilidade.

QUADRO 5 - Estimativas dos componentes de variância genética aditiva (σ_A^2), variância devida à dominância (σ_D^2) e variância de ambiente (σ_e^2) dos cinco caracteres, na geração F_2

Variância	Dias para maturação	Altura da planta	Número de nós/planta	Número de vagens/planta	Número de sementes/planta
Aditiva (σ_A^2)	27,70	67,22	0,54	0,0*	11,0
Devida à dominância (σ_D^2)	1,26	3,44	0,44	16,2	76,2
Ambiente (σ_e^2)	34,16	111,35	3,47	125,7	539,8

* Estimativa negativa.

QUADRO 6 - Análise de variância de dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagens/planta e número de sementes/planta, na geração F₃

F.V.	G.L.	Quadrados médios					Número de sementes/planta
		Dias para maturação	Altura da planta	Número de nós/planta	Número de vagens/planta		
Machos	3	15992,1 (ns)	29728,0**	494,6**	202558,0**		674565,0**
Fêmeas	3	66779,9**	152289,0**	2696,4**	580745,0**		1698044,0**
Machos x Fêmeas	9	6363,6**	1894,0**	43,0**	14851,0**		93081,0**
Erro	4645	16,0	283,0	9,6	3596,0		14462,0
C.V. (%)		3,1	36,7	30,2	80,4		84,4

* - F significativo ao nível de 1% de probabilidade.

** - F não-significativo ao nível de 5% de probabilidade.

QUADRO 7 - Estimativa dos componentes de variância genética aditiva (σ_A^2), variância devida à dominância (σ_D^2) e variância (σ_e^2) dos cinco caracteres, na geração F_3

Variância	Dias para maturação	Altura da planta	Número de nós/planta	Número de vagens/ planta	Número de sementes/ planta
Aditiva (σ_A^2)	64,3	164,3	2,8	728,4	2230,7
Devida à dominância (σ_D^2)	45,2	11,4	0,2	79,2	558,9
Ambiente (σ_e^2)	15,9	282,8	9,5	3596,5	14461,9

4. RESUMO E CONCLUSÕES

O trabalho foi conduzido em Viçosa, Minas Gerais, nos anos agrícolas de 1980/81 e 1981/82. Teve como objetivo estimar os componentes de variância genética e de ambiente, usando 16 cruzamentos originários da combinação em fatorial dos cultivares 'Paraná', 'UFV-2', 'IAC-2' e 'UFV-Araguaia', como progenitores femininos, e 'Pérola', 'Bossier', 'Viçoja' e 'UFV-1', como progenitores masculinos, à semelhança do Delineamento II de Comstock e Robinson. Neste trabalho, em vez de se analisarem as plantas F_1 , foram avaliadas plantas F_2 e fileiras F_3 originadas de plantas individuais F_2 .

As características analisadas foram: dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagens/planta e número de sementes/planta.

Pôde-se concluir que:

1. ocorre variabilidade genética aditiva e não-aditiva em todos os caracteres. A análise de plantas F_2 não detectou variância aditiva no número de vagens/planta e no número de sementes/planta;

2. a análise da geração F_3 mostrou maior contribuição da variância genética aditiva, quando comparada com a análise da geração F_2 , indicando aumento da eficiência do método de estimação, provavelmente em razão do aumento do número de indivíduos avaliados.

5. SUMMARY

(ANALYSES OF F_2 AND F_3 GENERATIONS OF SOYBEAN FOR THE ESTIMATION OF ADDITIVE AND DOMINANCE VARIANCES IN A FACTORIAL CROSS DESIGN)

The work was carried out at Viçosa, State of Minas Gerais during the agricultural years of 1980/81 and 1981/82. The objective was to estimate the genetic and environmental variance components in the F_2 and F_3 generation of soybean by analysis of 16 biparental crosses from a factorial crossing system between the female parents 'Paraná', 'UFV-2', 'IAC-2' and 'UFV-Araguaia', and the male parents 'Pérola', 'Bossier', 'Viçoja' and 'UFV-1', similar to the COMSTOCK and ROBINSON genetic design II.

The following characteristics were analyzed: days to maturity, plant height, number of nodes per plant, number of pods per plant, and number of seeds per plant.

The following conclusions were drawn:

1. Additive and non-additive genetic variability occurred in all characters, despite the fact that the F_2 plant analyses were unable to detect additive variance in number of pods per plant and number of seeds per plant.

2. The F_3 generation analysis revealed a greater additive genetic variance contribution, as compared to the F_2 generation analysis. This indicated the increased efficiency of the former method of estimation, probably due to the larger number of individuals in the sample.

6. LITERATURA CITADA

1. BRIM, C.A. & COCKERHAM, C.C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. *Crop Sci.*, 1(3):187-190, 1961.
2. CAMACHO, L.H. Varianzas genéticas x herediabilidad de características vegetativas y reproductivas de la soya *Glycine max* (L.) Merr. *Acta Agronomica*, 21(4):145-152, 1971.

3. COMSTOCK, R.E. & ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, 4:254-266, 1948.
4. FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Tradução de SILVA, M. de A. & SILVA, J.C. Viçosa, Imprensa Universitária, 1981. 279 p.
5. GILIOLI, J.L.; PALVDZYSZYN FILHO, E.; KIIHL, R.A.S.; GAZZIERO, D.L.P.; BORDIN, E. Escolha e recomendação de cultivares. In: *Manual Agropecuário do Paraná*. Londrina, Fundação Instituto Agrônômico do Paraná, 1978. p. 357-69.
6. KERR, W.E. *Melhoramento e genética*. S. Paulo, Editora da Universidade de São Paulo, 1969. 301 p.
7. SEDIYAMA, T.; ATHOW, K.L.; SEDIYAMA, C.S.; SWEARINGIN, M.L. UFV-1, nova variedade de soja para o Brasil Central. *Rev. Ceres*, 20(112):465-468, 1973.
8. SEDIYAMA, T.; ATHOW, K.L.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.S. UFV-2, variedade de soja para o Brasil Central. *Rev. Ceres*, 24(136):639-643, 1977.
9. SWEARINGIN, M.L. & SEDIYAMA, T. *Viçosa, nova variedade de soja para a Região Central do Brasil*. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa, 1969. (Folder).