

EDÉSIO FIALHO DOS REIS

GANHOS PREDITOS E REALIZADOS, POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS
DE SELEÇÃO, EM POPULAÇÕES DE SOJA (*Glycine max* (L.) Merrill)

GANHOS PREDITOS E REALIZADOS, POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS
DE SELEÇÃO, EM POPULAÇÕES DE SOJA (*Glycine max* (L.) Merrill)

Tese apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhora-
mento, para obtenção do título de
"Doctor Scientiae".

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
ABRIL - 2000

Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV

T

R375g
2000

Reis, Edésio Fialho dos, 1967-

Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) / Edésio Fialho dos Reis. – Viçosa : UFV, 2000. 120p. : il.

Orientador: Múcio Silva Reis

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, 1999

1. Soja - Seleção - Predição de ganhos. 2. Soja - Parâmetros genéticos. 3. Soja - Genética quantitativa. I. Universidade Federal de Viçosa. II. Título.

CDD 19.ed. 633.343

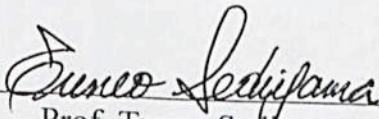
CDD 20.ed. 633.343

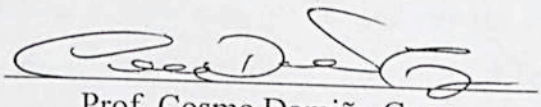
EDÉSIO FIALHO DOS REIS

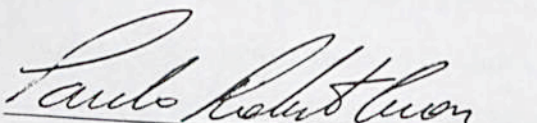
GANHOS PREDITOS E REALIZADOS, POR DIFERENTES ESTRATÉGIAS
DE SELEÇÃO, EM POPULAÇÕES DE SOJA (*Glycine max* (L.) Merrill)

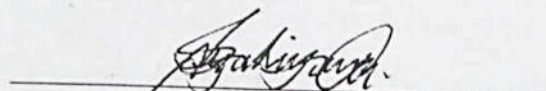
Tese apresentada à Universidade
Federal de Viçosa, como parte das
exigências do Programa de Pós-
Graduação em Genética e Melhora-
mento, para obtenção do título de
"Doctor Scientiae".

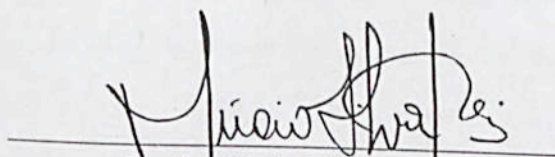
APROVADA: 16 de dezembro de 1999.


Prof. Tuneso Sedyama
(Conselheiro)


Prof. Cosme Damião Cruz
(Conselheiro)


Prof. Paulo Roberto Cecon


Prof. Ney Sussumu Sakiyama


Prof. Múcio Silva Reis
(Orientador)

AGRADECIMENTO

A Deus, pela força interior.

A Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realização do Curso.

Aos meus pais.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa.

Aos meus irmãos.
À Elídia.

Ao professor Múcio Silva Reis, por ter-me aceitado como seu orientado, pelas críticas construtivas, pela amizade, pelos ensinamentos e, acima de tudo, por estar sempre presente e disposto a apoiar-me nos momentos mais difíceis durante a realização do Curso.

Ao professor Cosme Damiano Cruz, por sempre estar disposto a ouvir, analisar positivamente, sugerir alternativas e, principalmente, pela elaboração dos programas que permitiram as análises dos dados.

Ao professor Tuncu Sakiyama, pela concessão do material experimental, pela paciência e pareceres e pelos ensinamentos valiosos durante a realização do Curso, especialmente na área de melhoramento de plantas.

Aos professores Paulo Roberto Ceccon e Ivey Sussumu Sakiyama, pela pronta disposição em participar e colaborar com sugestões para a melhoria deste trabalho.

AGRADECIMENTO

A Maria Ilídia Teixeira, por estar sempre presente durante a realização do Curso e o desenvolvimento deste trabalho, pelo apoio e pelo incentivo.

Aos meus colegas pós-graduandos, especialmente a Paulo Bonomo, Paulo Casetto, Antônio Policarpo, Glória, Derval, Rogério, Amauri, Aldrim e Renato, pela convivência e pelo incentivo.

Aos funcionários do Programa de Melhoramento de Soja da UFV, especialmente a Paulo Paiva, pela contribuição durante a realização do experimento de campo.

Ao Lucio Gonçalves Coimbra, pela editoração da tese, pela agradável convivência e pela amizade.

A Deus, pela força interior.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realização do Curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Múcio Silva Reis, por ter-me aceitado como seu orientado, pelas críticas construtivas, pela amizade, pelos ensinamentos e, acima de tudo, por estar sempre presente e disposto a apoiar-me nos momentos mais difíceis durante a realização do Curso.

Ao professor Cosme Damião Cruz, por sempre estar disposto a ouvir, criticar positivamente, sugerir alternativas e, principalmente, pela elaboração dos programas que permitiram as análises dos dados.

Ao professor Tuneo Sedyama, pela concessão do material experimental, pelas sugestões e pareceres e pelos ensinamentos valiosos durante a realização do Curso, notadamente na área de melhoramento de plantas.

Aos professores Paulo Roberto Cecon e Ney Sussumu Sakiyama, pela pronta disposição em participar e colaborar com sugestões para a melhoria deste trabalho.

Aos demais professores do Curso de Genética e Melhoramento, pela amizade e pelos ensinamentos.

À Maria Elídia Texeira, por estar sempre presente durante a realização do Curso e o desenvolvimento deste trabalho, pelo apoio e pelo incentivo.

Aos meus colegas pós-graduandos, especialmente a Paulo Bonomo, Paulo Carneiro, Antônio Policarpo, Glória, Derval, Rogério, Amauri, Aldrim e Ricardo Fonseca, pelo convívio e pelo incentivo.

Aos funcionários do Programa de Melhoramento de Soja da UFV, especialmente a Paulo Paiva e Paulo Daniel, pela contribuição durante a realização do experimento de campo.

Ao Lucio Gonçalves Coimbra, pela editoração da tese, pela agradável convivência e pela amizade.

A todos que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização deste trabalho.

BIOGRAFIA

Edésio Fialho dos Reis, filho de Antônio dos Reis Sobrinho e Maria Aparecida Fialho dos Reis, nasceu no município de Viçosa, Estado de Minas Gerais, no dia 11 de julho de 1967.

Em agosto de 1992, graduou-se engenheiro-agrônomo pela Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais.

Em 1996, obteve o título de “Magister Scientiae” em Genética e Melhoramento pela UFV.

Em março de 1996, iniciou o Curso de Doutorado em Genética e Melhoramento, submetendo-se à defesa de tese em 16 de dezembro de 1999.

2.1. Respostas à seleção 11

2.1.1. Seleção entre e dentro de famílias 14

2.1.2. Seleção combinada 15

2.1.3. Seleção individual 17

2.1.4. Índice de seleção 18

3. MATERIAL E MÉTODOS 20

3.1. Material experimental 20

CONTEÚDO

	Página
3.2. Primeira fase - Colheita, avaliação e seleção no "bulk"	21
3.2.1. Colheita e avaliação	21
3.2.2. Seleção	21
3.3. Segunda fase - Experimento de campo com abertura de linhas para cada planta selecionada no "bulk"	22
3.3.1. Instalação e condução no campo com abertura de linhas	22
3.3.2. Avaliação e colheita	23
3.3.3. Quantificação do ganho realizado	24
3.3.4. Predição de ganhos no "bulk"	24
3.3.5. Comparação das estratégias	
3.4. Terceira fase - Seleção, predição de ganhos, condução no campo, avaliação, colheita e obtenção do peso realizado, no campo	
EXTRATO	x
ABSTRACT	xii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1. Delineamento experimental	4
2.2. Componentes de variância	5
2.3. Herdabilidade	7
2.4. Resposta à seleção	11
2.4.1. Seleção entre e dentro de famílias	14
2.4.2. Seleção combinada	15
2.4.3. Seleção individual	17
2.4.4. Índice de seleção	18
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1. Material experimental	20

3.2. Primeira fase - Colheita, avaliação e seleção no “bulk”	21
3.2.1. Colheita e avaliação	21
3.2.2. Seleção	21
3.3. Segunda fase - Experimento de campo com abertura de linhas para cada planta selecionada no “bulk”	22
3.3.1. Instalação e condução no campo com abertura de linhas	22
3.3.2. Avaliação e colheita	23
3.3.3. Quantificação do ganho realizado	24
3.3.4. Predição de ganhos no “bulk”	24
3.3.5. Comparação das estratégias	25
3.4. Terceira fase - Seleção, predição de ganhos, condução no campo, avaliação, colheita e obtenção do ganho realizado, no experimento do ano agrícola 1997/98	25
3.4.1. Seleção	25
3.4.2. Predição de ganhos	27
3.4.3. Condução no campo, avaliação e colheita	27
3.4.4. Quantificação dos ganhos realizados	27
3.5. Fator de correção ambiental	27
3.5.1. Correção ambiental dentro do experimento	27
3.5.2. Correção do ganho realizado para ano agrícola	28
3.6. Análises estatísticas	29
3.6.1. Esquema da análise de variância do experimento com linhas segregantes intercaladas com cultivares-padrão de dados originais	29
3.6.2. Esquema da análise de variância do experimento com linhas segregantes intercaladas com cultivares-padrão de dados corrigidos	32
3.6.3. Estimadores dos componentes de variância	32
3.6.4. Resposta esperada à seleção combinada	36

3.7. Estimadores dos coeficientes de herdabilidade e de variação	36
3.7.1. Herdabilidade em sentido amplo	36
3.7.2. Herdabilidade em sentido restrito	37
3.7.3. Estimadores dos coeficientes de variação	38
3.8. Estimadores da herdabilidade, das variâncias genética, ambiental e aditiva e do coeficiente de variação no “bulk”	39
3.8.1. Herdabilidade realizada de cada característica estudada	39
3.8.2. Herdabilidade em sentido restrito, utilizando-se o coeficiente de regressão pai-filho	40
3.8.3. Variância genética entre plantas (σ_G^2) e variância aditiva (σ_A^2)	41
3.8.4. Variância ambiental (σ_e^2)	42
3.8.5. Estimadores dos coeficientes de variação	42
3.9. Esquema de seleção e predição de ganhos	43
3.9.1. Seleção individual	43
3.9.1.1. Seleção	43
3.9.1.2. Resposta à seleção	43
3.9.2. Índice de seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros” ..	44
3.9.2.1. Seleção	44
3.9.2.2. Resposta à seleção	44
3.9.3. Seleção entre e dentro de famílias	46
3.9.3.1. Seleção	46
3.9.3.2. Resposta à seleção	46
3.9.4. Seleção combinada	47
3.9.4.1. Seleção	47
3.9.4.2. Resposta esperada à seleção combinada	56

3.10. Comparação dos critérios de seleção quanto ao ganho realizado	57
3.10.1. Critérios de seleção para experimento de campo no ano agrícola 1996/97	57
3.10.2. Critérios de seleção para experimento de campo no ano agrícola 1997/98	58
3.10.3. Contrastes para comparação das médias	58
3.11. Recursos computacionais	60
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	61
4.1. Características gerais da população conduzida em “bulk”	61
4.2. Características gerais da população no experimento com cultivares-padrão intercalares	66
4.2.1. Análises estatísticas e estimativas dos componentes de variância	66
4.2.2. Herdabilidade	71
4.3. Predição de ganhos na população em “bulk” e ganhos obtidos no experimento conduzido com linhas segregantes e cultivares-padrão intercalares, no ano agrícola 1996/97	76
4.4. Expectativa de ganho no experimento conduzido no ano agrícola 1996/97	81
4.4.1. Seleção entre e dentro de famílias para produção de grãos ..	83
4.4.2. Seleção combinada	85
4.4.3. Seleção individual para produção de grãos	88
4.4.4. Seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros”	92
4.5. Ganhos realizados no experimento conduzido no ano agrícola 1997/98	92
4.6. Comparação dos ganhos preditos com os obtidos experimentalmente para produção de grãos	100
4.7. Considerações finais	108
5. RESUMO E CONCLUSÕES	111
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	114

EXTRATO

REIS, Edésio Fialho, D.S., Universidade Federal de Viçosa, março de 2000.
Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Orientador: Múcio Silva Reis. Conselheiros: Cosme Damião Cruz e Tuneso Sedyama.

Utilizando-se populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) originadas de três cruzamentos ('CEPS 77-16' × 'Doko RC', 'CEPS 89-26' × 'IAC - 8' e 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina'), foram estimados os ganhos esperados nas gerações F_4 e F_5 e obtidos os ganhos realizados nas gerações F_5 e F_6 , respectivamente. As populações foram conduzidas em Viçosa, MG, nos anos agrícolas 1995/96, 1996/97 e 1997/98. Na estimativa dos parâmetros envolvidos na predição para a geração F_4 , que foi conduzida em "bulk", utilizou-se a regressão do valor do indivíduo F_4 com a média de sua progênie na geração F_5 , com a devida ponderação pelo coeficiente de parentesco dessas gerações. A estimativa dos parâmetros envolvidos na predição para geração F_5 , que foi conduzida no campo com cultivares-padrão intercalares às linhas segregantes, foi feita, utilizando-se os cultivares-padrão para estimação da variação devido às causas não-genéticas, e a seleção foi feita nos valores fenotípicos corrigidos pela variação do cultivar-padrão em relação à média de suas repetições, sendo feita a predição de ganhos com base no valor fenotípico original e corrigido. As estratégias de seleção, aplicadas à geração F_4 , foram com base em plantas

individuais, enquanto na geração F_2 , foram utilizadas estratégias com base em produção de grãos, nas quais se consideravam apenas o indivíduo, a família e, posteriormente, o indivíduo, a família e o indivíduo num índice combinado; utilizando-se simultaneamente produção de grãos, número de dias para maturação e altura de planta na maturação, o indivíduo foi usado como unidade de seleção. Nas populações conduzidas em "bulk" (geração F_4), a seleção direta na característica foi a que promoveu maior expectativa de ganho, o que também correspondeu em nível de campo, ao passo que no experimento com cultivares-padrão intercalares (geração F_5) a predição de ganhos se mostrou pouco variante quando se consideraram dados corrigidos e não-corrigidos, sendo a seleção individual a mais promissora; já em nível de campo, para ganho realizado, a estratégia de melhor "performance" foi a seleção simultânea.

REIS, Edson Galvão, D.S., Universidade Federal de Viçosa, March, 2000. Predicted and realized gains, using different selection strategies, in soybean populations (*Glycine max* (L.) Merrill). Advisor: Múcio Silva Reis. Committee Members: Cosmo Damiano Cruz and Taisei Sedyama.

Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) populations originated from three crosses ('CEPS 77-16' × 'Doko RC', 'CPES 89-26' × 'IAC-B' and 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina') were used to estimate predicted gains in F_2 and F_4 generations and to obtain realized gains in F_2 and F_4 generations, respectively. The populations were conducted in Viçosa, MG, in the agricultural years of 1995/96, 1996/97 and 1997/98. For estimation of parameters involved in prediction for the F_2 generation, which was conducted in bulk, it was utilized the regression of the F_2 individual value on the mean of its progeny in the F_3 generation, that was appropriately weighted by the genetic coefficient of those generations. The estimation of parameters involved in prediction for the F_4 generation, which was conducted in the field with the standard cultivars inserted between the segregating lines, was carried out using the standard cultivars to estimate the variation due to non-genetic causes. Selection was performed using phenotypic values that have been corrected by the standard cultivar variation in relation to the mean of its replications, and gain prediction was estimated based on the corrected and original phenotypic values. The selection strategies applied to F_2 ,

ABSTRACT

REIS, Edésio Fialho, D.S., Universidade Federal de Viçosa, March, 2000.
Predicted and realized gains, using different selection strategies, in soybean populations (*Glycine max* (L.) Merrill). Adviser: Múcio Silva Reis.
Committee Members: Cosme Damião Cruz and Tuneo Sedyama.

Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) populations originated from three crosses ('CEPS 77-16' × 'Doko RC', 'CPES 89-26' × 'IAC-8' and 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina') were used to estimate predicted gains in F_4 and F_5 generations and to obtain realized gains in F_5 and F_6 generations, respectively. The populations were conducted in Viçosa, MG, in the agricultural years of 1995/96, 1996/97 and 1997/98. For estimation of parameters involved in prediction for the F_4 generation, which was conducted in bulk, it was utilized the regression of the F_4 individual value on the mean of its progeny in the F_5 generation, that was appropriately weighted by the kinship coefficient of those generations. The estimation of parameters involved in prediction for the F_5 generation, which was conducted in the field with the standard cultivars inserted between the segregating lines, was carried out using the standard cultivars to estimate the variation due to non-genetic causes. Selection was performed using phenotypic values that have been corrected by the standard cultivar variation in relation to the mean of its replications, and gain prediction was estimated based on the corrected and original phenotypic value. The selection strategies applied to F_4

generation were based on individual plants, whereas the strategies applied to F_5 generation, based on grain yield, took into consideration only the individual, the family and, later, the individual, the family and the individual in a combined index; using at the same time grain yield, number of days for maturation and plant height at maturation, taking the individual as selection unit. For the populations conducted in bulk (generation F_4), the selection performed directly for a trait gave greater expected gain, correspondent with results in the field, whereas prediction of gains for the experiments with the inserted standard cultivars (generation F_5) has been shown little variation when corrected and non-corrected data were considered, being individual selection more promising; however, for results in the field and the realized gain, the strategy with the best performance was concurrent selection.

1. INTRODUÇÃO

A soja tornou-se uma das culturas produtoras de grãos mais importantes no Brasil nas últimas décadas, gerando divisas indispensáveis para o desenvolvimento do país. Sem dúvida alguma, um dos fatores que têm contribuído para o desenvolvimento e a expansão em diversos estados brasileiros são os programas de melhoramento conduzidos por instituições de pesquisa públicas e privadas.

O progresso genético direcionado em qualquer espécie está associado à existência de variabilidade genética, à seleção natural e, ou, artificial e ao ajuste dos genótipos aos ambientes existentes. Comprovada a variabilidade, a seleção assume grande importância no progresso genético. A seleção está associada ao acúmulo de genes favoráveis à característica em questão em determinada população e é um processo vinculado a uma constante e permanente renovação.

A possibilidade de o melhorista prever o ganho esperado pela seleção, antes mesmo que ela seja realizada, é, sem dúvida, uma das maiores contribuições da genética quantitativa (VENCOVSKY, 1969; HALLAWER e MIRANDA FILHO, 1981; RAMALHO et al., 1993). Para CRUZ e REGAZZI (1997), de acordo com a estratégia de seleção e o ganho que ela proporcionará, pode-se orientar, de maneira mais efetiva, um programa de melhoramento, bem

como predizer o sucesso do esquema seletivo adotado, decidindo, com bases científicas, quais técnicas poderiam ser mais eficazes.

Os progressos genéticos referem-se às alterações observadas nas características de interesse, percorrido um ciclo de seleção, com a recombinação e multiplicação das unidades selecionadas. Tais modificações ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção adotados. Assim, uma das atribuições mais importantes do melhorista de plantas é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações, no sentido desejado, nas características de interesse dentro de um programa de melhoramento.

VENCOVSKY (1987) enfatizou que é de grande importância o conhecimento da resposta esperada à seleção, pois permite comparar diferentes estratégias de seleção, o que dificilmente poderá ser feito na prática. Porém, salientou que essas estimativas de resposta nem sempre são exatas, pois os modelos nos quais elas se baseiam frequentemente não explicam a totalidade dos fenômenos envolvidos.

O melhorista pode predizer a resposta à seleção, usando a população de interesse, e comparar as respostas obtidas nas diferentes estratégias de seleção aplicadas à população-base (NYQUIST, 1991), podendo, assim, verificar a eficiência dessas estratégias.

Quando se trabalha com seleção em gerações precoces, um dos problemas é o confundimento entre variâncias genética e não-genética, pois, conforme salientou WEBER (1982), nas gerações F_2 , F_3 ou F_4 os genótipos são parcialmente heterozigotos. Com isso, tornam-se, na grande maioria das vezes, inconsistentes os delineamentos estatísticos que fazem uso de repetições com a finalidade de detectar as variações de causas não-genéticas. Um delineamento genético-estatístico capaz de amenizar tal problema é a utilização de pais (ou cultivares-padrão) intercalares às linhas segregantes, para que a variância não-genética seja estimada, o que minimiza a influência da variância genética presente num indivíduo nas diferentes repetições, diminuindo, assim, o confundimento do efeito da repetição com a variação genética.

No presente trabalho, utilizaram-se populações de soja, nas quais foram aplicadas diferentes estratégias de seleção, com os seguintes objetivos:

1. Determinar a variabilidade genética de três populações de soja em dois anos agrícolas.
2. Estimar parâmetros genéticos para algumas características secundárias e primárias associadas à produção de grãos.
3. Verificar a eficiência do esquema de condução das populações no campo - linhas segregantes intercaladas com cultivares-padrão - na estimativa de parâmetros úteis para seleção.
4. Predizer os progressos genéticos advindos da adoção de diferentes critérios de seleção.
5. Comparar o progresso genético predito com o realizado, bem como avaliar a eficiência da predição.
6. Indicar as melhores estratégias de seleção em populações segregantes de soja.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Delineamento experimental

Segundo GOMES (1990), a experimentação moderna deve obedecer a alguns princípios básicos, que são indispensáveis à validade de conclusões alcançadas. Esses princípios são: repetição, casualização ou aleatorização e controle local. O princípio da repetição, quando se trabalha num programa de melhoramento vegetal, em gerações iniciais, pode ser impossibilitado, devido ao fato de nessas gerações, normalmente, ter-se número restrito de sementes. Outro fato que torna inconveniente ou inconsistente a utilização de repetições nas gerações iniciais de auto-fecundação é a alta taxa de segregação, que implica diferenças genéticas significativas entre os indivíduos de determinada progênie. Com isso, devido aos tamanhos usuais de amostras na parcela, não há concordância entre efeitos genéticos das plantas entre repetições para que se possa estimar o efeito residual, ou seja, juntamente com efeito de repetições, estará também parte do efeito genético dentro de progênie, havendo, com isso, confundimento de variâncias genética e não-genética.

FINS et al. (1992) chamaram a atenção para a importância da configuração experimental no planejamento de testes genéticos, por interferir drasticamente na competição intraclasse. Conforme esses autores, a média de

famílias não se altera muito com o tipo de parcela. No entanto, dentro das parcelas, há confundimento das variâncias genética e ambiental, superestimando-se, na maioria das vezes, a variância dentro de famílias. Assim, para maior precisão e confiabilidade nos resultados dos testes, é importante que se definam previamente os objetivos pretendidos.

2.2. Componentes de variância

A primeira contribuição relacionada à estimação de componentes de variância em populações segregantes foi dada por COCKERHAM (1954), que mostrou a composição da variância genética, mesmo na presença de efeitos epistáticos. Outra contribuição foi dada por HORNER e WEBER (1956), no sentido de enriquecer as bases técnicas do trabalho inicial. Em seguida, COCKERHAM (1963) apresentou várias maneiras para estimar os componentes de variância genética, utilizando a associação de indivíduos aparentados, em gerações segregantes originadas do cruzamento de duas linhagens puras. RAMALHO e VENCOVSKY (1978) mostraram, com mais detalhes, como os componentes de variância se distribuem e podem ser explorados no melhoramento, ao longo das gerações subseqüentes de auto-fecundação (F_3 , F_4 , ...), sob diferentes tipos de controle genealógico. No trabalho desses autores, está evidenciada a aplicação do método em plantas autógamas, em que se focaliza a estimação dos componentes a partir de uma estrutura hierárquica, em que as famílias são abertas em determinada geração e as descendências apresentam correspondência com as famílias onde foram feitas as aberturas de linhas. VENCOVSKY e BARRIGA (1992) ainda mostraram que, utilizando propriedades de covariância, pode-se estimar a variância genética em apenas uma geração. Segundo esses autores, a variância genética será a covariância entre os valores fenotípicos e genotípicos. Para isso, deve-se conduzir o experimento no campo, de maneira que possa estimar o efeito ambiental e, em conseqüência, o efeito genético. Baseado nessa propriedade, podem-se conduzir o experimento no

campo, detectar o efeito ambiental presente em cada parcela e estimar o valor genotípico e, em consequência, a variância genotípica presente na população.

A essência da estimação dos componentes de variância genética, de dado caráter, é a covariância entre as plantas aparentadas. Nas autógamas, deve-se sempre estar atento para a geração da planta ancestral comum àquelas que estão sendo avaliadas no ensaio e cuja covariância se vai estimar. A covariância genética entre progênes de qualquer tipo é exatamente o mesmo que a covariância média entre as plantas, tomadas aos pares, dentro dessas mesmas progênes. Conforme enfatizou Vello (1985), citado por VENCOVSKY e BARRIGA (1992), a grandeza, ou contribuição dos vários componentes na variância genética entre progênes, depende do momento, ou geração, em que uma planta é amostrada para colher suas sementes, constituintes da progênie.

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

Para implementar uma estratégia eficiente de melhoramento genético em plantas, um dos requisitos básicos é dispor de informações precisas sobre a natureza, a magnitude e as inter-relações das variâncias genéticas e das herdabilidades nos caracteres de importância econômica (ALLARD, 1971).

A primeira partição da variância genotípica foi feita por FISHER (1918) em três componentes: variância genética aditiva, atribuída aos efeitos médios dos genes; variância devida aos desvios da dominância, atribuída às interações entre

alelos de um mesmo loco; e variância epistática, oriunda das interações entre alelos de locos diferentes.

2.3. Herdabilidades

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

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

A herdabilidade no sentido restrito pode ser usada para estimar a resposta ou ganho no processo seletivo no longo prazo, enquanto a herdabilidade no sentido amplo é sempre superior ou igual à herdabilidade no sentido restrito (HANSON e WEBER, 1962). Entretanto, na herdabilidade no sentido amplo, o genótipo é considerado a unidade de seleção em relação ao ambiente. Assim, ocorre segregação gênica, e novas combinações são formadas, podendo exibir interações intra-alélicas (efeito de dominância) e interações interalélicas (efeito epistático). Essa diferença entre os efeitos de alelos em combinação e seus efeitos médios na população são efeitos epistáticos e de dominância, sendo os efeitos epistáticos transferidos em partes e os de dominância, dependentes da nova combinação gamética. Já na herdabilidade no sentido restrito, o valor genético aditivo é considerado como a unidade de seleção em relação ao ambiente. A variância genética aditiva, que é a diferença associada aos efeitos médios dos genes, é de grande interesse para o melhorista, uma vez que os efeitos gênicos aditivos são transferidos na sua totalidade. Ainda nesse sentido, CAMACHO (1971) e NYQUIST (1991) salientaram que o valor principal da herdabilidade é quantificar o progresso que se pode obter com a seleção. Hanson (1963), citado

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

Segundo FALCONER (1987), uma função importante da herdabilidade em sentido restrito é seu papel na predição de ganhos devido à seleção, expressando-se a confiança do valor fenotípico como estimador do valor genético. No entanto, segundo esse autor, deve-se atentar para a avaliação desses coeficientes, pois maiores respostas à seleção não estão, necessariamente, associadas a caracteres de maior herdabilidade, uma vez que altos valores de herdabilidade podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena. O importante na avaliação da herdabilidade, como indicativo da predição, é saber quanto do diferencial de seleção se espera ganhar, em virtude da seleção, na geração seguinte. Assim, com caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrita associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho pela seleção.

Segundo WRICKE e WEBER (1986), a herdabilidade é também definida de maneira apropriada em termos de coeficiente de regressão. Assim, a herdabilidade é dada, no sentido restrito, pelo coeficiente de regressão dos valores genéticos (A) sobre os valores fenotípicos (P) e, no sentido amplo, pelo coeficiente de regressão dos valores genotípicos (G) sobre os valores fenotípicos (P). No entanto, somente os valores fenotípicos (P) podem ser medidos, existindo, porém, interesse no valor genético (A), sendo, assim, necessário ter o coeficiente de regressão de A sobre P para se predizer A a partir de valores de P.

Segundo ROBINSON (1963), estimativas de herdabilidades obtidas por diferentes pesquisadores e condições experimentais não devem ser comparadas, devido ao fato de fatores como tamanho da parcela, densidade populacional e número de repetições terem influência direta em sua estimativa. Para esse autor, comparações podem ser feitas, desde que as condições experimentais sejam devidamente controladas. Melhor precisão das estimativas de herdabilidades são

obtidas quando baseadas em avaliações feitas em materiais desenvolvidos sob diferentes ambientes, locais e ano (KNOW e TORRIE, 1964).

Quando o coeficiente de herdabilidade é alto, a seleção de plantas individuais nas gerações iniciais é normalmente eficaz; quando é baixo, a seleção deve ser protelada para gerações mais avançadas (ROBINSON, 1963; BRIM, 1973; FEHR, 1987).

A herdabilidade de diversas características da soja tem sido estimada, principalmente no sentido amplo, como medida de acurácia, na qual a seleção de genótipos pode ser efetuada, utilizando-se o comportamento fenotípico da unidade experimental (MAHMUD e KRAMER, 1951; JOHNSON et al., 1955; ANAND e TORRIE, 1963; GILIOLI, 1979; CAMPOS, 1979; SANTOS, 1984; BONATO, 1989, dentre outros).

MAHMUD e KRAMER (1951), avaliando produção de grãos, altura de plantas e número de dias para maturação, nas gerações F_2 , F_3 e F_4 do cruzamento das variedades de soja Lincoln e Mandarin, obtiveram estimativas de herdabilidades dos três caracteres, mediante o uso de cinco métodos diferentes. As estimativas variaram de 5,9 a 77,4% para produção de grãos, de 35,3 a 90,9% para altura de plantas e de 50,3 a 100,6% para número de dias na maturação, sendo as duas últimas características avaliadas, indicando sempre estimativas superiores à primeira, independentemente do método de estimação utilizado.

ANAND e TORRIE (1963), avaliando gerações F_3 e F_4 de três cruzamentos de soja, obtiveram estimativas de herdabilidades variando de 12 a 50% para produção, 55 a 94% para altura de plantas, 49% a mais de 100% para número de dias na floração e 51% a mais de 100% para número de dias na maturação, dependendo do método de estimação e da população utilizada.

LUEDDERS et al. (1973), em estudo de seis diferentes populações de soja, obtiveram estimativas de herdabilidades variando de 10 a 40% para produção de grãos.

CAMPOS (1979) encontrou estimativas de herdabilidades, para duas populações F_2 de soja, que variaram entre 75 e 78% para altura de planta, 89 e

90% para número de dias no florescimento e 86 a 87% para número de dias na maturação.

GILIOLI (1979), também trabalhando na geração F_2 , com quatro populações de soja, obteve as seguintes estimativas de herdabilidade: para número de dias na floração, entre 88 e 98%; para número de dias na maturação, entre 79 e 92%; para altura de plantas no florescimento, entre 73 e 87%; e para altura de plantas na maturação, entre 63 e 77%.

SANTOS (1984), estudando as gerações F_2 e F_3 de dois cruzamentos de soja, obteve estimativas de herdabilidade que variaram de 28 a 82% para número de dias no florescimento, valores negativos a 62% para altura de planta na floração, 33 a 91% para número de dias na maturação, e valores negativos a 59% para altura de planta na maturação.

MORO (1990), estudando cinco populações na geração F_2 , observou estimativas de herdabilidade que variaram de valores negativos para todos os caracteres a 89,7% para dias na floração, 59,7% para dias na maturação, 72,8% para altura de planta na floração, 73,3% para altura de planta na maturação e 11% para produção de grãos.

SANTOS (1994), estudando população F_6 do cruzamento entre as variedades FT-cometa \times IAC-8, obteve estimativas de herdabilidades de 97,56% para altura de planta na maturação, de 96,15% para número de dias na maturação e 57,68% para produção de grãos em nível de médias de famílias. Utilizando o mesmo cruzamento, REIS (1996) obteve valores de herdabilidade, em nível de indivíduo, de 81,22% para altura de planta na maturação, de 53,14% para número de dias na maturação e de 12,37% para produção de grãos.

SOUZA (1998), avaliando populações F_7 do cruzamento 'FT-cometa' \times 'IAC-8', em três ambientes diferentes, relatou que as estimativas de herdabilidade variaram de 81,38 a 87,47% para altura de planta na maturação; de 72,12 a 85,22% para número de dias na maturação; e de 42,96 a 58,81% para produção de grãos.

2.4. Resposta à seleção

O processo de evolução de qualquer espécie está embasado na existência de variabilidade genética, na seleção natural e, ou, artificial e na adaptação desses genótipos às condições dos ambientes de interesse. CRUZ et al. (1983) salientaram que, comprovada a variabilidade, a seleção assume o maior destaque no progresso genético.

Na escolha de métodos de melhoramento, levam-se em conta, geralmente, as correlações genéticas entre as características, para possibilitar a predição da alteração na média de um caráter quando se seleciona em outro ou quando o objetivo é a formulação de estratégias de seleção simultânea em vários caracteres (ROBINSON et al., 1951; VENCOVSKY, 1987; CRUZ e REGAZZI, 1997). Existem diversas modalidades de seleção, cujas diferenças nem sempre são claras, entretanto as principais, segundo PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987), estão no nível de controle parental, na existência ou não de controle de progênie e no controle ambiental.

Várias estratégias de seleção podem ser usadas, partindo-se de uma população-base. No entanto, o melhorista sempre se preocupa em usar a estratégia que promova o maior ganho por unidade de tempo e custo (PATERNIANI e CAMPOS, 1999). Com o objetivo de identificar as melhores estratégias de seleção, o melhorista dispõe de técnicas de genética quantitativa que permitem predizer quanto conseguirá de ganho na geração seguinte. Com isso, pode-se decidir por determinada estratégia, com bases científicas, tendo em vista quanto de progresso será conseguido na geração seguinte e, assim, a possibilidade de comparar diferentes estratégias de seleção, o que dificilmente poderia ser feito em experimento de campo. No entanto, essas estimativas de resposta têm o inconveniente de nem sempre serem exatas, pois os modelos nos quais elas se baseiam freqüentemente não explicam a totalidade dos fenômenos envolvidos e, na maioria das vezes, as condições ambientais do ano agrícola da predição não coincidem com as do ano agrícola em que o material foi conduzido no campo (VENCOVSKY, 1987).

Vários são os procedimentos utilizados pelo melhorista para identificar os genótipos superiores numa população. Alguns levam em conta o comportamento do indivíduo, enquanto outros se fundamentam, primeiramente, no desempenho da família e, secundariamente, na superioridade relativa dos indivíduos dentro da família. Há, também, a estratégia que utiliza, simultaneamente, as informações do indivíduo e de seus parentes, chamada de seleção combinada (FALCONER, 1987). SILVA (1982) e FALCONER (1987) citaram, ainda, que a seleção combinada é sempre superior aos métodos de seleção individual, de famílias e entre e dentro de famílias. LUSH (1964) verificou que, teoricamente, a seleção combinada proporciona resposta superior ou, no mínimo, equivalente à seleção de famílias ou à seleção massal. WEBER (1982) salientou que a resposta à seleção pode ser maximizada se toda informação obtida nos parentes for também utilizada no processo seletivo.

O progresso esperado com a seleção, utilizando-se qualquer método, é baseado em uma unidade de medida (indivíduo ou família), que é a unidade de seleção X, a qual é relacionada com alguns indivíduos Y da população melhorada.

O progresso genético é uma das tarefas mais difíceis para o melhorista de plantas, pois exige dele grande conhecimento técnico no desenvolvimento de métodos de seleção artificial para que possa garantir sucessos num programa de melhoramento. Conforme salientaram Briggs e Knowles (1967), citados por CRUZ et al. (1983), a participação direta dos efeitos ambientais na manifestação fenotípica de um indivíduo pode causar dificuldades ao melhorista quanto à eficiência da seleção.

Devido ao aspecto de interferência ambiental na manifestação fenotípica, que pode ser elevada ou não, iniciar a seleção em gerações precoces, como F₂, somente deve ser recomendado se o caráter for de fácil identificação (ADAIR e JONES, 1946; KHALIFA e QUALSET, 1975). No caso de caráter com ação gênica de difícil estimativa e reduzida herdabilidade, a intensificação da seleção artificial deveria ser protelada para gerações mais avançadas. Nesse sentido, MAHMUD e KRAMER (1951) enfatizaram que as maiores dificuldades na

avaliação de gerações precoces são: identificar os cruzamentos que proporcionam a obtenção de maior número de indivíduos segregantes superiores e avaliar a potencialidade dos segregantes de cada cruzamento.

VENCOVSKY e BARRIGA (1992) salientaram que, do ponto de vista da seleção, o que mais interessa ao melhorista é saber quanto os valores fenotípicos se prestam para representação dos valores genotípicos. Na cultura da soja, em trabalho feito por JOHNSON et al. (1955), evidenciou-se que a alta herdabilidade, em si só, tem pouca importância na predição do ganho pela seleção, sendo importante considerar o avanço genético refletido pelo grau de representatividade do valor genotípico pelo valor fenotípico.

SILVA (1980) conceituou índice de seleção como o método de classificação de indivíduos para seleção, podendo ser usado com um dos seguintes objetivos: a) encontrar combinação ótima das informações do indivíduo e, ou, de seus parentes para determinado caráter, que será usado como critério de seleção, em cuja condição se estima, portanto, o valor genético dos indivíduos para dado caráter, com base nas produções de indivíduos e de seus parentes próximos; e b) combinar, em um índice agregado, as informações de indivíduo e, ou, de seus parentes relativas a um conjunto de variáveis.

JOHNSON et al. (1955), ao predizerem o ganho em rendimento, utilizando período de frutificação e peso de sementes como característica auxiliar em soja, mostraram serem estas características para duas populações, respectivamente, 96 e 111% mais eficientes no incremento da produção do que quando a seleção era baseada apenas em produção.

BRIM et al. (1959) trabalharam com duas populações de soja na geração F_4 , avaliando seis caracteres (óleo, proteína, rendimento, acamamento, peso de sementes e período de frutificação). Verificaram que o caráter mais importante, na seleção, para incremento do conteúdo de óleo foi a utilização simultaneamente do conteúdo de óleo e do peso de sementes nas duas populações.

JINKS e POONI (1981), em trabalho com métodos de seleção em gerações precoce e tardia com *Nicotiana rustica* para altura final, verificaram que a seleção se torna mais eficiente se protelada para gerações avançadas e que a

seleção com base na família era mais eficiente do que a baseada no indivíduo, quando feita em gerações iniciais.

A seleção em gerações iniciais, principalmente individual, está na dependência da avaliação de cada indivíduo na parcela, razão por que se deve utilizar maior espaçamento para facilitar as mensurações; com isso, a seleção pode não ser favorável àqueles genótipos desejáveis (JENNINGS e HERRARA, 1968; KHALIFA e QUALSET, 1975).

THAKARE e QUALSET (1978) salientaram que se deve utilizar espaçamento maior que o comercial em gerações precoces apenas quando os caracteres a serem avaliados apresentam alta herdabilidade. Os referidos autores, trabalhando com trigo na geração F₃ e utilizando dois esquemas de seleção (seleção casual e seleção visual) para comparar quatro estratégias de seleção (seleção individual; seleção dentro da família, em que a melhor planta dentro da família é selecionada; seleção da família; e seleção combinada da família e dentro da família), verificaram que a seleção visual sempre promoveu mais ganho do que a seleção casual e que o maior ganho comparativo foi obtido quando se utilizou a combinação da família e do indivíduo dentro da família com a seleção visual.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1997), o alto grau de variabilidade genética entre progênies indica que métodos de melhoramento simples podem ser aplicados, proporcionando ganhos consideráveis na seleção. Segundo eles, outros parâmetros que proporcionam situação muito favorável à seleção são as altas estimativas de herdabilidade e a relação CV_g/CV_e superior à unidade.

2.4.1. Seleção entre e dentro de famílias

Segundo PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987), o processo de seleção de famílias começou por volta de 1840, quando se percebeu que nem sempre as melhores plantas eram aquelas que produziam progênies superiores. Verificou-se, então, que a seleção de indivíduos superiores provenientes de

famílias superiores garantiria maior sucesso no processo seletivo, o que se tornou conhecido como “seleção entre e dentro de famílias”.

Esta modalidade de seleção consiste, numa primeira etapa, em selecionar ou rejeitar famílias inteiras, levando em conta o desvio do valor da família em relação ao valor fenotípico médio da população, sendo dado peso zero para o indivíduo. Uma vez fixadas as famílias selecionadas, efetua-se a seleção dentro delas, levando em conta o desvio do valor fenotípico de cada indivíduo em relação ao valor médio da população à qual ele pertence; aqueles indivíduos de mais alto valor fenotípico são tidos como superiores (PEDERSON, 1969a,b; SILVA, 1982; FALCONER, 1987).

Segundo SEDIYAMA (1981), em soja, a seleção entre e dentro de famílias deve ser praticada nas gerações F_3 e F_4 . A partir das gerações F_5 ou F_6 , as linhagens já apresentam boa uniformidade, em razão de a maioria dos locos se encontrarem em homozigose, tornando-se mais importante a intensificação da seleção entre famílias.

REIS (1996), trabalhando com uma população de soja na geração F_6 , verificou que a utilização da informação do indivíduo dentro da família pouco acrescentava à expectativa de ganho, devido à menor variação genética nessa unidade de seleção em tal geração, o que expressa menor confiabilidade do valor fenotípico como guia do valor genético quando se detecta variabilidade fenotípica.

2.4.2. Seleção combinada

Segundo SILVA (1982), a seleção combinada é feita, utilizando-se um índice, o qual contém, em si, a contribuição genética da família e do indivíduo dentro da família, levando-se em conta determinada característica. Há, portanto, a necessidade de se estimarem pesos apropriados para os desvios da média da família em relação à média da população e para os desvios dos valores fenotípicos dos indivíduos em relação às médias das famílias a que pertencem.

FALCONER (1987) salientou que, embora a seleção combinada seja tão eficiente, igual ou superior a todos os outros métodos de seleção (seleção de família, dentro de família e individual), sua superioridade será maior nas situações em que se tenham famílias grandes com correlação (r) entre seus membros de 0,25 ou 0,75; mesmo assim, sua superioridade não será muito maior que 10%. Quando se têm famílias de dois indivíduos e correlação (r) de 0,875, sua superioridade chega a 20%, portanto ficando muito restritas às circunstâncias em que a seleção combinada apresenta maior superioridade.

LUSH (1964) apresentou os princípios básicos da seleção combinada com base no mérito da família e do indivíduo, em que verificou que a seleção pelo índice de seleção combinada é, teoricamente, no mínimo equivalente à seleção apenas de famílias ou massal. Segundo esse autor, a resposta será maior sempre que a correlação fenotípica intraclasse (t) for menor que a correlação genética intraclasse (r), porém maior que zero.

MORAIS (1992) e REIS (1996) utilizaram delineamentos com repetições, por isso consideraram o desvio do indivíduo em relação à média da parcela em que foi avaliado. Segundo eles, tal procedimento evita a incorporação no índice do efeito de repetição.

FURTADO (1996) trabalhou com índice de seleção combinado em ensaio de avaliação de progênies de milho obtidas conforme o delineamento I, atribuído a famílias de fêmeas e não a indivíduos. Esse índice contém informação da família de macho e da família de fêmeas dentro da família de macho.

PIRES (1996) utilizou, em seu trabalho com *Eucalyptus*, um índice de seleção combinado alternativo, em que eram considerados o valor da família e o desvio do indivíduo em relação à média do bloco onde ele se encontrava.

REIS (1996), utilizando seleção combinada para produção de grãos em uma população F_6 de soja, verificou que, devido à pequena variação dentro da família em tal geração, o peso dado ao desvio do indivíduo em relação à média da família foi praticamente nulo, tornando, assim, a magnitude do índice função do peso dado ao desvio da média da parcela em relação à média geral.

2.4.3. Seleção individual

Seleção individual, que também pode ser denominada seleção massal, refere-se à forma mais simples de seleção, que consiste na escolha dos indivíduos fenotipicamente superiores que proporcionem sementes no estabelecimento da próxima geração. FALCONER (1987) salientou, entretanto, que o termo seleção massal deve ser empregado quando os indivíduos selecionados são colocados para se cruzarem em massa, como ocorre em espécies de polinização livre, enquanto seleção individual é um termo mais apropriado quando os acasalamentos são controlados.

Segundo PATERNIANI e MIRANDA FILHO (1987), na seleção massal em milho, têm-se reduzidos controles parental e ambiental. Apesar disso, ressaltaram que essa estratégia de seleção tem contribuído significativamente para originar grande variedade de tipos e raças, ao longo de centenas de gerações. Os referidos autores atribuíram o insucesso da seleção massal em milho, nos dias atuais, aos seguintes fatores: dificuldades de identificar genótipos superiores pelo aspecto fenotípico dos indivíduos; seleção muito rigorosa em populações pequenas, bem como amostragem deficiente, levando à endogamia muito rápida e à perda de vigor; polinização não-controlada, de tal forma que a população sob seleção receba pólen de plantas estranhas de outras populações adjacentes; e esgotamento da variabilidade genética aditiva. No entanto, na soja, o controle parental não é problema, pois é o ambiente que afeta, com maior intensidade, o insucesso dessa modalidade de seleção.

Segundo MALLMANN et al. (1994), o sistema de seleção planta/planta ou individual é muito utilizado pelos melhoristas de plantas autógamas. É um método baseado exclusivamente na seleção artificial dos indivíduos, que normalmente é feita a partir da primeira geração segregante (F_2), proporcionando rápido avanço no sentido da homozigose sem a ação dos efeitos da seleção natural. No entanto, para caracteres de alta herdabilidade, a seleção individual é recomendável, pois a representatividade do valor genético pelo fenótipo propicia

ao melhorista maior probabilidade de obtenção de indivíduos, na geração seguinte, mais próximos ao selecionado.

2.4.4. Índice de seleção

Com a necessidade de realizar seleção para um conjunto de características de interesse, visando a ganhos no sentido favorável em todas elas simultaneamente, tornou-se importante a implementação de critérios que não fossem baseados apenas em uma característica. Surgiu, portanto, o índice de seleção, que inicialmente foi introduzido no melhoramento vegetal por SMITH (1936) e no melhoramento animal por HAZEL (1943). Dessa época até os dias atuais, várias alterações foram propostas com o intuito de tornar a técnica mais adequada a uma particular situação, como também visando torná-la de fácil utilização (KEMPTHORNE e NORDSKOG, 1959; WILLIAMS, 1962; ELSTON, 1963; PESEK e BAKER, 1969; MULAMBA e MOCK, 1978, dentre outros).

MILAGRES (1981) e SILVA (1982) referiram-se ao índice de seleção como sendo uma combinação de todas as características em apenas um índice (número), para cada indivíduo, praticando a seleção sobre os valores do índice e avaliando as respostas indiretas esperadas nas características originais. Portanto, o índice de seleção pode ser considerado um “supercaráter”, que contém informações das características de interesse e que, para determinado conjunto de dados, fornece a melhor conformação em termos de ganhos genéticos nas características sob seleção, dentro das propriedades inerentes ao índice em consideração.

Dentre as várias propostas de índice de seleção disponíveis na literatura está aquela apresentada por ELSTON (1963), intitulada índice “livre de pesos” e “livre de parâmetros”. O princípio de formulação desse índice pode ser descrito de maneira resumida, ou seja, num grupo de caracteres que apresentam as medidas fenotípicas X_j ($j = 1, 2, \dots, n$), são estabelecidos pelo melhorista valores K_j ($j = 1, 2, \dots, n$) mínimos (ou máximos) para cada caráter, podendo, assim, ser calculados valores W_j ($j = 1, 2, \dots, n$) através da subtração do valor fenotípico X_j

pelo valor K_j correspondente, considerando-se como nulo o valor de W_j toda vez que X_j não estiver de acordo com os níveis K_j preestabelecidos. O índice é calculado pela multiplicação dos valores W_j encontrados para os diferentes caracteres avaliados. Esse índice é caracterizado pela ausência da necessidade de estimação das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas, bem como pelo estabelecimento de pesos econômicos relativos aos vários caracteres (CRUZ e REGAZZI, 1997), o que o torna de fácil estabelecimento e utilização. LIN (1978) considerou que, na prática, esse índice é um algoritmo para o método dos níveis independentes de eliminação. BAKER (1974) recomendou a utilização do índice apresentado por Elston quando as características sob seleção têm igual importância.

CRUZ e REGAZZI (1997), avaliando o peso de 100 sementes (P_e), porcentagem de germinação (G) e vigor de sementes (V) em cenoura, mediante o uso de alguns índices de seleção, observaram que o índice "livre de pesos" e "livre de parâmetros" foi o que proporcionou maior ganho para o caráter P_e e, quando comparado à seleção direta neste caráter, mostrou-se vantajoso por apresentar resultados também satisfatórios nos caracteres G e V .

CR1 = CEPS 77-16 x Duko RC - geração F₁ com 204 plantas;

CR2 = CEPS 89-26 x IAC-8 - geração F₁ com 190 plantas; e

CR3 = CEPS 89-26 x FT-Cristalina - geração F₁ com 187 plantas.

As variedades CEPS 77-16 e CEPS 89-26 foram desenvolvidas para a Região Sul do Brasil, enquanto as variedades Duko RC, IAC-8 e FT-Cristalina o foram para o Brasil-Central.

3.2. Primeira fase - Colheita, avaliação e seleção no "bulk"

3.2.1. Colheita e avaliação

As plantas F_4 , para cada cruzamento referido anteriormente, cultivadas no campo experimental do Programa de Melhoramento de Soja da UFV, na localidade denominada "Fundo", foram colhidas no estádio R_7 . Após a colheita, foram transportadas para o laboratório de preparo do programa de soja, e cada planta foi submetida à

3. MATERIAL E MÉTODOS

Número de nós na haste principal (NNM) - número de nós contados na haste principal, a partir do nó unifloro.

Altura (APM) - altura, em centímetros, do nível do solo até o ápice do nó de haste principal.

3.1. Material experimental

Este trabalho foi conduzido nos anos agrícolas 1995/96, 1996/97 e 1997/98, como parte do Programa de Melhoramento de Soja do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), a partir da colheita, avaliação e seleção de plantas, no ano agrícola 1995/96, que se encontravam na geração F_4 , conduzida em "bulk" por pesquisadores desse programa. Os cruzamentos, a respectiva geração e o número de plantas colhidas do "bulk" foram os seguintes:

CR1 - 'CEPS 77 - 16' × 'Doko RC' - geração F_4 com 201 plantas;

CR2 - 'CEPS 89 - 26' × 'IAC - 8' - geração F_4 com 160 plantas; e

CR3 - 'CEPS 89 - 26' × 'FT - Cristalina' - geração F_4 com 117 plantas.

As linhagens CEPS 77-16 e CEPS 89-26 foram desenvolvidas para a Região Sul do Brasil, enquanto as variedades Doko RC, IAC 8 e FT-Cristalina o foram para o Brasil-Central.

2. Seleção das plantas mais produtivas (porcentagem de seleção de 10%).

3. Seleção das plantas mais altas (porcentagem de seleção de 10%).

3.2. Primeira fase - Colheita, avaliação e seleção no “bulk”

3.2.1. Colheita e avaliação

As plantas F₄, para cada cruzamento referido anteriormente, cultivadas no campo experimental do Programa de Melhoramento de Soja da UFV, na localidade denominada “Fundão”, foram colhidas no estágio R₈. Após a colheita, foram transportadas para o laboratório de preparo do programa de soja, e cada planta foi submetida à avaliação dos seguintes caracteres:

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

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

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

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

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

3.2.2. Seleção

Obtidas as médias dos caracteres avaliados, para cada cruzamento, a seleção foi realizada, utilizando-se as seguintes estratégias:

1. Seleção pelo índice “livre de pesos” e “livre de parâmetros”, utilizando-se simultaneamente a média das características avaliadas como limite mínimo de seleção.
2. Seleção das plantas mais produtivas (porcentagem de seleção de 10%).
3. Seleção das plantas mais altas (porcentagem de seleção de 10%).

4. Seleção das plantas mais baixas (porcentagem de seleção de 10%).

Houve sobreposição de indivíduos selecionados nas diferentes estratégias.

3.3. Segunda fase - Experimento de campo com abertura de linhas para cada planta selecionada no "bulk"

3.3.1. Instalação e condução no campo com abertura de linhas

Esta fase foi conduzida em condições de campo, na área denominada Campo Experimental Prof. Diogo Alves de Mello, da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais, no ano agrícola 1996/97.

Viçosa localiza-se na Zona da Mata mineira, a uma latitude de 20° 45' S, altitude de 650 m, fotoperíodo de 10 horas e 56 minutos em dias curtos e de 13 horas e 21 minutos em dias longos, com precipitação anual de 1.342 mm.

O solo foi preparado por meio de uma aradura e duas gradagens. A adubação foi feita no suco de plantio, aplicando-se 70 kg/ha de P_2O_5 e 35 kg/ha de K_2O . Foram feitas capinas para o controle de plantas daninhas e pulverizações com inseticidas para controle de pragas, sempre que necessário.

A constituição experimental no campo foi a de linhas com cultivares-padrão intercalados, devido à segregação em gerações iniciais e ao pequeno número de sementes, o que impossibilitava a utilização de delineamentos estatísticos com repetição. O esquema experimental foi o seguinte: iniciando cada cruzamento, foram distribuídas na linha sementes de um dos cultivares-padrão e, a seguir, cinco linhas com sementes originadas do cruzamento (progênie de uma planta selecionada); na linha seguinte (7ª linha), foram distribuídas sementes do outro cultivar-padrão e, a seguir, cinco linhas do cruzamento; na linha seguinte (13ª linha), repetiu-se novamente o cultivar-padrão inicial, e assim sucessivamente até terminarem todas as plantas selecionadas. Foram utilizados como cultivares-padrão um dos parentais e o cultivar BR 16,

este como substituto das linhagens CEPS 77-16 e CEPS 89-26, devido à não-disponibilidade de sementes dessas linhagens e ao fato de a 'BR 16' apresentar características agrônômicas semelhantes às das linhagens.

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

3.3.2. Avaliação e colheita

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

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

- Número de dias para florescimento (NDF) - contados a partir da semeadura até a abertura da primeira flor.
- Altura da planta no florescimento (APF) - altura, em centímetros, do nível do solo até o último nó da haste principal, por ocasião da abertura da primeira flor.
- Número de nós no florescimento (NNF) - contados na haste principal, após o nó cotiledonar, por ocasião da abertura da primeira flor.
- Número de dias para maturação (NDM) - contados a partir da semeadura até que 95% das vagens atingissem a coloração típica de maturação (estádio R8 da escala de FEHR et al., 1971).
- Altura da planta na maturação (APM) - altura, em centímetros, do nível do solo até o último nó da haste principal, por ocasião da maturação.
- Número de nós na maturação (NNM) - número de nós contados na haste principal, a partir do nó cotiledonar, na época da maturação.

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

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

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

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

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

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

3.3.3. Quantificação do ganho realizado

Foram identificadas as linhas originadas de cada estratégia de seleção e obtidas as médias de todas as características na população melhorada. Pela diferença entre a média da população melhorada, obtida em cada estratégia de seleção, e a média original da população antes da seleção, obteve-se o ganho realizado por estratégia.

O ganho realizado em nível de experimento foi conseguido pela diferença entre a média geral no experimento de campo de 1996/97 e a média geral no "bulk", nas características avaliadas.

3.3.4. Predição de ganhos no "bulk"

Para predição de ganhos no "bulk", foi necessário estimar os parâmetros associados à predição. Para tal, utilizou-se a regressão pai-filho, conforme

SMITH e KINMAN (1965), uma vez que não se dispunha de delineamento estatístico apropriado. A metodologia de estimação desses parâmetros está descrita no item 3.8.

3.3.5. Comparação das estratégias

Após a colheita, efetuaram-se as análises genético-estatísticas, e as plantas foram agrupadas de acordo com a estratégia de seleção a que pertenciam.

A comparação dessas estratégias foi feita por meio de contrastes entre grupos de médias que pertenciam à mesma estratégia. O procedimento de comparação está mostrado no item 3.10.

3.4. Terceira fase - Seleção, predição de ganhos, condução no campo, avaliação, colheita e obtenção do ganho realizado, no experimento do ano agrícola 1997/98

3.4.1. Seleção

Após as análises genético-estatísticas dos dados obtidos no ano agrícola 1996/97, procedeu-se à seleção dos melhores genótipos de acordo com as estratégias utilizadas. Os procedimentos de seleção tiveram como princípio a utilização de estratégias que se baseassem apenas no indivíduo, na família e, posteriormente, no indivíduo e na família e, simultaneamente, no indivíduo como unidade de seleção, tendo como característica a ser melhorada a produção de grãos. Foi também utilizada outra estratégia de seleção, que levava em conta valores mínimos de produção juntamente com número de dias e altura de plantas na maturação. Todos os procedimentos de seleção foram efetuados sobre os dados corrigidos pelo fator de correção ambiental, obtido da variação dos cultivares-padrão. A metodologia de obtenção do fator de correção ambiental está apresentada no item 3.5.1.

As estratégias de seleção utilizadas nas populações (F_5) dos três cruzamentos e o número de indivíduos selecionados em cada uma delas foram os seguintes:

3.4.2. Predição de grãos

i) Seleção entre e dentro de famílias para produção de grãos: os percentuais de famílias selecionadas de acordo com o cruzamento corresponderam aos seguintes: CR1 = 26,4%, CR2 = 35,8% e CR3 = 44,5%; foram selecionados 33,4% dos melhores indivíduos de cada família superior. Assim, selecionaram-se 40 indivíduos por cruzamento, o que foi fixado para as demais estratégias.

ii) Seleção combinada: foram selecionados os 40 indivíduos que apresentaram os maiores valores genéticos obtidos da combinação entre o desvio do indivíduo em relação à média da família e o desvio da média da família em relação à média geral para produção de grãos.

iii) Seleção individual para produção de grãos: 40 indivíduos foram selecionados, desconsiderando-se a informação da família, ou seja, os 40 indivíduos mais produtivos.

iv) Seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros”: foram selecionados 40 indivíduos, considerando-se número de dias para maturação (NDM), altura de planta na maturação (APM) e produção de grãos (PRO) como características da seleção simultânea. Os limites de seleção corresponderam a: NDM superior a 125 dias, APM superior a 65 centímetros e PRO acima da média.

Os 40 indivíduos selecionados por estratégia de seleção corresponderam a diferentes porcentagens de seleção, devido ao tamanho diferenciado das populações. Esse número de indivíduos selecionados corresponde às seguintes porcentagens de seleção por cruzamento: CR1: 8,772%, CR2: 11,905% e CR3: 14,815%. Houve, portanto, sobreposição de indivíduos nas diferentes estratégias de seleção, o que resultou numa população selecionada com os seguintes números de indivíduos: CR1: 84, CR2: 81 e CR3: 75.

Toda seleção nessa fase foi feita com base nos dados corrigidos para efeito ambiental.

3.4.2. Predição de ganhos

O ganho predito para cada estratégia de seleção foi estimado, sendo avaliada a magnitude de resposta quanto às estratégias utilizadas. A metodologia para predição de ganhos em cada estratégia de seleção está apresentada no item 3.9.

3.4.3. Condução no campo, avaliação e colheita

A condução do experimento no campo foi feita no ano agrícola 1997/98. Plantio, preparo do solo, tratos culturais e caracteres avaliados seguiram os mesmos procedimentos adotados no experimento do ano agrícola 1996/97.

3.4.4. Quantificação dos ganhos realizados

Foram identificadas as linhas originadas de cada estratégia de seleção e obtidas as médias de todas as características avaliadas no experimento de campo. Pela diferença entre a média obtida por cada estratégia de seleção e a média original da população, obteve-se o ganho por estratégia.

3.5. Fator de correção ambiental

3.5.1. Correção ambiental dentro do experimento

A correção dos dados para efeito ambiental, nos experimentos conduzidos nos anos agrícolas 1996/97 e 1997/98, foi feita, utilizando-se como fator de correção a variação nos valores de cada cultivar-padrão em relação à média geral dos cultivares-padrão para dada característica, sendo o experimento

no campo conduzido de forma que, a cada cinco linhas segregantes, um dos cultivares-padrão fosse plantado.

A matriz composta pelos fatores de correção, para cada característica, foi obtida da seguinte forma:

- Obteve-se a média geral, em relação a cada cultivar-padrão.
- Obteve-se a média de cada repetição em cada cultivar-padrão.
- O fator de correção foi obtido pela subtração da média da repetição do cultivar-padrão 1, ou do cultivar-padrão 2, pela correspondente média geral.

O número de linhas da matriz de correção foi igual à soma do número de repetições dos cultivares-padrão. A correção foi feita pela subtração do fator de correção na repetição k do cultivar-padrão z pelo valor das três linhas segregantes anteriores e das duas linhas posteriores à repetição k do padrão z, ou seja:

$$V_{Cij} = V_{Oij} - F_{Czk}$$

em que

V_{Cij} = valor corrigido para o indivíduo j dentro da linha segregante i;

V_{Oij} = valor observado do indivíduo j na linha i; e

F_{Czk} = fator de correção originado do cultivar-padrão z, na repetição k.

3.5.2. Correção do ganho realizado para ano agrícola

Devido ao fato de a variação ambiental de ano para ano ser um fator capaz de mascarar as comparações feitas para eficiência da predição de ganhos, foi utilizada neste trabalho a correção de cultivares-padrão no ano agrícola da predição e no ano agrícola da obtenção do ganho conseguido nos experimentos em que foram utilizados delineamentos com cultivares-padrão intercalares.

A correção foi feita da seguinte forma: para cada característica avaliada quanto aos ganhos preditos e realizados, foi obtida a média dos cultivares-padrão no ano agrícola da predição e no da obtenção do ganho realizado. Obteve-se um coeficiente pela relação entre a média dos cultivares-padrão no ano da predição e a média daqueles no ano da obtenção do ganho realizado. Esse coeficiente foi utilizado para corrigir as médias de cada característica por estratégia de seleção, quanto ao ganho realizado, tornando, assim, a comparação menos influenciada pelo fator ano agrícola.

3.6. Análises estatísticas

3.6.1. Esquema da análise de variância do experimento com linhas segregantes intercaladas com cultivares-padrão de dados originais

Inicialmente, foram realizadas análise de variância de cada uma das características avaliadas. O modelo estatístico básico adotado para cada característica foi o seguinte:

$$Y_{ij} = \mu + t_i + p_{ij} + e_i$$

em que

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

μ = média populacional;

t_i = efeito do i -ésimo tratamento (família segregante), sendo $t_i \sim NID(0, \sigma_t^2)$, com $i = 1, 2, \dots, n$;

t_i = efeito da i -ésima repetição (cultivar-padrão), sendo $t_i \sim NID(0, 0)$, com $i = 1, 2, \dots, k$;

P_{ij} = efeito da j -ésima planta dentro do i -ésimo tratamento (família segregante), sendo $p_{ij} \sim NID(0, \sigma_w^2)$, com $j = 1, 2, \dots, p$;

P_{ij} = efeito da j-ésima planta dentro da i-ésima repetição (cultivar-padrão), sendo $p_{ij} \sim NID(0, \sigma_{ew}^2)$, com $i= 1,2,\dots,k$ e $j= 1, 2,\dots, p$; e e_i = efeito ambiental do i-ésimo tratamento, sendo $e_i \sim NID(0, \sigma_e^2)$.

Obs.: t_i , e_i e P_{ij} são independentes; NID: normal e independentemente distribuído.

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

Quadro 1 - Esquema da análise de variância de cada característica

Fonte de variação	GL	QM	Variâncias
Família	f-1	QM ₁	$\sigma_{Fe}^2 = \sigma_{Ge}^2 + \sigma_e^2$
Padrão 1	$n_1 - 1$	QM ₂	σ_{ep1}^2
Padrão 2	$n_2 - 1$	QM ₃	σ_{ep2}^2
Erro entre	$n_1 + n_2 - 2$	QM ₄	σ_e^2
Planta/F	$(p-1)f$	QM ₅	$\sigma_{Fw}^2 = \sigma_{Gw}^2 + \sigma_{ew}^2$
Planta/padrão 1	$(p-1)n_1$	QM ₆	σ_{wp1}^2
Planta/padrão 2	$(p-1)n_2$	QM ₇	σ_{wp2}^2
Erro dentro	$(n_1 + n_2)(p-1)$	QM ₈	σ_{ew}^2

f = número de famílias segregantes, n_1 = número de repetições do padrão 1, n_2 = número de repetições do padrão 2 e p = número de plantas por linha.

Considerando os cultivares-padrão utilizados como linhas puras, tem-se que a média da variância entre plantas dentro das linhas nos cultivares (σ_{ew}^2) pode ser atribuída a efeitos de natureza não-genética dentro de famílias. A variância média entre linhas dos dois cultivares-padrão (σ_e^2) pode ser atribuída a efeitos de natureza não-genética entre famílias. O σ_{Fe}^2 e o σ_{Fw}^2 são as variâncias de naturezas genética e não-genética em nível de médias de famílias e dentro de famílias, respectivamente.

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

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

em que

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

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

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

em que

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

3.6.2. Esquema da análise de variância do experimento com linhas segregantes intercaladas com cultivares-padrão de dados corrigidos

O esquema de análise foi o mesmo aplicado aos dados originais (item 3.6.1), sendo, portanto, estimadas as variâncias fenotípicas entre famílias e dentro delas, com base nos dados corrigidos da variação dos cultivares-padrão. A variação genética é a mesma utilizada nos dados originais. Portanto, a partir desse ponto, serão apresentadas apenas as estimativas com base nos dados originais, uma vez que o procedimento para dados corrigidos foi similar.

3.6.3. Estimadores dos componentes de variância

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

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

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

$$\hat{\sigma}_{Fe}^2 = \frac{1}{f-1} \left[\sum_{i=1}^f \bar{Y}_i^2 - \frac{1}{f} \left(\sum_{i=1}^f \bar{Y}_i \right)^2 \right] \text{ associada a } f-1 \text{ graus de liberdade}$$

em que

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

f = número total de famílias avaliadas.

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

- dentro da i -ésima família:

$$\hat{\sigma}_{Fwi}^2 = \frac{1}{p-1} \left[\sum_{j=1}^p Y_{ij}^2 - \frac{1}{p} \left(\sum_{j=1}^p Y_{ij} \right)^2 \right], \text{ associada a } p-1 \text{ graus de liberdade.}$$

- variação fenotípica dentro (média):

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

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

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

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

em que

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

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

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

As variâncias ambientais dentro de famílias foram estimadas a partir das variâncias dentro das repetições das gerações P₁ e P₂, ou seja:

Variância genotípica dentro de família ($\hat{\sigma}_{ew}^2$)

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

$$\bar{\sigma}_{wp1}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_1} gl_{1i} \hat{\sigma}_{wlip1}^2}{\sum_{i=1}^{k_1} gl_{1i}} \quad \text{e} \quad \bar{\sigma}_{wp2}^2 = \frac{\sum_{i=1}^{n_2} gl_{2i} \hat{\sigma}_{wlip2}^2}{\sum_{i=1}^{k_2} gl_{2i}}$$

Variância genética aditiva e devido à dominância

em que

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

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

gl_{1i} e gl_{2i} são graus de liberdade para a i-ésima linha do padrão 1 e padrão 2, respectivamente; e

n_1 e n_2 são número de repetições do padrão 1 e padrão 2, respectivamente.

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

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

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

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

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

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

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

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

- Variância genética aditiva e devido à dominância

De posse das estimativas das variâncias referidas nos itens anteriores, por estar trabalhando com famílias endogâmicas derivadas de populações resultantes do cruzamento entre dois genitores contrastantes, foi possível estimar as variâncias aditiva (σ_A^2) e causada pelos desvios da dominância (σ_D^2), conforme mostrado no Quadro 2, no qual se mostra a decomposição da variância genética total (σ_{GT}^2) de acordo com as duas componentes (σ_A^2 e σ_D^2) e o coeficiente de endogamia I_n (RAMALHO e VENCOVSKY, 1978; FALCONER, 1987). Foi considerado o coeficiente de endogamia na geração F_3 igual a $\frac{1}{2}$.

Quadro 2 - Decomposição da variância genética total em componentes devido à variação entre famílias e dentro de famílias

Fonte de variação	Variância genética	Componentes
Entre famílias	σ_{Ge}^2	$2I_n\sigma_A^2 + I_n(1 - I_n)\sigma_D^2$
Dentro de famílias	σ_{Gw}^2	$(1 - I_n)\sigma_A^2 + (1 - I_n)\sigma_D^2$
Total	σ_{GT}^2	$(1 + I_n)\sigma_A^2 + (1 - I_n^2)\sigma_D^2$

Assim, tem-se

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

e

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

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

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

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

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

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

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

3.7. Estimadores dos coeficientes de herdabilidade e de variação

3.7.1. Herdabilidade em sentido amplo

- Herdabilidade entre famílias

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

- Herdabilidade dentro de famílias

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

- Herdabilidade em nível de indivíduo

$$h_{AI}^2 = \frac{\sigma_{GTotal}^2}{\sigma_{FTotal}^2}$$

3.7.2. Herdabilidade em sentido restrito

- Herdabilidade entre famílias

$$h_{Re}^2 = \frac{2I_n\sigma_A^2}{\sigma_{Fe}^2}$$

- Herdabilidade dentro de famílias

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

- Herdabilidade em nível de indivíduo

$$h_{RI}^2 = \frac{(1 + I_n)\sigma_A^2}{\sigma_{FTotal}^2}$$

3.7.3. Estimadores dos coeficientes de variação

- Coeficiente de variação experimental

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

em que

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

- Coeficiente de variação fenotípico

$$CV_f(\%) = \frac{\hat{\sigma}_{Ftotal}}{\bar{X}} \times 100 = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Fe}^2 + \hat{\sigma}_{Fw}^2}}{\bar{X}} \times 100$$

- Coeficiente de variação genético

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

- Coeficiente de variação genético associado às variações entre famílias

$$CV_{Ge}(\%) = \frac{\hat{\sigma}_{Ge}}{\bar{X}} \times 100$$

- Coeficiente de variação genético dentro de famílias

$$CV_{Gd}(\%) = \frac{\hat{\sigma}_{Gw}}{\bar{X}} \times 100$$

- Coeficiente de variação ambiental entre famílias

$$CV_e(\%) = \frac{\hat{\sigma}_e}{\bar{X}} \times 100$$

- Coeficiente de variação ambiental dentro de famílias

$$CV_{ed}(\%) = \frac{\hat{\sigma}_{ew}}{\bar{X}} \times 100$$

3.8. Estimadores da herdabilidade, das variâncias genética, ambiental e aditiva e do coeficiente de variação no "bulk"

3.8.1. Herdabilidade realizada de cada característica estudada

Considerou-se que

$$GS = DS \times h^2$$

$$\bar{X}_M - \bar{X}_O = (\bar{X}_S - \bar{X}_O)h^2; \text{ logo,}$$

$$h^2 = \frac{(\bar{X}_M - \bar{X}_O)}{(\bar{X}_S - \bar{X}_O)}$$

em que

h^2 = herdabilidade no sentido amplo, da característica em estudo, na população original;

\bar{X}_M = média da população melhorada;

\bar{X}_O = média da população original; e

\bar{X}_S = média dos indivíduos selecionados.

3.8.2. Herdabilidade em sentido restrito, utilizando-se o coeficiente de regressão pai-filho

A regressão pai-filho consiste na avaliação dos dados da característica de interesse em determinada geração com a posterior, obtendo-se, assim, a estimativa do coeficiente de regressão b , o qual representa a estimativa da herdabilidade em sentido restrito (SMITH e KINMAN, 1965). Segundo esses autores, deve ser efetuada uma correção nos valores do coeficiente de regressão quando se trabalha com gerações de auto-fecundação, sendo, portanto, utilizada a seguinte expressão:

$$h_R^2 = \frac{\hat{b}}{2r_{xy}}$$

em que

h_R^2 = estimador da herdabilidade em sentido restrito;

\hat{b} = estimador do coeficiente de regressão da média das linhas da geração filial (F_{t+1}), em relação às plantas selecionadas da geração paternal (F_t); e

r_{xy} = coeficiente de parentesco entre as gerações.

O coeficiente de parentesco corresponde a

$$r_{xy} = \frac{1}{2}(1 + I_x),$$

em que

I_x é o coeficiente de endogamia da geração paternal.

3.8.2 Segundo FALCONER (1987), o coeficiente de parentesco corresponde ao coeficiente de endogamia da geração filial. No presente trabalho, foi adotado o valor $I_x = 1/2$ para a geração F_3 , levando-se em conta que na geração F_2 $I_x = 0$, pois a população estava em equilíbrio de Haddy-Weinberg e não submetida à seleção. Assim, o valor da herdabilidade na geração F_4 foi estimada de acordo com o seguinte estimador:

$$h_R^2 = \frac{8\hat{b}}{14}$$

3.8.3. Variância genética entre plantas (σ_G^2) e variância aditiva (σ_A^2)

$$h_A^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2}$$

$$\sigma_G^2 = h_A^2 \times \sigma_F^2$$

$$h_R^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$$

$$\sigma_A^2 = h_R^2 \times \sigma_F^2$$

em que

- h_A^2 = herdabilidade em sentido amplo, em nível de indivíduo;
- h_R^2 = herdabilidade em sentido restrito, em nível de indivíduo;
- σ_G^2 = variância genética total, em nível de indivíduo;
- σ_F^2 = variância fenotípica, em nível de indivíduo; e
- σ_A^2 = variância genética aditiva.

3.8.4. Variância ambiental (σ_e^2)

$$\hat{\sigma}_F^2 = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2$$

$$\hat{\sigma}_e^2 = \hat{\sigma}_F^2 - \hat{\sigma}_G^2$$

3.8.5. Estimadores dos coeficientes de variação

- Coeficiente de variação fenotípico entre plantas no experimento

$$CV_F(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_F^2}}{\bar{X}}$$

em que

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

- Coeficiente de variação genético aditivo entre plantas

$$CV_g(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2}}{\bar{X}}$$

- Coeficiente de variação experimental

$$CV_e(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\bar{X}}$$

3.9. Esquema de seleção e predição de ganhos

3.9.1. Seleção individual

3.9.1.1. Seleção

A seleção individual, utilizada na obtenção dos indivíduos para experimento de campo de 1996/97, foi feita diretamente em altura de planta e produção, sendo utilizados, para isso, os dados obtidos na geração conduzida em "bulk", geração F_4 , no ano agrícola 1995/96. Já nos indivíduos selecionados para experimento de campo de 1997/98, com base nos dados obtidos no ano agrícola anterior (1996/97), utilizou-se apenas a produção como característica a ser selecionada, e foi desconsiderada toda a informação dentro de família, sendo, portanto, a seleção feita em nível de indivíduo. Foram selecionados os indivíduos superiores em produção de grãos, com base nos dados corrigidos para efeito ambiental.

3.9.1.2. Resposta à seleção

A resposta devido à seleção individual, também considerada como resposta direta à seleção, para dada característica, foi determinada segundo a metodologia proposta por EBERHART (1970), a qual utiliza apenas o diferencial de seleção (DS) e a herdabilidade (h^2) do caráter que está sendo selecionado.

Com o objetivo de comparar as diferentes estratégias de seleção, foram estimadas as respostas esperadas pela seleção individual.

A resposta à seleção individual foi estimada, utilizando-se a seguinte expressão:

$$GS_X = DS_X \times h_{rX}^2$$

em que

GS_X = ganho direto predito no caráter X;

h_{rX}^2 = herdabilidade, no sentido restrito, do caráter X, em nível de indivíduo; e

DS_X = diferencial de seleção do caráter X, dado por

$$DS_X = \bar{X}_{SX} - \bar{X}_{OX}$$

em que

\bar{X}_{SX} = média dos indivíduos selecionados para o caráter X; e

\bar{X}_{OX} = média na população-base, para o caráter X.

A herdabilidade na geração F_4 , conduzida em “bulk” (ano agrícola 1995/96), foi estimada pela regressão pai-filho. No experimento conduzido com pais intercalares (ano agrícola 1996/97), a herdabilidade foi estimada via componentes de variância.

Os ganhos esperados em virtude da seleção foram obtidos de dados corrigidos. Foram também estimados os ganhos esperados de dados originais com a seleção feita nos dados corrigidos. Estimaram-se, ainda, os ganhos esperados nas demais características quando a seleção foi feita em produção de grãos.

3.9.2. Índice de seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros”

3.9.2.1. Seleção

A seleção dos indivíduos utilizando o índice de seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros” foi feita, mediante o emprego da expressão a seguir, como descrito por ELSTON (1963):

$$I_e = \prod_{j=1}^n w_j$$

em que

$$w_j = X_j - k_j$$

X_j = valor observado no j-ésimo caráter; e

k_j = valor mínimo, ou máximo, estipulado pelo melhorista para o j-ésimo caráter.

Os valores mínimos de k_j dos caracteres considerados, de acordo com os cruzamentos e a população selecionada, foram

Geração conduzida em "bulk"

- Média das características altura de planta e número de nós na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e produção de grãos, em gramas por planta, nos três cruzamentos.

Experimento conduzido com cultivares-padrão intercalares

- 125 dias para maturação, 65 centímetros de altura de planta na maturação e produção de grãos acima da média em cada cruzamento.

Neste experimento, a seleção foi feita sobre os dados corrigidos.

3.9.2.2. Resposta à seleção

Após selecionados os indivíduos com base no índice, a resposta à seleção foi estimada para cada característica isoladamente, utilizando-se procedimento semelhante à seleção individual, ou seja:

$$GS_X = DS_X \times h_{rX}^2$$

No experimento com cultivares-padrão intercalares, os ganhos indiretos nas demais características foram também estimados. Portanto, foram estimado os ganhos esperados dos dados corrigidos e dos dados originais com a seleção feita nos dados corrigidos.

3.9.3. Seleção entre e dentro de famílias

3.9.3.1. Seleção

O procedimento de seleção foi feito, selecionando-se primeiramente as melhores famílias de acordo com as percentagens de seleção desejada e levando em conta a produção de grãos. Após selecionadas as melhores famílias, os melhores indivíduos dentro das famílias selecionadas foram escolhidos, sendo utilizados para seleção os dados corrigidos pelo efeito ambiental.

3.9.3.2. Resposta à seleção

Segundo VENCOVSKY (1987), uma vez definidos as famílias e os indivíduos dentro das famílias que comporão a população melhorada, o ganho por seleção pode ser estimado pela seguinte expressão:

$$GS = \frac{2I_n\sigma_A^2}{\sigma_{Fe}^2} DS_1 + \frac{(1-I_n)\sigma_A^2}{\sigma_{Fw}^2} DS_2$$

em que

GS = ganho esperado pela seleção;

I_n = coeficiente de endogamia;

σ_A^2 = variância genética aditiva;

σ_{Fe}^2 = variância fenotípica da média de famílias;

DS_1 = diferencial médio de seleção para família;

σ_{Fw}^2 = variância fenotípica dentro de família; e

DS_2 = diferencial de seleção médio de indivíduo dentro de família.

Foi estimado o ganho esperado em virtude da seleção para produção de grãos, utilizando-se dados corrigidos e também dados originais, com a seleção feita nos dados corrigidos.

3.9.4. Seleção combinada

3.9.4.1. Seleção

A seleção foi feita a partir de um índice, o qual foi obtido, levando-se em conta o desvio do indivíduo em relação à média da família à qual pertencia e o desvio da média da família em relação à média geral. Para cada desvio foi dado um peso, objetivando minimizar as diferenças entre os elementos do vetor I, de índices de seleção, e os elementos correspondentes do vetor G, de valores genéticos.

A metodologia de obtenção do índice de seleção combinada com base no modelo estatístico utilizado será mostrada a seguir:

- Modelo estatístico

$$Y_{ij} = \mu + t_i + e_i + p_{ij}$$

em que

Y_{ij} = é o valor observado na j-ésima planta, do i-ésimo tratamento;

μ = média geral;

t_i = efeito do i-ésimo tratamento, sendo $t_i \sim NID(0, \sigma_G^2)$, com $i = 1, 2, \dots, n$;

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

p_{ij} = efeito da j -ésima planta, do i -ésimo tratamento, sendo

$$P_{ij} \sim NID(0, \sigma_w^2), \text{ com } j = 1, 2, \dots, p; \text{ e}$$

t_i , e_i e p_{ij} independentes;

NID = normal e independentemente distribuído.

- Obtenção do índice de seleção combinada

A metodologia de estimação do peso dado ao desvio do indivíduo em relação à média da família à qual ele pertence e o desvio da família em relação à média geral para obtenção do índice estimador do valor genético da j -ésima planta da i -ésima família (I_{ij}) são apresentados a seguir:

$$I_{ij} = b_1(Y_{ij} - \bar{Y}_i) + b_2(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}) \quad (1)$$

em que

Y_{ij} = valor fenotípico da planta ij ;

\bar{Y}_i = média da família a que pertence a planta ij ;

\bar{Y}_i = média da família i ;

$\bar{Y}_{..}$ = média geral da população; e

b_1 e b_2 = pesos obtidos de modo a minimizar as diferenças entre os elementos do vetor I , de índices, e os elementos correspondentes do vetor G , de valores genéticos.

Obtenção dos pesos b_1 e b_2 :

$$I' = [I_{11} \quad I_{12} \quad \dots \quad I_{np}]$$

$$G' = [g_{11} \quad g_{12} \quad \dots \quad g_{np}]$$

Fazendo

$Y_{ij} - \bar{Y}_i = X_1$ e $\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..} = X_2$ e substituindo-os na expressão 1, tem-se

$I_{ij} = b_1 X_1 + b_2 X_2$ ou, generalizando:

$$\underline{I} = \begin{bmatrix} \underline{X}_1 & \underline{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \end{bmatrix} = \underline{X} \underline{b} \quad (2)$$

Tomando o quadrado da norma euclidiana de $I - G$ igual a Q , tem-se

$$Q = \|\underline{I} - \underline{G}\|^2 = \underline{I}'\underline{I} - 2\underline{I}'\underline{G} + \underline{G}'\underline{G}$$

Como $\underline{X} \underline{b} = \underline{I} \Leftrightarrow \underline{I}' = \underline{b}' \underline{X}'$

$$Q = \underline{b}' \underline{X}' \underline{X} \underline{b} - 2 \underline{b}' \underline{X}' \underline{G} + \underline{G}' \underline{G}$$

Derivando em relação a \underline{b}' , tem-se

$$\delta Q = 2(\delta \underline{b}') \underline{X}' \underline{X} \underline{b} - 2(\delta \underline{b}') \underline{X}' \underline{G}$$

Como $\delta \underline{b}'$ é arbitrário para $\delta Q \cong 0$, tem-se

$$\underline{X}' \underline{X} \hat{\underline{b}} = \underline{X}' \underline{G} \quad (3)$$

Substituindo, na expressão 3, \underline{X} e $\hat{\underline{b}}$ por seus correspondentes valores mostrados na expressão 2, tem-se

$$\underline{X}' \underline{X} = \begin{bmatrix} \underline{X}_1 \\ \underline{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \underline{X}_1 & \underline{X}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \underline{X}_1 \underline{X}_1 & \underline{X}_1 \underline{X}_2 \\ \underline{X}_2 \underline{X}_1 & \underline{X}_2 \underline{X}_2 \end{bmatrix}$$

$$\begin{bmatrix} X_1 & X_1 \\ \tilde{X}_2 & \tilde{X}_1 \\ \tilde{X}_2 & \tilde{X}_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X_1 G \\ \tilde{X}_2 G \end{bmatrix}$$

Aplicando a esperança matemática à expressão anterior, têm-se

$$E(X_1 X_1) = E[\sum_i \sum_j X_{1ij}^2] = V(X_{1ij})$$

$$E(X_2 X_2) = E[\sum_i \sum_j X_{2ij}^2] = V(X_{2ij})$$

$$E(X_1 X_2) = E[\sum_i \sum_j X_{1ij} X_{2ij}] = Cov(X_{1ij}, X_{2ij})$$

$$Cov(X_{1ij}, X_{2ij}) = Cov[(Y_{ij} - \bar{Y}_{i..}) (\bar{Y}_{i..} - \bar{Y}_{...})] =$$

$$Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{i..}) - Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{...}) - Cov(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{i..}) + Cov(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...}) =$$

$$Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{i..}) = Cov\left[(\mu + t_i + e_i + p_{ij}) \frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2$$

$$Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{...}) = Cov\left[(\mu + t_i + e_i + p_{ij}) \frac{1}{np} \sum_i \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] =$$

$$Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{...}) = \frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2$$

$$Cov(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{i..}) = V(\bar{Y}_{i..}) = \frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij}) = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2$$

$$Cov(\bar{Y}_{i..}, \bar{Y}_{...}) = Cov\left[\frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij}), \frac{1}{np} \sum_i \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] =$$

$$\frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2$$

$$Cov(X_{1ij}, X_{2ij}) = Cov(X_{2ij}, X_{1ij}) = \left(\sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2 \right) - \left(\frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2 \right) - \left(\sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2 \right) + \left(\frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2 \right) = 0$$

$$E(X_1, G) = Cov(X_{1ij}, g_{ij})$$

$$E(X_2, G) = Cov(X_{2ij}, g_{ij})$$

$$\begin{bmatrix} V(X_1) & 0 \\ 0 & V(X_2) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{b}_1 \\ \hat{b}_2 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Cov(X_1, g) \\ Cov(X_2, g) \end{bmatrix}$$

Portanto, os estimadores dos coeficientes dos índices b_1 e b_2 podem ser obtidos por

$$\hat{b}_1 = \frac{Cov(X_1, g_{ij})}{V(X_1)}$$

$$\hat{b}_2 = \frac{Cov(X_2, g_{ij})}{V(X_2)}$$

sendo

\hat{b}_1 = estimador do peso dado ao desvio do indivíduo, em relação à média da parcela;

\hat{b}_2 = estimador do peso dado ao desvio da média da família, em relação à média geral;

$X_1 = Y_{ij} - \bar{Y}_i$, ou seja, o desvio do indivíduo em relação à média da parcela;

$X_2 = \bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}$, ou seja, o desvio da média da família, em relação à média geral; e

g_{ij} = o valor genético do j-ésimo indivíduo na i-ésima família.

- Estimadores de $V(X_1)$, $V(X_2)$, $Cov(X_1, g)$ e $Cov(X_2, g)$

a) Variância de X_1

$$V(X_1) = V(Y_{ij} - \bar{Y}_{i.}) = V(Y_{ij}) + V(\bar{Y}_{i.}) - 2Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{i.})$$

sendo

$$Y_{ij} = \mu + t_i + e_i + p_{ij}$$

$$V(Y_{ij}) = V(\mu + t_i + e_i + p_{ij}) = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \sigma_w^2 = \sigma_F^2$$

$$V(\bar{Y}_{i.}) = V\left(\frac{1}{p} \sum Y_{ij}\right) = V\left[\frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] = V\left[\frac{1}{p} (p\mu + pt_i + pe_i + \sum_j p_{ij})\right]$$

$$V(\bar{Y}_{i.}) = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2$$

$$Cov(Y_{ij}, \bar{Y}_{i.}) = Cov\left(\mu + t_i + e_i + p_{ij}, \mu + t_i + e_i + \frac{1}{p} \sum_j p_{ij}\right) = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2$$

$$\hat{V}(X_1) = \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \hat{\sigma}_w^2 + \hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2 - 2\left(\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2\right)$$

$$\hat{V}(X_1) = \hat{\sigma}_w^2 + \frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2 - \frac{2}{p} \hat{\sigma}_w^2 = \hat{\sigma}_w^2 - \frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2 = \frac{(p-1)}{p} \hat{\sigma}_w^2$$

b) Variância de X_2

$$V(X_2) = V(\bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{..}) = V(\bar{Y}_{i.}) + V(\bar{Y}_{..}) - 2Cov(\bar{Y}_{i.}, \bar{Y}_{..})$$

$$V(Y_i) = V\left[\frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] = V\left[\frac{1}{p} \left(p\mu + pt_i + pe_i + \sum_j p_{ij}\right)\right]$$

$$V(\bar{Y}_i) = \sigma_G^2 + \sigma_e^2 + \frac{1}{p} \sigma_w^2$$

$$V(\bar{Y}_{..}) = V\left[\frac{1}{np} \sum_i \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right] =$$

$$V(\bar{Y}_{..}) = V\left[\frac{1}{np} \left(np\mu + p \sum_i t_i + p \sum_i e_i + \sum_i \sum_j p_{ij}\right)\right] = \frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2$$

$$\text{Cov}(\bar{Y}_i, \bar{Y}_{..}) = \text{Cov}\left(\frac{1}{p} \sum_j Y_{ij}, \frac{1}{np} \sum_i \sum_j Y_{ij}\right) =$$

$$\text{Cov}(\bar{Y}_i, \bar{Y}_{..}) = \text{Cov}\left(\frac{1}{p} \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij}), \frac{1}{np} \sum_i \sum_j (\mu + t_i + e_i + p_{ij})\right) =$$

$$= \text{Cov}\left(\mu + t_i + e_i + \frac{1}{p} \sum_j p_{ij}, \mu + \frac{1}{n} \sum_i t_i + \frac{1}{n} \sum_i e_i + \frac{1}{np} \sum_i \sum_j p_{ij}\right)$$

$$\text{Cov}(\bar{Y}_i, \bar{Y}_{..}) = \frac{1}{n} \sigma_G^2 + \frac{1}{n} \sigma_e^2 + \frac{1}{np} \sigma_w^2$$

$$V(X_2) = V(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}) = V(\bar{Y}_i) + V(\bar{Y}_{..}) - 2\text{Cov}(\bar{Y}_i, \bar{Y}_{..})$$

$$\hat{V}(X_2) = \left(\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2\right) + \left(\frac{1}{n} \hat{\sigma}_G^2 + \frac{1}{n} \hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{np} \hat{\sigma}_w^2\right) - 2\left(\frac{1}{n} \hat{\sigma}_G^2 + \frac{1}{n} \hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{np} \hat{\sigma}_w^2\right) =$$

$$\left(\hat{\sigma}_G^2 + \frac{1}{n} \hat{\sigma}_G^2 - \frac{2}{n} \hat{\sigma}_G^2\right) + \left(\hat{\sigma}_e^2 + \frac{1}{n} \hat{\sigma}_e^2 - \frac{2}{n} \hat{\sigma}_e^2\right) + \left(\frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2 + \frac{1}{np} \hat{\sigma}_w^2 - \frac{2}{np} \hat{\sigma}_w^2\right) =$$

$$\left(\hat{\sigma}_G^2 - \frac{1}{n} \hat{\sigma}_G^2\right) + \left(\hat{\sigma}_e^2 - \frac{1}{n} \hat{\sigma}_e^2\right) + \left(\frac{1}{p} \hat{\sigma}_w^2 - \frac{1}{np} \hat{\sigma}_w^2\right) = \frac{n\hat{\sigma}_G^2 - \hat{\sigma}_G^2}{n} + \frac{n\hat{\sigma}_e^2 - \hat{\sigma}_e^2}{n} + \frac{n\hat{\sigma}_w^2 - \hat{\sigma}_w^2}{np} =$$

$$\frac{(n-1)}{n} \hat{\sigma}_G^2 + \frac{(n-1)}{n} \hat{\sigma}_e^2 + \frac{(n-1)}{n} \frac{\hat{\sigma}_w^2}{p} = \left(1 - \frac{1}{n}\right) \left(\hat{\sigma}_G^2 + \hat{\sigma}_e^2 + \frac{\hat{\sigma}_w^2}{p}\right) = \frac{n-1}{n} \hat{\sigma}_F^2$$

em que

$\hat{\sigma}_F^2$ = estimador da variância fenotípica entre plantas em nível de experimento.

c) Covariância entre X_1 e g

$$Cov(x_1, g) = Cov[(Y_{ij} - \bar{Y}_i, g_{ij})] = Cov(Y_{ij}, g_{ij}) - Cov(\bar{Y}_i, g_{ij}) =$$

Mas

$$Cov(Y_{ij}, g_{ij}) = V(g_{ij})$$

$$Cov(\bar{Y}_i, g_{ij}) = Cov\left[\frac{1}{p} \sum_j Y_{ij}, g_{ij}\right]$$

ou seja, é a covariância entre média da família i com todos os j indivíduos da parcela. Essa covariância pode ser expressa pela covariância entre o valor fenotípico do indivíduo j com seu correspondente valor genético somado à covariância do valor genético do indivíduo j com $(p-1)$ indivíduos diferentes (j') dentro da família.

$$Cov\left(\frac{1}{p} \sum_j Y_{ij}, g_{ij}\right) = \frac{1}{p} [V(g_{ij}) - (p-1)Cov(g_{ij}, g_{ij'})]$$

$$\text{Sabe-se que } V(g_{ij}) = \sigma_A^2$$

Para expressar a $Cov(g_{ij}, g_{ij'})$ em função da variância genética, tem-se que associá-la a uma correlação genética entre plantas dentro de parcelas (r_{gw}), ou seja:

$$Cov(g_{ij}, g_{ij'}) = r_{gw} \sigma_A^2$$

Tem-se que

$$\hat{C}ov(X_1, g) = \hat{\sigma}_A^2 - \frac{1}{p} [\hat{\sigma}_A^2 + (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2] = \frac{p\hat{\sigma}_A^2 - \hat{\sigma}_A^2 - (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2}{p} =$$

$$\hat{C}ov(X_1, g) = \frac{(p-1)\hat{\sigma}_A^2 - (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2}{p} = \frac{(p-1)}{p} (1 - r_{gw}) \hat{\sigma}_A^2$$

d) Covariância entre X_2 e g

$$Cov(X_2, g) = Cov\left[\left(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..}, g_{ij}\right)\right] = Cov(\bar{Y}_i, g_{ij}) - Cov(\bar{Y}_{..}, g_{ij})$$

$$Cov(\bar{Y}_i, g_{ij}) = \frac{1}{p} [V(g_{ij}) + (p-1)Cov(g_{ij}, g_{ij'})]$$

$$Cov(\bar{Y}_{..}, g_{ij}) = \frac{1}{np} [V(g_{ij}) + (p-1)Cov(g_{ij}, g_{ij'})]$$

Utilizando novamente a correlação entre plantas dentro de parcelas ou famílias (r_{gw}), tem-se

$$Cov(g_{ij}, g_{ij'}) = r_{gw}\sigma_A^2$$

Logo,

$$\hat{C}ov(X_2, g) = \frac{1}{p} [\hat{\sigma}_A^2 + (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2] - \frac{1}{np} [\hat{\sigma}_A^2 + (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2]$$

$$\hat{C}ov(X_2, g) = \frac{n-1}{np} [\hat{\sigma}_A^2 + (p-1)r_{gw}\hat{\sigma}_A^2] = \frac{n-1}{np} [1 + (p-1)r_{gw}] \hat{\sigma}_A^2$$

$$\hat{C}ov(X_2, g) = \frac{n-1}{n} \left[\frac{1 + pr_{gw} - r_{gw}}{p} \right] \hat{\sigma}_A^2 = \frac{n-1}{n} \left[\frac{1 - r_{gw}}{p} + r_{gw} \right] \hat{\sigma}_A^2$$

$$Cov(X_2, g) = \frac{n-1}{n} \left[\frac{1 - r_{gw}}{p} + r_{gw} \right] \hat{\sigma}_A^2$$

- Expressão para estimação dos coeficientes fenotípicos b_1 e b_2

i) Coeficiente b_1

$$\hat{b}_1 = \frac{Cov(X_1, g)}{\hat{V}(X_1)} = \frac{(p-1)(1-r_{gw})\hat{\sigma}_A^2}{p \frac{p-1}{p}\hat{\sigma}_w^2} = \frac{(1-r_{gw})\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_w^2} = (1-r_{gw})h_{Rw}^2$$

ii) Coeficiente b_2

$$\hat{b}_2 = \frac{Cov(x_2, g)}{\hat{V}(X_2)} = \frac{\frac{n-1}{n} \left[\frac{1-r_{gw}}{p} + r_{gw} \right] \hat{\sigma}_A^2}{\frac{n-1}{n} \hat{\sigma}_F^2} = \frac{\left(\frac{1-r_{gw}}{p} + r_{gw} \right) \hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_F^2} = \left(\frac{1-r_{gw}}{p} + r_{gw} \right) h_{RF}^2$$

- Expressão para o índice de seleção combinada

$$I_{ij} = b_1(Y_{ij} - \bar{Y}_i) + b_2(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})$$

$$I_{ij} = (1-r_{gw})h_{Rw}^2(Y_{ij} - \bar{Y}_i) + \left(\frac{1-r_{gw}}{p} + r_{gw} \right) h_{RF}^2(\bar{Y}_i - \bar{Y}_{..})$$

3.9.4.2. Resposta esperada à seleção combinada

A seleção efetuada no índice esperando resposta no valor genético é dada por

$$RS = \frac{Cov(I_{ij}, g_{ij})}{V(I_{ij})} . DS_I$$

$$Cov(I_{ij}, g_{ij}) = Cov(b_1 X_1 + b_2 X_2, g_{ij}) = b_1 Cov(X_1, g_{ij}) + b_2 Cov(X_2, g_{ij})$$

Mas

$$b_1 = \frac{\text{Cov}(X_1, g_{ij})}{V(X_1)} ; \text{ logo, } \text{Cov}(X_1, g_{ij}) = b_1 V(X_1) \text{ e}$$

$$b_2 = \frac{\text{Cov}(X_2, g_{ij})}{V(X_2)}, \text{ logo } \text{Cov}(X_2, g_{ij}) = b_2 V(X_2)$$

Assim,

$$\text{Cov}(I_{ij}, g_{ij}) = b_1 \times b_1 V(X_1) + b_2 \times b_2 V(X_2) = b_1^2 V(X_1) + b_2^2 V(X_2)$$

$$V(I_{ij}) = V(b_1 X_1 + b_2 X_2) = V(b_1 X_1) + V(b_2 X_2) - 2 \text{Cov}(b_1 X_1, b_2 X_2) =$$

$$V(I_{ij}) = b_1^2 V(X_1) + b_2^2 V(X_2)$$

$$RS = \frac{b_1^2 V(X_1) + b_2^2 V(X_2)}{b_1^2 V(X_1) + b_2^2 V(X_2)} DS_I = DS_I$$

Foi estimada a resposta esperada pela seleção combinada em produção de grãos para dados corrigidos e para dados originais com a seleção feita nos dados corrigidos.

3.10. Comparação dos critérios de seleção quanto ao ganho realizado

3.10.1. Critérios de seleção para experimento de campo no ano agrícola

1996/97

Estratégia i - seleção "livre de pesos" e "livre de parâmetros", utilizando-se como ponto de corte a média das seguintes características: altura de planta na maturação, número de nós na maturação, número de vagens por planta, número de sementes por planta e produção de grãos.

Estratégia ii - seleção individual, utilizando-se a percentagem de seleção de 10% para plantas mais produtivas.

Estratégia iii - seleção individual, utilizando-se a percentagem de seleção de 10% para plantas mais altas.

Estratégia iv - seleção individual, utilizando-se a percentagem de seleção de 10% para plantas mais baixas.

3.10.2. Critérios de seleção para experimento de campo no ano agrícola 1997/98

Estratégia i - seleção combinada: foram selecionados 40 indivíduos, que apresentavam melhor índice combinado entre desvio de indivíduo em relação à média da família e ao desvio da média da família em relação à média geral, para produção de grãos:

Estratégia ii - seleção entre e dentro de famílias: foram selecionadas as 20 melhores famílias e, dentro de cada família, os dois melhores indivíduos.

Estratégia iii - seleção individual: foram selecionados os 40 melhores indivíduos para produção de grãos em cada cruzamento.

Estratégia iv - seleção "livre de pesos" e "livre de parâmetros": foram selecionados 40 indivíduos, levando-se em conta, na seleção, altura de planta na maturação, número de dias para maturação e produção de grãos.

3.10.3. Contrastes para comparação das médias

Foram formados contrastes entre dois grupos de médias, e cada grupo correspondia a determinada estratégia de seleção. A comparação foi feita pelo teste de Scheffé, em nível de 5% de probabilidade, da seguinte forma:

$$\hat{C}_1 = \hat{m}_i - \hat{m}_{ii}$$

$$\hat{C}_2 = \hat{m}_i - \hat{m}_{iii}$$

$$\hat{C}_3 = \hat{m}_i - \hat{m}_{iv}$$

$$\hat{C}_4 = \hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iii}$$

$$\hat{C}_5 = \hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iv}$$

$$\hat{C}_6 = \hat{m}_{iii} - \hat{m}_{iv}$$

A diferença mínima significativa (S) é dada pela seguinte expressão:

$$S = \sqrt{[(n-1)\hat{V}(C)F]}$$

em que

n é o número total de tratamentos;

$\hat{V}(C)$ é o estimador da variância do estimador do contraste; e

F é o valor tabelado da distribuição de F de Snedecor, dependente do nível de significância e dos graus de liberdade de tratamentos e do resíduo.

- Metodologia de cálculo de V(C)

Considere-se o seguinte contraste:

$$C = m_i - m_{ii}$$

$$V(C) = V(m_i - m_{ii}) = V(m_i) + V(m_{ii}) - 2Cov(m_i, m_{ii})$$

Se

a = número de tratamentos da média i;

b = número de tratamentos da média ii; e

c = número de tratamentos comuns às médias i e ii , tem-se que

$$\hat{m}_i = \frac{t_1 + t_2 + t_3 + \dots + t_a}{a}$$

$$\hat{m}_{ii} = \frac{t_1 + t_2 + t_3 + \dots + t_b}{b}$$

$$\hat{V}(\hat{m}_i) = \frac{1}{a^2} \times a \hat{V}(t_i) = \frac{QMR}{a}$$

$$\hat{V}(\hat{m}_{ii}) = \frac{1}{b^2} \times b \hat{V}(t_j) = \frac{QMR}{b}$$

$$C\hat{o}v(\hat{m}_i, \hat{m}_{ii}) = \hat{V}(\hat{m}_{i=j}) = \hat{V}(\hat{m}_{jj}) = \frac{1}{ab} \times c \hat{V}(t_i) = \frac{1}{ab} \times c \times QMR$$

$$\hat{V}(\hat{C}) = \frac{QMR}{a} + \frac{QMR}{b} - 2 \frac{c \times QMR}{ab}$$

$$\hat{V}(\hat{C}) = QMR \left(\frac{b+a-2c}{ab} \right)$$

3.11. Recursos computacionais

Os procedimentos de seleção aplicados aos três cruzamentos nos dois anos agrícolas, levando em conta cada estratégia de seleção, assim como as análises genéticas e estatísticas dos dados, foram feitos, utilizando-se o aplicativo computacional GENES (CRUZ, 1997).

Os caracteres avaliados foram: número médio de sementes por vagem (NSV); produção média de grãos, em gramas por planta (PRO); e peso médio de uma semente, em gramas (PIS).

Nos referidos quadros, verifica-se que os coeficientes de regressão da geração paternal para filial apresentam valores muito variados para os caracteres avaliados e para os diferentes cruzamentos, indicando, assim, variação no de regressão representa a existência da variância do pai que se manifesta na descendência, que, em última análise, é a variação do efeito médio dos genes, controle genico dos caracteres nos três cruzamentos, pois esse coeficiente

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Características gerais da população conduzida em "bulk"

Nos Quadros 3, 4 e 5 são apresentadas as estimativas, para os três cruzamentos avaliados, das médias; dos coeficientes de regressão entre a planta F_4 , conduzida em "bulk", e a média de sua progênie na geração F_5 (\hat{b}_{F_4/F_5}); da variância fenotípica da geração F_4 ($\hat{\sigma}_F^2$); da herdabilidade em sentido restrito (h_R^2); da variância genética aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$); e da herdabilidade realizada (H), dada pela relação entre o ganho obtido na população melhorada e o diferencial de seleção, sendo apresentado também o coeficiente de variação genético aditivo, para os seguintes caracteres: número de nós na maturação (NNM); altura da planta na maturação, em centímetros (APM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); número médio de sementes por vagem (NSV); produção média de grãos, em gramas por planta (PRO); e peso médio de uma semente, em gramas (PIS).

Nos referidos quadros, verifica-se que os coeficientes de regressão da geração paternal para filial apresentam valores muito variados para os caracteres avaliados e para os diferentes cruzamentos, indicando, assim, variação no de regressão representa a essência da variância do pai que se manifesta na descendência, que, em última análise, é a variação do efeito médio dos genes, controle gênico dos caracteres nos três cruzamentos, pois esse coeficiente

Quadro 3 - Estimativa da média na geração paternal, do coeficiente de regressão pai-filho ($b_{F4/F5}$), do coeficiente de endogamia da descendência (I), da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade em sentido restrito (h_R^2) em nível de plantas na população do "bulk" e da herdabilidade realizada (H) e do coeficiente de variação genético aditivo CV_A (%) do cruzamento CRI ('CEPS 77-16' × 'Doko RC'), no ano agrícola 1995/96

Parâmetros	NNM	APM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Média	12,039	62,500	56,710	118,500	2,054	16,969	0,1404
$\hat{b}_{F4/F5}$	0,643	0,505	0,015	0,007	0,230	0,096	0,3707
I_{F5}	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,8750
$\hat{\sigma}_F^2$	4,038	173,533	999,035	4.883,400	0,044	127,988	0,0004
h_R^2	0,367	0,289	0,009	0,004	0,132	0,055	0,2118
$\hat{\sigma}_A^2$	1,484	50,307	8,791	19,045	0,006	7,039	0,0001
H	-3,939	5,201	0,222	-0,124	-4,700	0,159	0,4920
CV_A (%)	10,12	11,35	5,22	3,68	3,77	15,63	7,12

Quadro 4 - Estimativa da média na geração paternal, do coeficiente de regressão pai-filho ($b_{F4/F5}$), do coeficiente de endogamia da descendência (I), da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade em sentido restrito (h_R^2) em nível de plantas na população do “bulk” e da herdabilidade realizada (H) e do coeficiente de variação genético aditivo CV_A (%) do cruzamento CR2 (‘CEPS 89-26’ × ‘IAC - 8’), no ano agrícola 1995/96

Parâmetros	NNM	APM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Média	11,625	66,554	43,875	94,857	2,130	14,738	0,1524
$\hat{b}_{F4/F5}$	0,413	0,725	0,633	0,424	0,442	0,824	0,4315
I_{F5}	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,8750
$\hat{\sigma}_F^2$	3,037	258,252	637,311	3.380,452	0,049	87,523	0,0003
h_R^2	0,236	0,414	0,362	0,242	0,253	0,471	0,2466
$\hat{\sigma}_A^2$	0,717	106,946	230,634	818,455	0,012	41,190	0,0001
H	3,359	1,476	0,022	-0,210	0,191	-0,002	4,6455
CV_A (%)	7,28	15,54	34,61	30,16	5,14	43,55	6,56

Quadro 5 - Estimativa da média na geração paternal, do coeficiente de regressão pai-filho ($b_{F4/F5}$), do coeficiente de endogamia da descendência (I), da variância fenotípica (σ_F^2), da variância genética aditiva (σ_A^2), da herdabilidade em sentido restrito (h_R^2) em nível de plantas na população do "bulk" e da herdabilidade realizada (H) e do coeficiente de variação genético aditivo CV_A (%) do cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' x 'FT - Cristalina'), no ano agrícola 1995/96

Parâmetros	NNM	APM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Média	12,333	56,400	46,244	94,844	2,026	12,768	0,1306
$\hat{b}_{F4/F5}$	0,581	0,601	0,368	0,406	0,385	0,427	0,4462
I_{F5}	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,875	0,8750
$\hat{\sigma}_F^2$	2,500	143,245	632,416	2.800,816	0,049	63,799	0,0004
h_R^2	0,332	0,344	0,210	0,232	0,220	0,244	0,2550
$\hat{\sigma}_A^2$	0,830	49,228	13,060	649,313	0,011	15,581	0,0001
H	2,535	5,272	1,787	1,329	-4,108	1,481	3,5248
CV_A (%)	7,39	12,44	7,81	26,87	5,18	30,91	7,66

conforme mostraram SMITH e KINMAN (1965). Segundo FALCONER (1987), a variância genética aditiva, que é aquela devida aos valores genéticos aditivos, por ser a causa principal da semelhança entre parentes, é o componente importante da variância genética, sendo, por isso, o principal determinante das propriedades genéticas da população e da resposta à seleção.

Foi estimada a herdabilidade em sentido restrito, utilizando-se o coeficiente de regressão ponderado pelo coeficiente de parentesco, conforme propuseram SMITH e KINMAN (1965). Notou-se que, no cruzamento CR1, valores baixos de herdabilidades foram obtidos para número de vagens por planta (NVP), número de sementes por planta (NSP) e produção de grãos, em gramas (PRO). Portanto, na prática, segundo salientou FALCONER (1987), esses caracteres são de relativa dificuldade para serem manipulados pelo melhorista, uma vez que esse coeficiente de herdabilidade fornece o parcelamento da variância fenotípica total em variância aditiva, de interesse para o melhorista, e os demais componentes, sendo estes as variâncias genéticas não-aditivas e a variância causada pelo ambiente.

O coeficiente de variação genético aditivo, que é o desvio-padrão aditivo expresso em porcentagem da média, indica as mudanças relativas que podem ocorrer por meio de seleção para dada característica ao longo de um programa de melhoramento. É de grande importância na avaliação de características quanto à resposta à seleção no longo prazo, quando expressas em percentual da média, pois reflete quanto da média é expresso em unidades de desvio-padrão aditivo. Esse coeficiente é importante na comparação de diferentes características, uma vez que é adimensional. Assim, pode-se verificar que a característica de maior expectativa de ganho por seleção em relação ao valor médio é a produção de grãos para os três cruzamentos estudados.

Já a metodologia que utiliza a herdabilidade realizada fornece pouca informação, conforme pode ser verificado nos Quadros 3, 4 e 5, apresentando valores muito variados entre cruzamentos e nas diferentes características, sendo, na sua grande maioria, superiores à unidade. No entanto, conforme salientou VENCOVSKY (1987), esse é um fato comum nessas estimativas, pois as condições ambientais

de um ano agrícola normalmente diferem do ano agrícola seguinte e, além disso, a avaliação da população para seleção e a população melhorada foram diferentes: na população submetida à seleção, conduzida em "bulk", todas as plantas foram colhidas e avaliadas, enquanto na população melhorada, em cada fileira de 1 m, apenas as plantas competitivas foram colhidas e avaliadas.

4.2. Características gerais da população no experimento com cultivares-padrão intercalares

4.2.1. Análises estatísticas e estimativas dos componentes de variância

Nos Quadros 6, 7 e 8, são apresentados os quadrados médios da variação entre e dentro de progênies e do ambiente entre e dentro de progênies; as variâncias genéticas entre e dentro de progênies e variância genética aditiva; e as médias e os coeficientes de variação obtidos para número de dias no florescimento (NDF); altura da planta no florescimento, em centímetros (APF); número de nós no florescimento (NNF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação, em centímetros (APM); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); número médio de sementes por vagem (NSV); produção de grãos por planta, em gramas (PRO); e peso médio de uma semente, em gramas (PIS), dos cruzamentos CR1, CR2 e CR3, respectivamente, no experimento conduzido no ano agrícola 1996/97.

O teste F foi realizado, utilizando-se como fonte testadora os quadrados médios entre progênies e dentro de progênies e como quadrado médio do resíduo, as variações ambientais entre e dentro, respectivamente. Devido ao fato de cada população utilizada como material experimental ter sido originada do cruzamento entre variedades contrastantes, esperava-se a existência de diferenças, principalmente entre progênies, nos caracteres de controle gênico mais complexos. No entanto, verifica-se, nos quadros anteriores, significância na maioria dos caracteres de controle gênico menos complexos (NDF, APF, NDM, APM e NNM),

Quadro 6 - Estimativas dos quadrados médios, em nível de médias de famílias e dentro de famílias; das variâncias genotípica e aditiva; e das médias e dos coeficientes de variação, com relação aos caracteres avaliados na população F₅ de soja do cruzamento CRI ('CEPS 77-16' × 'Doko RC'), no ano agrícola 1996/97

FV	GL	Quadrados médios											
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS	
Entre famílias	75	265,800**	613,449**	12,743**	413,619**	1,435,871**	22,074**	1,770,878	7,164,133	0,125	153,345	0,0044**	
Dentro de famílias	375	7,975**	30,671**	1,369	19,448**	60,575**	2,384	489,729	1,998,001	0,040	45,608	0,0006**	
Resíduo entre	14	3,856	122,385	1,330	9,838	206,119	2,451	1,201,350	4,160,876	0,112	73,177	0,0010	
Resíduo dentro	80	5,106	20,173	1,158	6,065	37,725	2,223	416,398	1,681,921	0,036	41,747	0,0003	
Var. gen. entre		261,944	491,064	11,413	403,781	1,229,752	19,623	569,528	3,003,257	0,013	80,168	0,0034	
Var. gen. dentro		2,869	10,499	0,211	13,383	22,850	0,161	73,331	316,080	0,004	3,861	0,0004	
Var. aditiva		149,682	280,608	6,522	230,732	702,715	11,213	308,031	1,661,981	0,006	45,810	0,0019	
Média - \bar{X}		61,456	47,561	11,478	135,239	63,274	13,961	44,825	80,507	1,745	12,545	0,169	
CV _{exp} (%)		4,87	25,10	13,74	2,95	24,68	15,49	89,73	94,95	22,05	85,45	18,71	
CV _{Me} (%)		3,20	23,26	10,05	2,32	22,69	11,21	77,32	80,12	19,18	68,19	18,71	
CV _{Md} (%)		3,68	9,44	9,38	1,82	9,71	10,68	45,52	50,94	10,87	51,50	8,37	
CV _G (%)		26,48	47,09	29,70	15,10	55,94	31,86	56,56	71,56	7,47	73,07	32,41	
CV _{Ge} (%)		26,34	46,59	29,43	14,86	55,42	31,73	53,24	68,07	6,53	71,37	34,50	
CV _{Gd} (%)		2,76	6,81	4,00	2,71	7,56	2,87	19,10	22,08	3,62	15,66	11,83	
CV _A (%)		19,91	35,22	22,25	11,23	41,90	23,99	39,15	50,64	4,44	53,95	25,79	
CV _G /CV _{exp}		5,44	1,88	2,16	5,12	2,27	2,06	0,63	0,75	0,34	0,86	1,73	
CV _{Ge} /CV _{Me}		8,24	2,00	2,93	6,41	2,44	2,83	0,69	0,85	0,34	1,05	1,84	
CV _{Gd} /CV _{Md}		0,75	0,72	0,43	1,49	0,78	0,27	0,42	0,43	0,33	0,30	1,41	

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

$$CV_{exp}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Me}^2 + \sigma_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_A(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_A^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_G(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Ge}^2 + \sigma_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Ge}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Me}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Me}^2}}{\bar{X}} \times 100 \quad e$$

$$CV_{Md}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100.$$

Quadro 7 - Estimativas dos quadrados médios, em nível de médias de famílias e dentro de famílias; das variâncias genotípica e aditiva; e das médias e dos coeficientes de variação, com relação aos caracteres avaliados na população F₅ de soja do cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), no ano agrícola 1996/97

FV	Quadrados médios											
	GL	NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Entre famílias	55	315,351**	855,830*	5,246	366,828**	1.642,848**	8,810	427,273	1.891,974	0,161	51,430	0,0032
Dentro de famílias	280	7,051**	32,596**	0,939*	12,032**	77,463**	1,755*	154,634*	623,205*	0,048	17,755	0,0007**
Resíduo entre	10	5,369	85,089	3,525	6,600	198,758	6,781	249,481	1.271,581	0,132	35,084	0,0021
Resíduo dentro	60	2,414	11,206	0,642	4,450	27,453	1,175	110,814	388,814	0,042	13,292	0,0004
Var. gen. entre		309,982	770,741	1,721	360,228	1.444,089	2,030	177,792	620,393	0,029	16,347	0,0012
Var. gen. dentro		4,637	21,390	0,297	7,582	50,010	0,580	43,820	234,391	0,006	4,463	0,0003
Var. aditiva		177,133	440,423	0,890	177,133	440,423	0,928	84,998	253,136	0,015	7,583	0,0006
Média - \bar{X}		62,259	49,128	10,229	131,065	67,929	13,232	29,926	54,982	2,078	9,337	0,172
CV _{exp}		4,48	19,97	19,96	2,54	22,14	21,32	63,43	74,11	20,07	74,49	29,07
CV _{Me} (%)		3,72	18,78	18,36	1,96	20,75	19,68	52,78	64,86	17,48	63,44	26,64
CV _{Md} (%)		2,50	6,81	7,83	1,61	7,71	8,19	35,18	35,86	9,86	39,05	11,63
CV _G		28,49	57,29	13,89	14,63	56,90	12,21	49,75	53,18	9,00	48,86	22,52
CV _{Ge} (%)		28,28	56,51	12,83	14,48	55,94	10,77	44,56	45,30	8,20	43,30	20,14
CV _{Gd} (%)		3,46	9,41	5,33	2,10	10,41	5,76	22,12	27,85	3,73	22,63	10,07
CV _A (%)		21,38	42,72	9,22	10,16	30,89	7,28	30,81	28,94	5,89	29,49	14,24
CV _d /CV _{exp}		6,36	2,87	0,70	5,77	2,57	0,57	0,78	0,72	0,45	0,66	0,78
CV _{Ge} /CV _{Me}		7,60	3,01	0,70	7,39	2,70	0,55	0,84	0,70	0,47	0,68	0,76
CV _{Gd} /CV _{Md}		1,39	1,38	0,68	1,31	1,35	0,70	0,63	0,78	0,38	0,58	0,87

* e ** significativos a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

$$CV_{exp}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Me}^2 + \sigma_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_A(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_A^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_G(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Ge}^2 + \sigma_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Ge}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Ge}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Gd}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Me}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Me}^2}}{\bar{X}} \times 100 \text{ e}$$

$$CV_{Md}(\%) = \frac{\sqrt{\sigma_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100.$$

Quadro 8 - Estimativas dos quadrados médios, em nível de médias de famílias e dentro de famílias; das variâncias genotípica e aditiva; e das médias e dos coeficientes de variação, com relação aos caracteres avaliados na população F₃ de soja do cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' x 'FT-Cristalina'), no ano agrícola 1996/97

FV	GL	Quadrados médios										
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	NVP	NSP	NSV	PRO	PIS
Entre famílias	44	112,899**	438,571**	9,393	227,155**	748,132*	10,996	2.869,782*	11.416,934*	0,191	268,765*	0,0025
Dentro de famílias	225	6,697**	22,446**	1,136	12,869**	31,653*	2,265**	447,588*	1,986,171	0,037	39,183**	0,0004**
Resíduo entre	8	19,475	74,767	4,900	32,108	156,083	4,483	708,792	3.720,933	0,136	61,711	0,0016
Resíduo dentro	50	1,837	10,510	0,843	3,353	20,990	1,323	307,980	1.493,817	0,032	24,390	0,0001
Var. gen. entre		93,424	363,805	4,492	195,046	592,049	6,512	2.160,991	7.696,000	0,055	207,054	0,0009
Var. gen. dentro		4,860	11,936	0,292	9,516	10,663	0,942	139,608	492,354	0,005	14,793	0,0003
Var. aditiva		53,385	207,889	2,567	111,455	338,314	3,467	1.234,852	4.397,714	0,031	118,315	0,0004
Média - \bar{X}		60,248	44,156	11,848	132,100	58,930	14,378	53,967	101,907	1,856	14,404	0,146
CV _{exp}		7,66	20,91	20,23	4,51	22,58	16,76	59,09	70,86	22,08	64,42	28,24
CV _{Me} (%)		7,32	19,58	18,69	4,29	21,20	14,73	49,33	59,86	19,87	54,54	27,40
CV _{Md} (%)		2,25	7,34	7,75	1,39	7,77	8,00	32,52	37,93	9,64	34,29	6,85
CV _G		16,45	43,90	18,46	10,83	41,66	18,99	88,88	88,79	13,20	103,41	23,73
CV _{Ge} (%)		16,04	43,20	17,89	10,57	41,29	17,75	86,14	86,08	12,64	99,90	20,55
CV _{Gd} (%)		3,66	7,82	4,56	2,33	5,54	6,75	21,89	21,77	3,81	26,70	11,86
CV _A (%)		12,13	32,65	13,52	7,99	31,21	12,95	65,11	65,07	9,49	75,52	13,70
CV _G /CV _{exp}		2,15	2,10	0,91	2,40	1,84	1,13	1,50	1,25	0,60	1,60	0,84
CV _{Ge} /CV _{Me}		2,19	2,21	0,96	2,46	1,95	1,20	1,75	1,44	0,64	1,83	0,75
CV _{Gd} /CV _{Md}		1,63	1,07	0,59	1,68	0,71	0,84	0,67	0,57	0,39	0,78	1,73

* e ** significativos a 5% e 1% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

$$CV_{exp}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Me}^2 + \hat{\sigma}_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_A(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_A^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_G(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ge}^2 + \hat{\sigma}_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Ge}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Ge}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Gd}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Gd}^2}}{\bar{X}} \times 100, CV_{Me}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Me}^2}}{\bar{X}} \times 100 \text{ e}$$

$$CV_{Md}(\%) = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_{Md}^2}}{\bar{X}} \times 100.$$

o que pode estar associado a uma subestimação da variação ambiental, pois este foi obtido da variação dos cultivares-padrão. Pôde-se verificar, conforme trabalhos realizados por JOHNSON et al. (1955), ANAND e TORRIE (1963), GILIOLI (1979), CAMPOS (1979), MORO (1990) e SANTOS (1994), que os caracteres NDF, APF, NDM, APM e NNM mostraram, geralmente, reduzida influência do ambiente, enquanto produção de grãos e seus componentes primários (NVP, NSV e PIS) foram normalmente de controle gênico mais complexo, sendo mais influenciados pelo ambiente.

De posse dos resultados, obtidos pela metodologia de estimação dos componentes via análise de variância, mediante a análise da produção de grãos, por ser a característica-objetivo de todas as estratégias de seleção empregadas, notou-se que, dentre os três cruzamentos, apenas o CR3 seria promissor por apresentar diferenças significativas entre suas progênes e dentro delas. No entanto, como finalidade de pesquisa, todos os três cruzamentos foram conduzidos, sendo utilizadas as mesmas estratégias de seleção.

Os coeficientes de variação experimental encontrados para os caracteres analisados apresentaram valores de diferentes magnitudes, o que era esperado, pois é um coeficiente que mede a precisão experimental e é uma particularidade do caráter. Pode-se verificar que os coeficientes de variações experimental, ambiental entre e ambiental dentro de maior magnitude foram obtidos nos caracteres de controle gênico mais complexo, por apresentarem maiores sensibilidades à variação ambiental. Na relação entre os coeficientes de variação genético pelos de natureza ambiental, verificou-se que o cruzamento CR1 apresentou relação ligeiramente superior à unidade para CV_{Ge}/CV_{Me} . No cruzamento CR3, além dessa relação, a CV_{Gd}/CV_{Md} também foi superior à unidade, para produção de grãos, indicando com isso, conforme CRUZ e REGAZZI (1997), possibilidades de ganhos com métodos relativamente simples de seleção. Ainda em produção de grãos, pôde-se verificar que CR3 foi o cruzamento mais promissor, por apresentar maior CV_{Ge} , CV_{Gd} e CV_A , o que refletiu maior variação da média devido a causas genéticas entre famílias e dentro de famílias e efeito genético aditivo. Esses coeficientes de variação expressaram

melhor qualidade do cruzamento CR3 em comparação com os demais, em produção de grãos, quanto à expectativa de ganho em virtude da seleção.

No presente trabalho foram avaliadas algumas alternativas de seleção em relação apenas à produção de grãos, sendo, portanto, importante a avaliação dos demais caracteres quanto à existência de variabilidade genética e ao seu comportamento diante das diferentes estratégias de seleção, uma vez que a melhoria apenas em produtividade, sem o acompanhamento de melhorias em caracteres morfológicos de importância, pouco contribui para o sucesso de um programa de melhoramento. Além disso, foram utilizados caracteres auxiliares, juntamente com produção de grãos, em uma das estratégias de seleção nessa fase.

4.2.2. Herdabilidades

Foram estimados os coeficientes de herdabilidade nos sentido amplo e restrito, para média de família e indivíduo dentro de família, e também a herdabilidade restrita total, que é aquela em nível de indivíduo, desprezando-se a informação da família. Essas estimativas foram obtidas de acordo com as expressões apresentadas em Material e Métodos. Os resultados dos cruzamentos CR1, CR2 e CR3 encontram-se nos Quadros 9, 10 e 11, respectivamente.

Os maiores coeficientes de herdabilidade, tanto em sentido amplo quanto restrito, em níveis de família, indivíduo e total, foram verificados nos caracteres secundários da produção de grãos estudados (NDF, APF, NNF, NDM, APM e NNM), em que se verificaram também, em alguns caracteres, valores de herdabilidade restrita dentro de famílias superiores à unidade, o que é um indício de superestimação da variância genética aditiva. Já os componentes primários da produção (NVP, NSV e PIS) apresentaram, em geral, menores valores de herdabilidade, o que também se verificou para produção de grãos, mostrando-se concordantes com os de JOHNSON et al. (1955), ANAND e TORRIE (1963), CAMPOS (1979), GILIOLI (1979), MORO (1990) e SANTOS (1994). Isso pode ser explicado pela complexidade dos caracteres, uma vez que os componentes secundários da produção são tidos como caracteres menos complexos, ou seja,

Quadro 9 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita em nível de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e em nível de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko - RC'), no ano agrícola 1996/97

Características	Herdabilidades				
	h_{Ae}^2	h_{Ad}^2	h_{Re}^2	h_{Rd}^2	h_{Rtotal}^2
NDF	0,9855	0,3597	0,9855	2,3461	1,0251
APF	0,8005	0,3423	0,8005	1,1436	0,8168
NNF	0,8956	0,1538	0,8956	0,5955	0,8665
NDM	0,9762	0,6882	0,9762	1,4830	0,9990
APM	0,8565	0,3772	0,8565	1,4501	0,8805
NNM	0,8890	0,0677	0,8890	0,5879	0,8596
NVP	0,3216	0,1497	0,3044	0,0786	0,2555
NSP	0,4192	0,1582	0,4060	0,1040	0,3401
NSV	0,1067	0,1036	0,0840	0,0188	0,0682
PRO	0,5228	0,0847	0,5228	0,1256	0,4317
PIS	0,7675	0,6351	0,7355	0,3744	0,6910

Quadro 10 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita em nível de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e em nível de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), no ano agrícola 1996/97

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

Quadro 11 - Estimativas dos coeficientes de herdabilidades ampla entre famílias (h_{Ae}^2) e dentro de famílias (h_{Ad}^2) e restrita em nível de médias de família (h_{Re}^2), dentro de família (h_{Rd}^2) e em nível de indivíduo (h_{Rtotal}^2), no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT - Cristalina'), no ano agrícola 1996/97

Características	Herdabilidades				
	h_{Ae}^2	h_{Ad}^2	h_{Re}^2	h_{Rd}^2	h_{Rtotal}^2
NDF	0,8275	0,7257	0,8275	0,9964	0,8370
APF	0,8295	0,5318	0,8295	1,1577	0,8455
NNF	0,4782	0,2573	0,4782	0,2824	0,4571
NDM	0,8586	0,7394	0,8586	1,0826	0,8707
APM	0,7914	0,3369	0,7914	1,3360	0,8135
NNM	0,5923	0,4158	0,5518	0,1913	0,4902
NVP	0,7530	0,3119	0,7530	0,3449	0,6979
NSP	0,6741	0,2479	0,6741	0,2768	0,6152
NSV	0,2875	0,1376	0,2810	0,1036	0,2522
PRO	0,7704	0,3775	0,7704	0,3774	0,7204
PIS	0,3618	0,7842	0,2580	0,1052	0,2353

governados por um menor número de genes, enquanto os demais estudados são caracteres mais complexos, tornando-os, geralmente, mais sensíveis às variações do ambiente. Um forte indicativo da complexidade dos caracteres é a ausência de variação devida à dominância, o que pode ser verificado pela igualdade dos coeficientes de herdabilidade, entre médias de progênies, em sentidos amplo e restrito, uma vez que foram considerados o modelo aditivo-dominante e a ausência de efeitos epistáticos. Assim, pôde-se concluir, conforme salientou FALCONER (1987), que não houve efeito de dominância na geração estudada (F_5) e toda variância genotípica foi devida aos valores genéticos aditivos.

De acordo com as estimativas de herdabilidade, espera-se que maior proporção do diferencial de seleção seja transmitida à geração seguinte quando se considera média de família como unidade de seleção para a característica-objeto deste trabalho, que foi a produção de grãos, sendo menor essa proporção quando se pensa, como unidade de seleção, o indivíduo dentro da família. Verificaram-se, nessa característica, valores de diferentes magnitudes, sendo o cruzamento CR2, conforme mostrado no Quadro 10, o que mostrou menor valor, daí ter sido esperado menor proporção do diferencial de seleção passado à geração seguinte. Já os coeficientes de herdabilidade restrita dentro, que são de menores magnitudes, também mostraram variações entre cruzamentos, sendo muito baixos no cruzamento CR2, como mostrado no Quadro 10. Com isso, espera-se que o diferencial de seleção possa ser o fator determinante para que esse cruzamento seja promissor, o que será mostrado e discutido nos próximos itens. Ficando aqui apenas a expectativa de que, se pensando em produção de grãos e levando em consideração apenas a representatividade do valor genético aditivo pelo valor fenotípico, os cruzamentos mais promissores são, pela ordem, CR3, CR1 e CR2.

Outro fato que pode ser verificado nos Quadros 9, 10 e 11 é a estimativa de herdabilidade em sentido restrito maior que a herdabilidade em sentido amplo quando se considera a informação dentro de famílias. Isso se deve ao fato de uma subestimação da variância fenotípica dentro ou de uma superestimação da

variância genética aditiva. Isso ocorreu, conforme pode ser verificado nos referidos quadros, com maior freqüência nos caracteres tidos como de herança simples ou menos complexos.

4.3. Predição de ganhos na população em “bulk” e ganhos obtidos no experimento conduzido com linhas segregantes e cultivares-padrão intercalares, no ano agrícola 1996/97

O objetivo maior da seleção foi identificar indivíduos, por meio de critérios previamente estabelecidos, que devem permanecer num programa de melhoramento a cada geração. Um dos indicativos da viabilidade de uma população para fins de melhoramento foi a possibilidade de prever ganhos em virtude da seleção, constituindo tal fato ferramenta de grande utilidade para o melhorista quando o objetivo é comparar diferentes estratégias de seleção (SILVA, 1982; FALCONER, 1987; MORAIS, 1992; REIS et al., 1999).

Nos Quadros 12, 13 e 14 são apresentadas as herdabilidades restritas (h_R^2), média original (\bar{X}_O), média dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e ganho previsto em virtude de diferentes estratégias de seleção, em percentual da média original ($GS\%$), na população conduzida em “bulk”, sendo também apresentadas as médias da população melhorada, conduzida em campo (\bar{X}_M), bem como o ganho realizado devido à seleção, em percentual da média original ($GR\%$).

No Quadro 12, em que são apresentados os dados referentes ao cruzamento CRI, verifica-se que a expectativa de maior ganho para produção de grãos é quando se faz a seleção direta desse caráter (estratégia 2), seguida da seleção simultânea dos cinco caracteres avaliados (estratégia 1), seleção das plantas mais baixas (estratégia 4) e expectativa de ganho negativo para produção de grãos na estratégia em que se selecionaram as plantas mais altas (estratégia 3). No entanto, quando se avaliou o ganho realizado, foi verificada concordância apenas na seleção direta em produção, mostrando-se a melhor, enquanto nas demais não houve concordância de predição.

Quadro 12 - Estimativas das herdabilidades em sentido restrito (h_R^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e das médias dos indivíduos da população melhorada (\bar{X}_M) e dos ganhos esperado e realizado em porcentagem da média original, (GS %) e (GR %), respectivamente, nas quatro estratégias de seleção no cruzamento CRI ('CEPS 77-16' × 'Doko - RC'), no experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97, com relação às características avaliadas no ano agrícola 1995/96

	Característica	h_R^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_M	GS %	GR %
Estr. 1	NNM	0,367	11,582	13,151	14,586	4,978	25,936
	APM	0,289	62,657	68,969	67,192	2,921	7,238
	NVP	0,009	41,443	65,454	42,591	0,510	2,771
	NSP	0,004	80,507	136,606	74,505	0,272	-7,455
	PRO	0,055	11,711	19,192	11,796	3,515	0,722
Estr. 2	NNM	0,367	11,582	13,050	14,333	4,656	23,751
	APM	0,289	62,657	60,450	70,683	-1,021	12,810
	NVP	0,009	41,443	97,700	48,133	1,195	16,143
	NSP	0,004	80,507	209,550	86,125	0,625	6,978
	PRO	0,055	11,711	31,987	13,938	9,522	19,012
Estr. 3	NNM	0,367	11,582	12,950	15,758	4,339	36,055
	APM	0,289	62,657	77,650	74,650	6,937	19,141
	NVP	0,009	41,443	42,500	48,908	0,022	18,013
	NSP	0,004	80,507	84,550	88,592	0,020	10,043
	PRO	0,055	11,711	11,616	13,450	-0,045	14,845
Estr. 4	NNM	0,367	11,582	9,700	12,017	-5,970	3,755
	APM	0,289	62,657	44,200	50,233	-8,540	-19,828
	NVP	0,009	41,443	40,900	42,958	-0,012	3,656
	NSP	0,004	80,507	84,550	78,150	0,020	-2,928
	PRO	0,055	11,711	12,483	12,124	0,363	3,523

Estr. 1 = seleção acima da média para as cinco características, Estr. 2 = seleção para produção (10% mais produtivo), Estr. 3 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais altas) e Estr. 4 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais baixas).

Quadro 13 - Estimativas das herdabilidades em sentido restrito (h_R^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e das médias dos indivíduos da população melhorada (\bar{X}_M) e dos ganhos esperado e realizado em porcentagem da média original, (GS %) e (GR %), respectivamente, nas quatro estratégias de seleção no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), no experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97, com relação às características avaliadas no ano agrícola 1995/96

	Característica	h_R^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_M	GS %	GR %
Estr. 1	NNM	0,236	10,944	12,575	13,485	3,521	23,220
	APM	0,414	63,662	76,030	75,439	8,045	18,498
	NVP	0,362	29,612	52,182	29,010	27,582	-2,035
	NSP	0,242	61,912	115,606	53,530	20,996	-13,539
	PRO	0,471	9,348	18,462	9,752	45,878	4,316
Estr. 2	NNM	0,236	10,944	12,867	13,778	4,148	25,898
	APM	0,414	63,662	70,800	75,722	4,643	18,943
	NVP	0,362	29,612	76,467	34,356	57,261	16,019
	NSP	0,242	61,912	169,000	64,011	41,875	3,389
	PRO	0,471	9,348	27,089	11,200	89,307	19,805
Estr. 3	NNM	0,236	10,944	12,562	13,802	3,492	26,117
	APM	0,414	63,662	84,000	80,229	13,229	26,022
	NVP	0,362	29,612	46,437	28,729	20,562	-2,984
	NSP	0,242	61,912	102,438	52,729	15,847	-14,833
	PRO	0,471	9,348	15,242	9,407	29,670	0,626
Estr. 4	NNM	0,236	10,944	9,533	12,256	-3,043	11,990
	APM	0,414	63,662	44,467	49,478	-12,486	-22,281
	NVP	0,362	29,612	25,267	30,689	-5,311	3,635
	NSP	0,242	61,912	48,533	55,956	-5,232	-9,621
	PRO	0,471	9,348	6,855	8,128	-12,551	-13,056

Estr. 1 = seleção acima da média para as cinco características, Estr. 2 = seleção para produção (10% mais produtivo), Estr. 3 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais altas) e Estr. 4 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais baixas).

Quadro 14 - Estimativas das herdabilidades em sentido restrito (h_R^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e das médias dos indivíduos da população melhorada (\bar{X}_M) e dos ganhos esperado e realizado em porcentagem da média original, (GS %) e (GR %), respectivamente, nas quatro estratégias de seleção no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' x 'FT - Cristalina'), no experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97, com relação às características avaliadas no ano agrícola 1995/96

	Característica	h_R^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_M	GS %	GR %
Estr. 1	NNM	0,332	11,855	13,045	14,871	3,335	25,444
	APM	0,344	54,752	61,455	62,992	4,211	15,049
	NVP	0,210	36,427	50,091	52,795	7,877	44,932
	NSP	0,232	73,402	105,591	100,788	10,174	37,310
	PRO	0,244	9,369	13,598	14,313	11,016	52,776
Estr. 2	NNM	0,332	11,855	13,182	14,379	3,717	21,294
	APM	0,344	54,752	51,091	58,045	-2,300	6,014
	NVP	0,210	36,427	79,455	67,182	24,805	84,427
	NSP	0,232	73,402	164,909	126,348	28,923	72,132
	PRO	0,244	9,369	24,140	17,976	38,471	91,875
Estr. 3	NNM	0,332	11,855	12,727	14,788	2,444	24,744
	APM	0,344	54,752	71,182	64,348	10,323	17,526
	NVP	0,210	36,427	35,091	55,152	-0,770	51,403
	NSP	0,232	73,402	69,273	101,742	-1,305	38,610
	PRO	0,244	9,369	8,878	14,963	-1,277	59,714
Estr. 4	NNM	0,332	11,855	10,273	13,409	-4,430	13,111
	APM	0,344	54,752	40,182	50,000	-9,154	-8,679
	NVP	0,210	36,427	28,182	44,485	-4,753	22,120
	NSP	0,232	73,402	58,636	85,212	-4,667	16,090
	PRO	0,244	9,369	7,995	10,926	-3,576	16,624

Estr. 1 = seleção acima da média para as cinco características, Estr. 2 = seleção para produção (10% mais produtivo), Estr. 3 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais altas) e Estr. 4 = seleção para altura de planta na maturação (10% mais baixas).

No Quadro 13, estão apresentados os dados referentes ao cruzamento CR2. A predição de ganhos para produção de grãos mostrou-se mais promissora quando a seleção foi feita diretamente em tal característica, seguida de seleção simultânea, seleção das plantas mais altas e, por fim, de uma expectativa de queda da produção de grãos ao selecionar as plantas mais baixas. Entretanto, pode-se observar que essa tendência de ganhos foi verificada em ganho realizado; embora apresentando magnitudes diferentes, o sentido não se alterou. Isso pode ser explicado pelas diferentes condições ambientais em que foram conduzidas a população para predição de ganhos e a população para obtenção do ganho realizado, sendo, portanto, conduzida em ano agrícola diferente. Conforme salientou VENCOVSKY (1987), esse foi um dos fatores que podem afetar a comparação entre ganho predito e ganho realizado.

No Quadro 14, em que são mostrados os ganhos referentes ao cruzamento CR3, verifica-se maior expectativa de ganho, em produção de grãos, na estratégia em que se utiliza seleção direta em tal característica, seguida de seleção simultânea. Já quando se considerou a altura da planta como característica a ser selecionada, foi verificada uma expectativa de decréscimo em produção de grãos, sendo esse decréscimo menos pronunciado nas plantas de maior altura. No entanto, observou-se que altura de plantas não foi capaz de discriminar plantas mais produtivas, as quais estavam no grupo das que apresentaram altura intermediária, uma vez que a média em produção de grãos, quando as plantas foram selecionadas em altura, foi inferior à média original tanto nas plantas mais baixas quanto nas mais altas. Quanto a ganho realizado, a seleção direta em produção apresentou valores mais elevados, havendo inversão na ordem, para seleção simultânea e seleção das plantas mais altas, em comparação com o ganho esperado: por último, as plantas mais baixas mostraram-se menos produtivas, embora apresentassem ganhos em relação à população original.

Pode-se concluir, com base nos resultados dos Quadros 12, 13 e 14, que a seleção individual para produção de grãos mostrou-se eficiente, pois apresentou os maiores valores tanto em ganho predito quanto em ganho realizado, o mesmo

ocorrendo para a seleção das plantas mais altas. Quando foram selecionadas as plantas mais baixas, tanto o ganho esperado quanto o realizado apresentaram os menores escores para tal característica, em comparação com as demais estratégias nos três cruzamentos, que foram consistentes, pois as menores plantas das populações pertenciam a essa estratégia.

No Quadro 15, estão mostradas as estimativas dos contrastes referentes à comparação de grupos de médias de progênies pertencentes a uma estratégia de seleção com outra estratégia de seleção para o ganho realizado. Foi também incluído, além dos caracteres avaliados anteriormente, o número de dias para floração (NDF), que representou o início do período reprodutivo, bem como o número de dias para maturação (NDM), que representou o ciclo da planta. Nota-se, nesse quadro, que, quanto a essas duas características, as diferenças mais contrastantes foram obtidas na comparação da média obtida pela estratégia que selecionou as menores plantas com as demais estratégias, indicando, com isso, associação entre altura de planta com juvenilidade e ciclo. Com relação às demais características, não houve diferenças significativas entre médias de estratégias de seleção em nível de campo, pelo teste de Scheffé, embora possam ser verificados valores de magnitudes muito elevados, no entanto menores que a diferença mínima significativa, a 5% de probabilidade. Esse fato pode estar associado a uma superestimação do quadrado médio do resíduo, uma vez que esse experimento foi conduzido no esquema linha segregante com cultivares-padrão intercalares, e o quadrado médio do resíduo foi obtido pela variação média dos dois cultivares-padrão, conforme mostrado em Material e Métodos.

4.4. Expectativa de ganho no experimento conduzido no ano agrícola 1996/97

O experimento neste ano agrícola (1996/97), conforme mencionado anteriormente, em Material e Métodos, foi conduzido no campo, utilizando-se como parcelas linhas F₅, com cultivares-padrão intercalares. Avaliaram-se em cada parcela seis plantas competitivas. Este ensaio objetivou verificar a resposta obtida pelos diferentes critérios de seleção e obter informação de plantas dentro

Quadro 15 - Comparação entre as médias obtidas em campo nas diferentes estratégias de seleção, pelo teste de Scheffé, em progênie F₅, nos três cruzamentos estudados, no ano agrícola 1996/97

Cruz.	Contraste	NDF	NDM	NNM	APM	NVP	NSP	PRO
CR1	$\hat{m}_i - \hat{m}_{ii}$	2,009	1,180	0,253	-3,491	-5,542	-11,620	-2,142
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iii}$	-0,891	-0,287	-1,172	-7,458	-6,317	-14,087	-1,654
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iv}$	10,042*	11,055	2,569	16,959	-0,367	-3,645	-0,328
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iii}$	-2,900	-1,467	-1,425	-3,967	-0,775	-2,467	0,488
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iv}$	8,033*	9,875	2,316	20,450	5,175	7,975	1,814
	$\hat{m}_{iii} - \hat{m}_{iv}$	10,933*	11,342	3,741	24,417	5,950	10,442	1,326
CR2	$\hat{m}_i - \hat{m}_{ii}$	0,286	0,824	-0,293	-0,283	-5,346	-10,481	-1,448
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iii}$	-2,719	-1,270	-0,317	-4,790	0,281	0,801	0,345
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iv}$	11,075*	13,058*	1,229	25,961	-1,679	-2,426	1,624
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iii}$	-3,005	-2,094	-0,024	-4,507	5,627	11,282	1,793
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iv}$	10,789*	12,234*	1,522	26,244	3,667	8,055	3,072
	$\hat{m}_{iii} - \hat{m}_{iv}$	13,794*	14,328*	1,546	30,751	-1,960	-3,227	1,279
CR3	$\hat{m}_i - \hat{m}_{ii}$	0,644	1,750	0,492	4,947	-14,387	-25,560	-3,663
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iii}$	-1,250	-1,568	0,083	-1,356	-2,357	-0,954	-0,650
	$\hat{m}_i - \hat{m}_{iv}$	6,629	10,038	1,462	12,992	8,310	15,576	3,387
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iii}$	-1,894	-3,318	-0,409	-6,303	12,030	24,606	3,013
	$\hat{m}_{ii} - \hat{m}_{iv}$	5,985	8,288	0,970	8,045	22,697	41,136	7,050
	$\hat{m}_{iii} - \hat{m}_{iv}$	7,879	11,606	1,379	14,348	10,667	16,530	4,037

* significativo a 5% de probabilidade.

CR1 = 'CEPS 77-16' × 'Doko RC', CR2 = 'CEPS 89-26' × 'IAC-8', CR3 = 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina', i = seleção acima da média para as cinco características, ii = seleção para produção (10% mais produtivo), iii = seleção para altura de planta na maturação (10% mais altas) e iv = seleção para altura de planta na maturação (10% mais baixas).

das famílias, para que fossem aplicadas diferentes metodologias de seleção, utilizando-se apenas a informação do indivíduo ou a informação do indivíduo e da família de forma diferenciada, bem como verificar o ganho obtido no campo.

A seguir são apresentadas as expectativas de ganhos advindos da utilização de diferentes estratégias de seleção, sendo conveniente frisar que as percentagens de seleção foram baseadas naquelas utilizadas na seleção entre e dentro de famílias, em cada cruzamento, sendo igual a $CR1 = 8,799\%$, $CR2 = 11,903\%$ e $CR3 = 14,831\%$. Com essas percentagens de seleção, foram selecionados 40 indivíduos, por estratégia, nos respectivos cruzamentos.

4.4.1. Seleção entre e dentro de famílias para produção de grãos

No Quadro 16, estão apresentadas as estimativas de alguns parâmetros referentes às três populações estudadas, utilizando-se os dados originais (valores fenotípicos) e os dados corrigidos para efeito ambiental (variação na média das linhas entre os cultivares-padrão). Na estimação dos parâmetros para dados corrigidos, apenas a variância fenotípica foi alterada, sendo as demais variâncias as mesmas estimadas para dados originais.

Nas estimativas referentes ao cruzamento $CR1$, notou-se que a correção dos dados diminuiu a variação fenotípica para os dados corrigidos com referência à variação entre médias de famílias, o que refletiu maior expectativa de maior representatividade do valor genético pelo valor corrigido através do fator de correção ambiental. Isso indicou que a correção influenciou de maneira a reduzir aqueles valores fenotípicos que foram beneficiados e aumentar aqueles prejudicados pelo efeito não-genético, gerando, com isso, maior expectativa de eficiência quanto ao ganho real comparado ao valor fenotípico original. Já a seleção dentro de famílias e a expectativa de diferença nos ganhos, quanto aos dados originais ou corrigidos, foram realizados em função apenas do diferencial de seleção, uma vez que a correção, conforme aqui proposta, não alterou a variação dos dados dentro de famílias nem a herdabilidade dentro, por permanecer constante o numerador, não havendo alteração na estimativa, com ou sem correção dos dados.

Quadro 16- Estimativas, em nível de família e dentro de família, da herdabilidade restrita (h_R^2), da herdabilidade restrita de dados corrigidos para efeito ambiental (h_{RC}^2) da média original (\bar{X}_o), da média dos selecionados com base no valor fenotípico (\bar{X}_s), do diferencial de seleção (DS), da média dos selecionados com base no valor corrigido para efeito ambiental (\bar{X}_{sc}), do diferencial de seleção corrigido (DSC), do ganho esperado pela seleção, (GS) e (GS_C), dos ganhos percentuais, (GS%) e (GS_C%), e dos ganhos totais, (GS_{total}%) e (GS_{totalcor.}%), de dados originais e corrigidos para efeito ambiental, respectivamente, em produção de grãos nos três cruzamentos

Parâmetros	Cruz. CR1		Cruz. CR2		Cruz. CR3	
	Entre famílias		Entre famílias		Entre famílias	
	Dentro de famílias	Dentro de famílias	Dentro de famílias	Dentro de famílias	Dentro de famílias	Dentro de famílias
h_R^2	0,5228	0,1256	0,2580	0,0534	0,7704	0,3774
h_{RC}^2	0,6339	0,1256	0,1923	0,0534	0,844	0,3774
\bar{X}_o	12,545	12,545	9,337	9,337	14,404	14,404
\bar{X}_s	17,339	25,565	12,498	14,804	18,212	25,022
DS	4,794	13,020	3,161	5,467	3,808	10,618
\bar{X}_{sc}	16,250	24,476	12,886	14,407	18,765	25,576
DSC	3,705	11,931	3,549	5,070	4,361	11,172
GS	2,506	1,635	0,816	0,292	2,934	4,007
GS _C	2,349	1,498	0,682	0,272	3,681	4,217
GS%	19,976	13,033	8,739	3,126	20,367	27,820
GS _C %	18,722	11,941	7,308	2,910	25,554	29,275
GS _{total} %	33,009		11,865			48,187
GS _{totalcor.} %	30,664		10,218			54,829

CR1 = 'CEPS 77-16' × 'Doko RC', CR2 = 'CEPS 89-26' × 'IAC - 8' e CR3 = 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina'.

No cruzamento CR2, a correção dos dados aumentou a variabilidade em nível de média de família, o que correspondeu, provavelmente, a uma correção que não refletia a variação não-genética, a não ser que existisse tendência de os melhores genótipos estarem em locais desfavoráveis ou os genótipos inferiores estarem em locais de influência ambiental favorável. Já no cruzamento CR3, mostraram-se valores altos de herdabilidade, tanto em nível de médias de famílias quanto de indivíduos dentro de famílias, para dados fenotípicos originais e corrigidos. Observou-se também que esse foi o cruzamento mais promissor nessa estratégia, pois foi o que apresentou maior expectativa de ganho, em comparação com os demais, e, conforme mostrado nos coeficientes de variação genética entre famílias e dentro delas (Quadros 6, 7 e 8), foi o que também apresentou os maiores valores. Outro fato interessante foi que, nesse cruzamento, selecionaram-se as maiores proporções de indivíduos em relação à população original, devido ao fato de ser esta a população mais reduzida entre as três e de o número de indivíduos selecionados manter-se constante para cada estratégia.

Numa comparação geral entre os três cruzamentos, notou-se que a correção dos dados não afetou a variabilidade dentro de famílias, o que refletiu no mesmo coeficiente de herdabilidade para dados corrigidos e não-corrigidos. Houve expectativa de maior ganho no cruzamento CR3, que foi em função da maior estimativa de herdabilidade, tanto entre famílias quanto dentro de famílias, com ou sem correção dos dados. Logo, a eficiência da predição para essa estratégia quanto ao comportamento no campo, para CR3, ficou em função da precisão das estimativas das herdabilidades.

4.4.2. Seleção combinada

As estimativas dos coeficientes para o desvio do indivíduo em relação à média da família e o desvio da média da família em relação à média geral, \hat{b}_1 e \hat{b}_2 , respectivamente, e os coeficientes dados aos mesmos desvios considerando os dados corrigidos, $\hat{b}_1 = \hat{b}_{1c} = 1$ e \hat{b}_{2c} , assim como as expectativas de ganhos

para os três cruzamentos em virtude da seleção combinada univariada para produção de grãos, estão apresentados no Quadro 17. Os coeficientes foram ponderados para o coeficiente do desvio do indivíduo em relação à média da família, dando com isso uma idéia relativa de cada parte isoladamente na composição do índice preditor do valor genético de cada indivíduo. Conforme relatou PIRES (1996), a seleção combinada univariada variou em relação à seleção entre e dentro convencional, por considerar o valor individual e as médias das famílias de maneira ponderada, por meio da geração de um índice, o que resultou na seleção de um número diferenciado de famílias e de indivíduos por família, enquanto no primeiro caso esse número foi constante por família. Um risco a que o melhorista está sujeito quando usa esse tipo de índice de seleção combinada é, conforme relataram VIANA e CRUZ (1997), selecionar plantas excepcionais de famílias com “performance” inferior em detrimento de plantas boas pertencentes a famílias de comportamento superior.

Observa-se, no Quadro 17, que as estimativas de progressos genéticos advindos da seleção combinada é variável entre os cruzamentos e apresentam magnitudes muito expressivas. Os pesos \hat{b}_1 , \hat{b}_2 e \hat{b}_{2C} , na forma de pesos ponderados para herdabilidade restrita dentro de famílias, indicaram a importância relativa de cada desvio na composição do índice que expressa o valor genético da planta. Essa ponderação, conforme relataram VIANA e CRUZ (1997), pode refletir em maior ou menor indicativo de presença de variância ambiental entre e dentro de famílias. Com isso, quanto maior o índice ponderado, maior será o efeito ambiental dentro de família, sendo também esse índice associado ao coeficiente gerado pela porção da variância genética aditiva explorada entre famílias em relação à porção explorada dentro de famílias, ocorrendo decréscimo desta última parte, geração após geração, em plantas de autopolinização.

Pode-se verificar, no Quadro 17, que a expectativa de maior ganho com a utilização da seleção combinada está no cruzamento que apresenta a menor relação \hat{b}_2/\hat{b}_1 e \hat{b}_{2C}/\hat{b}_1 , coeficientes estes calculados conforme apresentado em

Quadro 17 - Estimativas da média original (\bar{X}_o), dos pesos dados ao desvio do indivíduo em relação à média da família (\hat{b}_1), desvio da média da família em relação à média geral para dados originais (\hat{b}_2) e para dados corrigidos para efeito ambiental (\hat{b}_{2C}), do ganho esperado pela seleção com base no fenótipo (GS) e com base no valor corrigido para efeito ambiental (GS_C), dos ganhos percentuais, (GS %) e (GS_C %), e da relação dos ganhos para dados corrigidos e fenotípicos (GS_C / GS) e eficiência da seleção combinada sobre seleção entre e dentro de famílias (EF.SC / SED) em produção de grãos para os três cruzamentos

Parâmetros	Estimativas nos cruzamentos		
	CR1	CR2	CR3
\bar{X}_o	12,5450	9,3370	14,4040
\hat{b}_1	1,0000	1,0000	1,0000
\hat{b}_2	4,1629	4,8315	2,0410
\hat{b}_{2C}	5,0469	3,5876	2,2363
GS	5,1473	1,3350	10,4990
GS _C	3,9840	1,0350	10,6710
GS %	41,0310	14,2980	72,8890
GS _C %	31,7570	11,0850	74,0830
GS _C / GS	0,773	0,775	1,016
EF.SC / SED	1,035	1,085	1,351
EF.SC _{cor.} / SED _{cor.}	1,264	1,235	1,352

CR1 = 'CEPS 77-16' × 'Doko RC', CR2 = 'CEPS 89-26' × 'IAC-8' e CR3 = 'CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina'.

Material e Métodos. Outro fator que evidencia essa maior expectativa de ganhos é o fato de o cruzamento mais promissor apresentar os maiores coeficientes de variação genético entre e dentro de famílias, em comparação com os demais cruzamentos, conforme já apresentado no Quadro 8.

A eficiência da seleção combinada, em relação à seleção entre e dentro, evidenciou valores da ordem de 1,035 a 1,352, variando de cruzamento para cruzamento, e correção ou não dos dados. No entanto, com a correção dos dados, espera-se maior eficiência da seleção combinada em relação à seleção entre e dentro, superando valores relatados na literatura, conforme FALCONER (1987), que salientou que esses valores não superam 10% em relação à seleção entre e dentro de famílias.

4.4.3. Seleção individual para produção de grãos

Nos Quadros 18, 19 e 20, estão apresentados os coeficientes de herdabilidade restrita total em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e corrigidos (h_{RC}^2), as médias e os ganhos devido à seleção para produção de grãos e para os demais caracteres quando a seleção foi feita para produção de grãos. As expectativas de ganhos em todos os caracteres avaliados em virtude da seleção em produção de grãos foram levantadas para que se pudesse prever o comportamento dos demais caracteres de interesse agrônômico.

Pôde-se observar que a seleção em produção de grãos previa ganhos indiretos em praticamente todas as características avaliadas, tanto para dados originais quanto para dados corrigidos. Analisando apenas produção de grãos, a expectativa de maiores ganhos está na população pertencente ao cruzamento CR3 (Quadro 20), que, evidentemente, está associado, conforme relatado anteriormente, a maior variabilidade da população e maior representatividade do valor genético aditivo pelo valor fenotípico.

Quadro 18 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e dos ganhos percentuais com base no valor fenotípico (GS %) e com base no valor corrigido (GSc %), utilizando-se a seleção individual para produção de grãos, no cruzamento CRI ('CEPS 77-16' × 'Doko - RC'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	1,0251	1,0088	61,456	62,575	62,664	1,867	1,983
APF	0,8168	0,8000	47,561	54,000	54,961	11,058	12,447
NNF	0,8665	0,8774	11,478	12,625	12,740	8,659	9,647
NDM	0,9990	1,0671	135,239	137,725	137,126	1,836	1,489
APM	0,8805	0,8611	63,274	70,275	72,446	9,742	12,483
NNM	0,8596	0,8068	13,961	15,000	15,159	6,397	6,923
NVP	0,2555	0,2464	44,825	99,475	95,703	31,150	27,966
NSP	0,3401	0,3204	80,507	188,825	180,807	45,759	39,917
NSV	0,0682	0,0447	1,745	1,882	1,826	0,535	0,208
PRO	0,4317	0,4992	12,545	30,204	28,264	60,768	62,549
PIS	0,6910	0,5553	0,169	0,165	0,159	-1,636	-3,286

Quadro 19 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e dos ganhos percentuais com base no valor fenotípico (GS %) e com base no valor corrigido (GSc %), utilizando-se a seleção individual para produção de grãos, no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	1,0302	0,9909	62,259	63,425	63,254	1,929	1,584
APF	0,9295	0,8432	49,128	52,650	52,057	6,664	5,027
NNF	0,2698	0,2199	10,229	11,250	11,183	2,693	2,051
NDM	1,0187	0,8239	131,065	133,925	134,100	2,223	1,908
APM	0,8994	0,4019	67,929	70,400	68,958	3,272	0,609
NNM	0,1647	0,1072	13,232	14,225	14,089	1,236	0,694
NVP	0,2739	0,2039	29,926	57,050	58,639	24,825	19,562
NSP	0,1887	0,1260	54,982	109,925	114,526	18,857	13,641
NSV	0,1307	0,0819	2,078	1,928	1,994	-0,943	-0,331
PRO	0,2055	0,1640	9,337	18,605	18,887	20,398	16,772
PIS	0,2715	0,1890	0,172	0,1721	0,165	0,016	-0,769

Quadro 20 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e dos ganhos percentuais com base no valor fenotípico (GS %) e com base no valor corrigido (GSc %), utilizando-se a seleção individual para produção de grãos, no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT - Cristalina'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	0,8370	0,6123	60,248	62,950	63,581	3,754	3,387
APF	0,8455	0,7223	44,156	50,400	50,903	11,956	11,036
NNF	0,4571	0,2450	11,848	13,725	13,776	7,242	3,987
NDM	0,8707	0,7304	132,100	135,475	136,12	2,225	2,223
APM	0,8135	0,7522	58,930	66,100	66,682	9,898	9,895
NNM	0,4902	0,2882	14,378	16,075	16,092	5,786	3,435
NVP	0,6979	0,8085	53,967	105,825	102,62	67,063	72,885
NSP	0,6152	0,7314	101,907	203,675	194,73	61,436	66,623
NSV	0,2522	0,1616	1,856	1,929	1,8711	0,992	0,131
PRO	0,7204	0,7798	14,404	30,501	29,704	80,507	82,828
PIS	0,2353	0,1744	0,146	0,153	0,1588	1,128	1,529

4.4.4. Seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros”

Nos Quadros 21, 22 e 23, estão apresentados alguns parâmetros referentes aos três cruzamentos estudados, juntamente com as expectativas de ganhos, quando a seleção foi feita com a consideração de três características, simultaneamente, impondo limite mínimo para seleção, cujos caracteres número de dias para maturação (NDM), altura da planta na maturação em centímetros (APM) e produção de grãos em gramas (PRO) e os limites mínimos foram, respectivamente, iguais a 125, 65 e à média de produção na população em estudo, sendo, portanto, selecionados apenas indivíduos que apresentavam valores acima do mínimo estipulado simultaneamente. Obteve-se o ganho de todas as características naqueles indivíduos selecionados por esse critério e foram estimados os seus ganhos direto e indireto.

Verificou-se que, comparando essa estratégia (Quadros 21, 22 e 23) com a seleção individual (Quadros 18, 19 e 20), a expectativa de ganhos em produção de grãos foi menor em todos os cruzamentos. No entanto, para os caracteres NDM e APM, também considerados na seleção, o ganho foi expressivo. Conforme relataram JOHNSON et al. (1955), KNOW e TORRIE (1964), CAMPOS (1979), MORO (1990) e SANTOS (1994), os caracteres NDM e APM em soja apresentaram, além de alta herdabilidade, alta associação genética com o caráter produção de grãos, podendo ser importantes no processo seletivo.

4.5. Ganhos realizados no experimento conduzido no ano agrícola 1997/98

Nos Quadros 24, 25 e 26, estão apresentados os valores de ganhos em percentagem da média da população em que se realizou a seleção e foram obtidos os ganhos em percentagem dessa mesma média, porém corrigidos para efeito do ano agrícola da predição de ganhos (1996/97), utilizando-se as variações nos cultivares-padrão, de ano para ano, como fator de correção.

Por ter sido objetivo principal deste trabalho, enfocou-se a produção de grãos como comparação de ganhos reais nas diferentes estratégias.

Quadro 21 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e do ganho, em porcentagem, da média original esperado pela seleção com base no valor fenotípico e com base no valor corrigido, (GS %) e (GSc %), respectivamente, utilizando-se a seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros” para altura de plantas, número de dias na maturação e produção de grãos, no cruzamento CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko - RC'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	1,0251	1,0088	61,456	64,975	65,054	5,870	5,906
APF	0,8168	0,8000	47,561	60,600	60,605	22,393	21,940
NNF	0,8665	0,8774	11,478	13,150	13,286	12,622	13,821
NDM	0,9990	1,0671	135,239	139,450	139,006	3,111	2,972
APM	0,8805	0,8611	63,274	87,725	88,581	34,025	34,441
NNM	0,8596	0,8068	13,961	17,300	17,279	20,559	19,174
NVP	0,2555	0,2464	44,825	80,050	75,111	20,078	16,647
NSP	0,3401	0,3204	80,507	150,150	138,123	29,421	22,930
NSV	0,0682	0,0447	1,745	1,826	1,7642	0,317	0,049
PRO	0,4317	0,4992	12,545	21,392	18,061	30,440	21,949
PIS	0,6910	0,5553	0,169	0,161	0,1556	-3,271	-4,403

Quadro 22 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e do ganho, em porcentagem, da média original esperado pela seleção com base no valor fenotípico e com base no valor corrigido, (GS %) e (GSc %), respectivamente, utilizando-se a seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros” para altura de plantas, número de dias na maturação e produção de grãos, no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	1,0302	0,9909	62,259	69,300	69,444	11,651	11,435
APF	0,9295	0,8432	49,128	65,700	66,706	31,354	30,170
NNF	0,2698	0,2199	10,229	11,550	11,525	3,484	2,786
NDM	1,0187	0,8239	131,065	138,775	138,725	5,993	4,815
APM	0,8994	0,4019	67,929	89,250	91,154	28,230	13,740
NNM	0,1647	0,1072	13,232	14,850	15,054	2,014	1,476
NVP	0,2739	0,2039	29,926	45,175	45,707	13,957	10,751
NSP	0,1887	0,1260	54,982	84,250	85,640	10,045	7,023
NSV	0,1307	0,0819	2,078	1,876	1,882	-1,271	-0,772
PRO	0,2055	0,1640	9,337	15,176	15,356	12,851	10,571
PIS	0,2715	0,1890	0,172	0,182	0,184	1,578	1,319

Quadro 23 - Estimativas das herdabilidades restritas em nível de indivíduo para dados originais (h_R^2) e para dados corrigidos (h_{RC}^2), das médias originais (\bar{X}_O), das médias fenotípicas dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S), das médias dos indivíduos selecionados com base nos dados corrigidos para efeito ambiental (\bar{X}_{SC}) e do ganho, em porcentagem, da média original esperado pela seleção com base no valor fenotípico e com base no valor corrigido, (GS %) e (GSc %), respectivamente, utilizando-se a seleção “livre de pesos” e “livre de parâmetros” para altura de plantas, número de dias na maturação e produção de grãos, no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT - Cristalina'), em experimento conduzido em campo no ano agrícola 1996/97

Característica	h_R^2	h_{RC}^2	\bar{X}_O	\bar{X}_S	\bar{X}_{SC}	GS %	GSc %
NDF	0,8370	0,6123	60,248	63,625	64,589	4,692	4,412
APF	0,8455	0,7223	44,156	55,425	57,148	21,578	21,252
NNF	0,4571	0,2450	11,848	13,400	13,772	5,988	3,979
NDM	0,8707	0,7304	132,100	136,950	137,570	3,197	3,025
APM	0,8135	0,7522	58,930	73,150	75,124	19,630	20,671
NNM	0,4902	0,2882	14,378	16,025	16,505	5,615	4,263
NVP	0,6979	0,8085	53,967	80,450	82,393	34,248	42,584
NSP	0,6152	0,7314	101,907	153,200	156,160	30,965	38,939
NSV	0,2522	0,1616	1,856	1,894	1,887	0,516	0,270
PRO	0,7204	0,7798	14,404	22,806	23,784	42,022	50,779
PIS	0,2353	0,1744	0,146	0,151	0,159	0,806	1,553

Quadro 24 - Estimativas dos coeficientes de ponderação das médias realizadas do ano agrícola de predição (\hat{c}), das médias originais (\bar{X}_o), dos ganhos realizados, em percentagem, da média original (GS_R %) e dos dados corrigidos para ano agrícola (GS_{RC} %) de todas as características, nas diferentes estratégias estudadas, no cruzamento CRI ('CEPS 77-16' x 'Doko - RC'), no ano agrícola 1997/98

Característica	\hat{c}	\bar{X}_o	GS_R %				GS_{RC} %			
			i	ii	iii	iv	i	ii	iii	iv
NDF	0,973	61,456	6,825	9,839	9,270	10,775	3,941	6,874	6,320	7,784
APF	0,656	47,561	78,974	92,465	89,263	112,936	17,407	26,256	24,157	39,687
NNF	0,863	11,478	27,151	29,776	29,645	37,398	9,730	12,000	11,879	18,575
NDM	0,972	135,239	5,402	5,568	6,563	6,519	2,451	2,612	3,579	3,537
APM	0,686	63,274	63,832	77,962	74,766	105,903	12,389	22,082	19,890	41,250
NNM	0,890	13,961	20,335	24,327	24,810	36,093	7,100	10,652	11,080	21,124
NVP	0,995	44,825	63,676	71,371	62,481	73,120	62,858	70,515	61,668	72,253
NSP	0,966	80,507	45,801	54,114	42,438	51,506	40,843	48,874	37,595	46,354
NSV	0,994	1,745	-8,736	-8,736	-9,543	-9,774	-9,299	-9,299	-10,097	-10,325
PIS	0,847	0,169	-7,785	-8,483	-6,387	-7,086	-21,793	-22,294	-20,790	-21,292
PRO	0,811	12,545	42,835	48,408	41,429	50,089	15,835	20,359	14,698	21,723

i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção "livre de pesos e livre de parâmetros".

Quadro 25 - Estimativas dos coeficientes de ponderação das médias realizadas do ano agrícola de predição (\hat{c}), das médias originais (\bar{X}_o) dos ganhos realizados, em percentagem, da média original (GS_R %) e dos dados corrigidos para ano agrícola (GS_{RC} %) de todas as características, nas diferentes estratégias estudadas, no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' x 'IAC - 8'), no ano agrícola 1997/98

Característica	\hat{c}	\bar{X}_o	GS_R %				GS_{RC} %			
			i	ii	iii	iv	i	ii	iii	iv
NDF	0,869	62,259	1,138	3,013	1,942	8,060	-12,111	-10,482	-11,412	-6,095
APF	0,560	49,128	68,932	71,905	63,560	95,779	-5,398	-3,733	-8,407	9,636
NNF	0,669	10,229	21,873	25,161	25,614	25,979	-18,470	-16,265	-15,964	-15,722
NDM	0,951	131,065	1,018	2,306	1,906	4,482	-3,932	-2,707	-3,088	-0,638
APM	0,620	67,929	58,783	60,177	52,104	80,483	-1,554	-0,691	-5,696	11,900
NNM	0,759	13,232	18,629	20,799	20,580	21,875	-9,960	-8,312	-8,479	-7,497
NVP	0,570	29,926	85,370	93,753	92,545	94,802	5,661	10,440	9,750	11,037
NSP	0,600	54,982	70,025	76,709	79,544	78,337	2,015	6,025	7,726	7,003
NSV	1,036	2,078	-19,408	-19,965	-18,246	-19,686	-16,509	-17,107	-15,312	-16,808
PIS	1,178	0,172	-4,746	-6,227	-7,214	-5,239	12,280	10,226	9,541	11,595
PRO	0,677	9,337	63,784	68,862	62,795	71,725	10,886	14,323	10,212	16,260

i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção "livre de pesos e livre de parâmetros".

Quadro 26 - Estimativas dos coeficientes de ponderação das médias realizadas do ano agrícola de predição (\hat{c}), das médias originais (\bar{X}_o), dos ganhos realizados, em percentagem, da média original ($GS_R\%$) e dos dados corrigidos para ano agrícola ($GS_{RC}\%$) de todas as características, nas diferentes estratégias estudadas, no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' x 'FT - Cristalina'), no ano agrícola 1997/98

Característica	\hat{c}	\bar{X}_o	$GS_R\%$				$GS_{RC}\%$			
			i	ii	iii	iv	i	ii	iii	iv
NDF	1,024	60,248	2,777	4,926	3,787	6,276	5,243	7,444	6,277	8,826
APF	0,754	44,156	72,832	85,976	80,930	94,214	30,316	40,226	36,420	46,437
NNF	0,895	11,848	22,020	27,848	25,142	29,404	9,208	14,426	12,002	15,815
NDM	0,960	132,10	5,376	6,248	5,746	6,420	1,161	1,997	1,516	2,164
APM	0,784	58,93	68,496	76,885	73,533	85,623	32,101	38,679	36,050	45,529
NNM	0,954	14,378	22,866	25,541	23,857	26,693	17,216	19,765	18,159	20,867
NVP	0,765	53,967	35,735	30,792	29,038	34,638	3,837	0,055	-1,287	2,998
NSP	0,875	101,907	24,625	18,277	17,786	23,217	9,046	3,492	3,063	7,815
NSV	1,125	1,856	-7,184	-8,190	-7,615	-6,753	4,400	3,309	3,933	4,885
PIS	1,032	0,146	-2,437	1,545	0,218	1,545	0,353	4,594	3,180	4,594
PRO	0,933	14,404	24,229	20,761	19,057	27,465	15,903	12,671	11,078	18,928

i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção "livre de pesos e livre de parâmetros".

No Quadro 24, pode-se verificar que, no cruzamento CR1, no ano agrícola da predição (1996/97), as condições ambientais apresentaram menor variação em todas as características avaliadas, em comparação com o ano agrícola de condução desse material no campo (1997/98). Isso refletiu num coeficiente de ponderação, nesse ano agrícola, menor que a unidade. Para produção de grãos, a estratégia de seleção simultânea mostrou-se a mais promissora, seguida da seleção combinada. Isso se deveu, provavelmente, ao fato de, juntamente com produção, terem sido utilizadas mais duas características menos influenciadas pelo ambiente e associadas à produção de grãos (CAMPOS, 1979; SANTOS, 1994). Melhor comparação dos ganhos pode ser feita, utilizando-se os dados corrigidos para efeito de ano agrícola, sendo considerado como padrão o ano agrícola da predição (1996/97). O ganho realizado foi obtido através da multiplicação do coeficiente de ponderação para ano agrícola pelos ganhos obtidos em campo (ano agrícola 1997/98). Foi obtido o percentual de ganho realizado para dados corrigidos para ano agrícola, o que permitiu concluir que todas as estratégias utilizadas nesse cruzamento foram promissoras, promovendo ganhos reais, em produção de grãos, de 14,698% (menor ganho) e 21,723% (maior ganho). A seleção individual mostrou-se a de pior "performance" no campo, dentre as estratégias utilizadas.

No Quadro 25, referente ao cruzamento CR2, verifica-se que a grande maioria dos coeficientes de correção para ano agrícola foi inferior à unidade, sendo, para produção de grãos, o efeito do ambiente no ano agrícola da predição correspondente a apenas 67,7% do efeito no ano agrícola seguinte, quando foi obtido o ganho realizado. Com isso, houve redução grande no percentual de ganhos nos dados obtidos em campo, em comparação com o corrigido para ano agrícola. Pode-se notar novamente, nesse quadro, que o ganho realizado para a estratégia seleção simultânea foi superior aos para as demais estratégias, seguidas da seleção combinada, seleção entre e dentro e seleção individual, em ordem decrescente.

No Quadro 26, observa-se que na população do cruzamento CR3, embora a grande maioria dos coeficientes de correção para ano agrícola continuasse

inferior à unidade, a discrepância entre as condições ambientais dos dois anos não foi tão grande. Para produção de grãos, notou-se relação entre anos agrícolas, quanto ao efeito ambiental, da ordem de 93,3%, o que influenciou a obtenção de ganho real muito próximo àquele obtido em campo, facilitando, assim, a comparação do ganho predito com o realizado. Novamente, pode-se, nesse quadro, verificar a maior eficiência da seleção simultânea, evidenciando que a utilização de características auxiliares, de menor influência do ambiente, foi capaz de amenizar o efeito mascarador do fator de correção em produção de grãos, no processo seletivo. Em ordem decrescente, os maiores valores de ganho realizado foram obtidos com a seleção simultânea, seleção entre e dentro, seleção combinada e seleção individual.

4.6. Comparação dos ganhos preditos com os obtidos experimentalmente para produção de grãos

Nas Figuras 1, 2 e 3, traz-se, com relação aos cruzamentos CR1, CR2 e CR3, respectivamente, uma comparação dos ganhos preditos (ano agrícola 1996/97) e realizados (ano agrícola 1997/98), nas quatro estratégias de seleção utilizadas. São apresentados, nessas figuras, percentuais dos ganhos preditos em virtude da seleção realizada no valor fenotípico original, dos ganhos preditos nos valores da produção corrigidos para efeito ambiental, dos ganhos realizados em campo e dos ganhos realizados corrigidos para o ano agrícola da predição. Nas Figuras 4, 5 e 6, estão as variações dos fatores de correção dos três cruzamentos, quanto aos caracteres número de dias para maturação (NDM), altura da planta na maturação (APM) e produção de grãos (PRO), com o objetivo de mostrar o comportamento do fator de correção em relação à sua posição no campo.

Na Figura 1, referente ao cruzamento CR1, nota-se, na predição de ganhos, redução no percentual de produção de grãos quando se corrigem os dados para efeito ambiental. Quanto ao ganho realizado, verificou-se que a correção para ano agrícola reduziu substancialmente o percentual de ganho, o que pode estar associado a melhores condições ambientais para experimento do ano

agrícola 1997/98, comparado com o do 1996/97. A seleção com base apenas no indivíduo, utilizando-se somente produção de grãos, proporcionou maior expectativa de ganhos, em relação às demais estratégias, o que não se concretizou no campo; portanto, essa foi a estratégia de pior “performance” quanto ao ganho realizado, evidenciando-se que o indivíduo isoladamente não constituiu boa unidade de seleção. As estratégias de seleção simultânea, seleção combinada e seleção entre e dentro foram mais eficientes na identificação dos indivíduos de melhor “performance” genética, o que pode ser verificado pela menor discrepância entre ganho predito para dados corrigidos e ganho realizado corrigido para ano agrícola. Embora, conforme pode ser verificado na Figura 4, linhas próximas apresentando magnitude de correção elevada pareçam não ter interferido negativamente na correção dos dados, o reflexo da correção nos valores fenotípicos foi com relação à variação não-genética.

Na Figura 2, que mostra os ganhos referentes ao cruzamento CR2, verifica-se que a correção dos dados praticamente não alterou a eficiência da predição de ganhos, e o ganho realizado em campo com correção para ano agrícola mostrou-se muito próximo ao esperado, tanto para correção ou não pelo fator ambiental. Pode-se notar também, nessa figura, diferença muito grande de condições ambientais do ano da predição para o ano da obtenção do ganho realizado. Na Figura 5, evidencia-se variação pequena dos cultivares-padrão, o que reflete menor fator de correção para produção de grãos, sendo, portanto, indício de pouca variação de ambiente nesse cruzamento.

Na Figura 3, que mostra os ganhos para produção de grãos referente ao cruzamento CR3, verifica-se maior discrepância entre ganhos predito e realizado, para todas as estratégias de seleção; no entanto, nota-se que a correção dos dados, tanto para efeito ambiental quanto para efeito de ano agrícola, não alterou, de forma muito significativa, os ganhos. Essa era, no entanto, a população mais promissora quanto à previsão de ganhos, o que não correspondia no campo; isso pode estar associado à ineficiência da estimação dos fatores não-genéticos.

Pode-se verificar na Figura 6, referente ao fator de correção utilizado no cruzamento CR3, que este apresentava magnitudes muito pronunciadas para

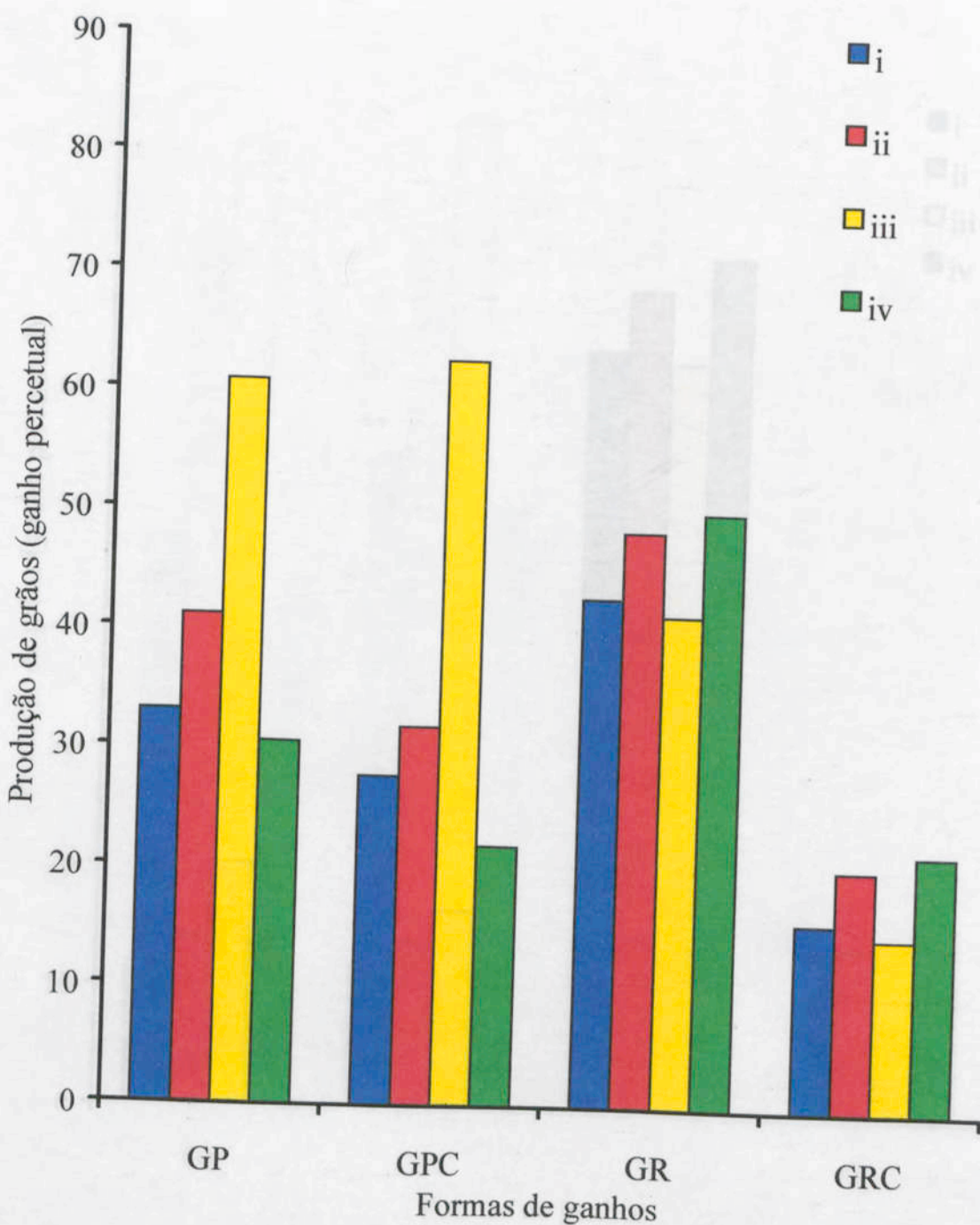


Figura 1 - Comparação das estratégias de seleção (i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção simultânea), de acordo com os ganhos percentuais de produção de grãos (GP = ganho predito com base nos dados fenotípicos, GP_C = ganho predito com base nos dados corrigidos para efeito ambiental, GR = ganho realizado e GR_C = ganho realizado para dados corrigidos para ano agrícola), no cruzamento CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko-RC').

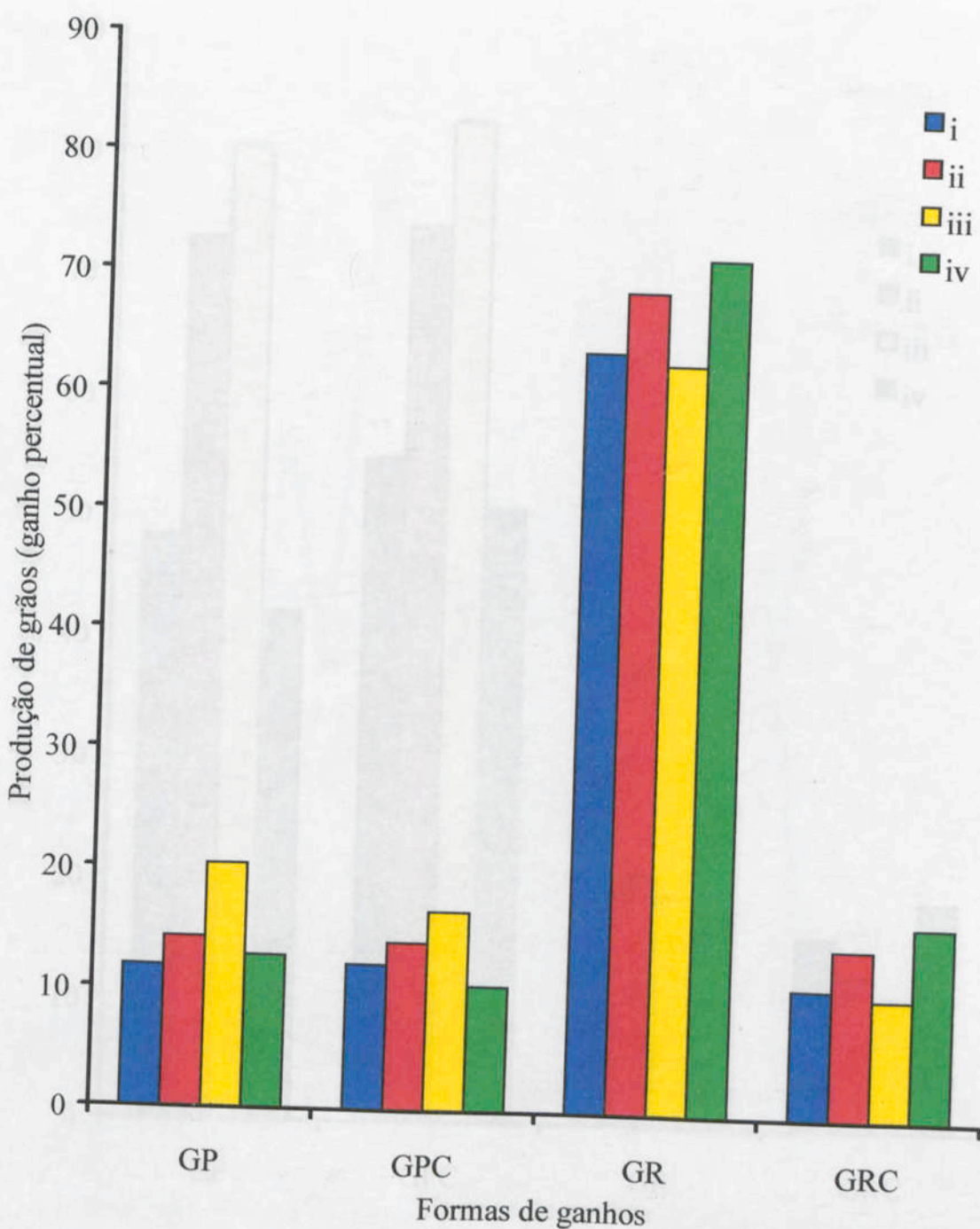


Figura 2 - Comparação das estratégias de seleção (i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção simultânea), de acordo com os ganhos percentuais de produção de grãos (GP = ganho predito com base nos dados fenotípicos, GP_C = ganho predito com base nos dados corrigidos para efeito ambiental, GR = ganho realizado e GR_C = ganho realizado para dados corrigidos para ano agrícola), no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8').

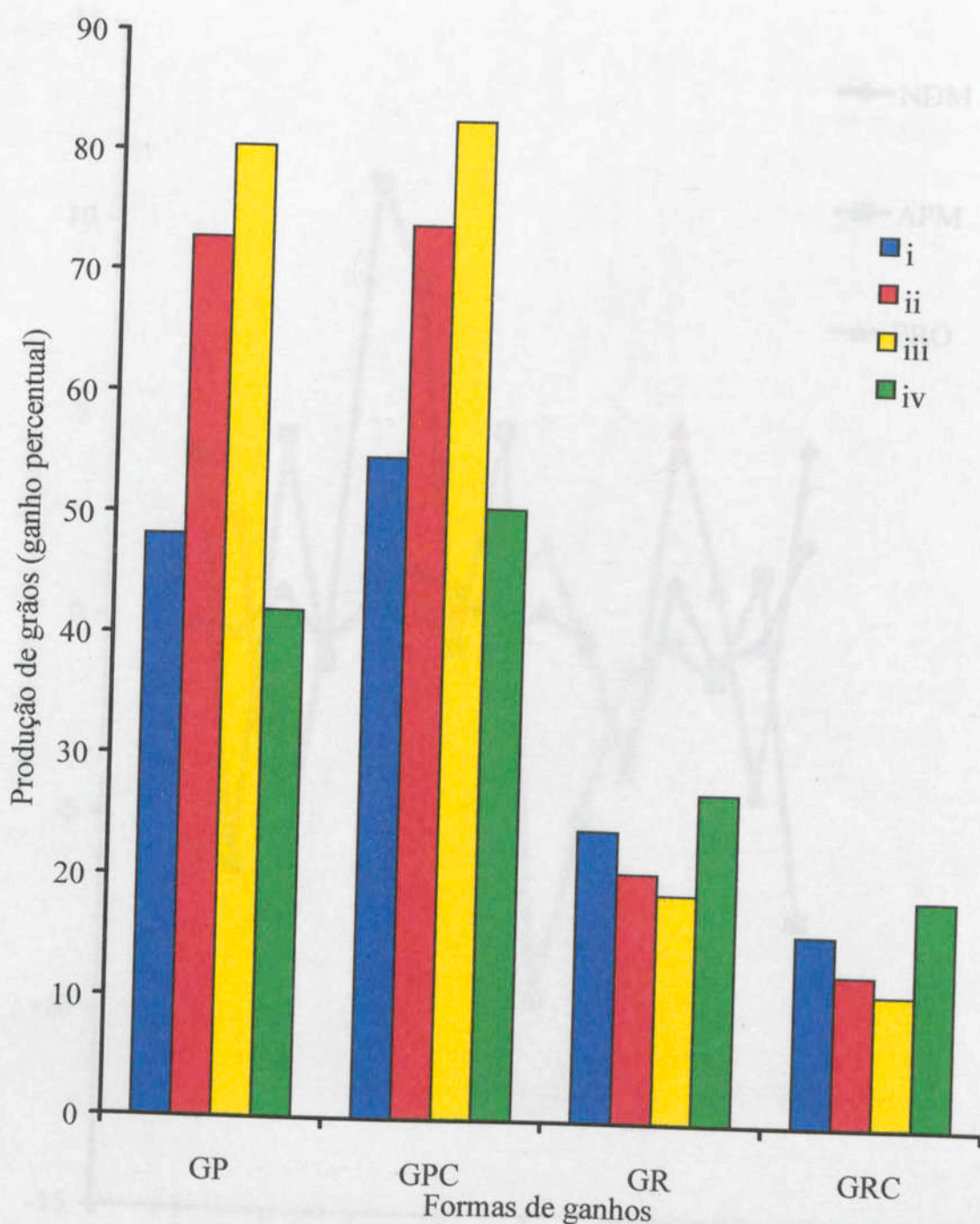


Figura 3 - Comparação das estratégias de seleção (i = seleção entre e dentro de famílias, ii = seleção combinada, iii = seleção individual e iv = seleção simultânea), de acordo com os ganhos percentuais de produção de grãos (GP = ganho predito com base nos dados fenotípicos, GP_C = ganho predito com base nos dados corrigidos para efeito ambiental, GR = ganho realizado e GR_C = ganho realizado para dados corrigidos para ano agrícola), no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT - Cristalina').

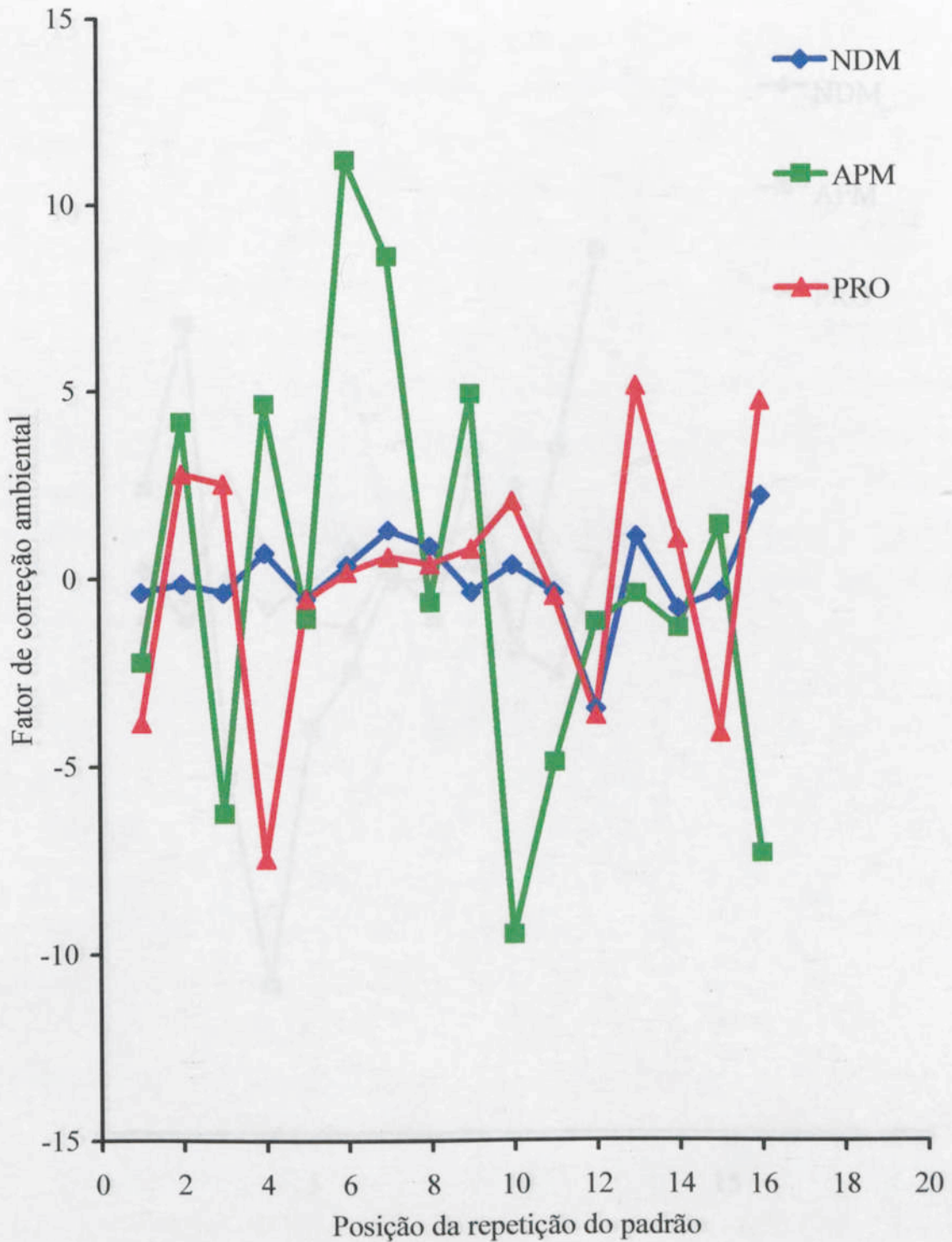


Figura 4 - Variação do fator de correção ambiental utilizado na correção dos valores fenotípicos dos caracteres número de dias na maturação (NDM), altura da planta na maturação (APM) e produção de grãos (PRO) no cruzamento CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko - RC'), no ano agrícola 1996/97.

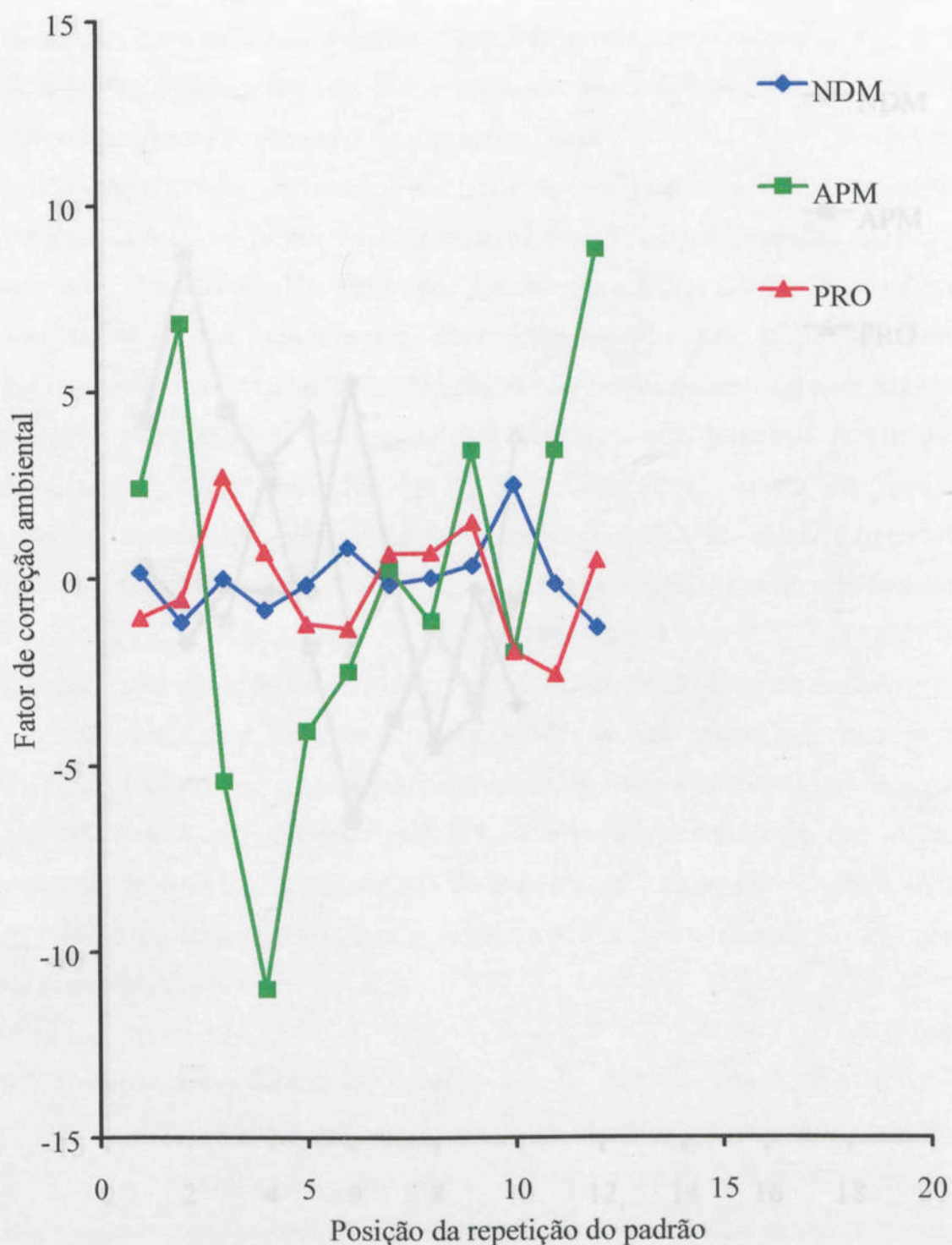


Figura 5 - Variação do fator de correção ambiental utilizado na correção dos valores fenotípicos dos caracteres número de dias na maturação (NDM), altura da planta na maturação (APM) e produção de grãos (PRO) no cruzamento CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), no ano agrícola 1996/97.

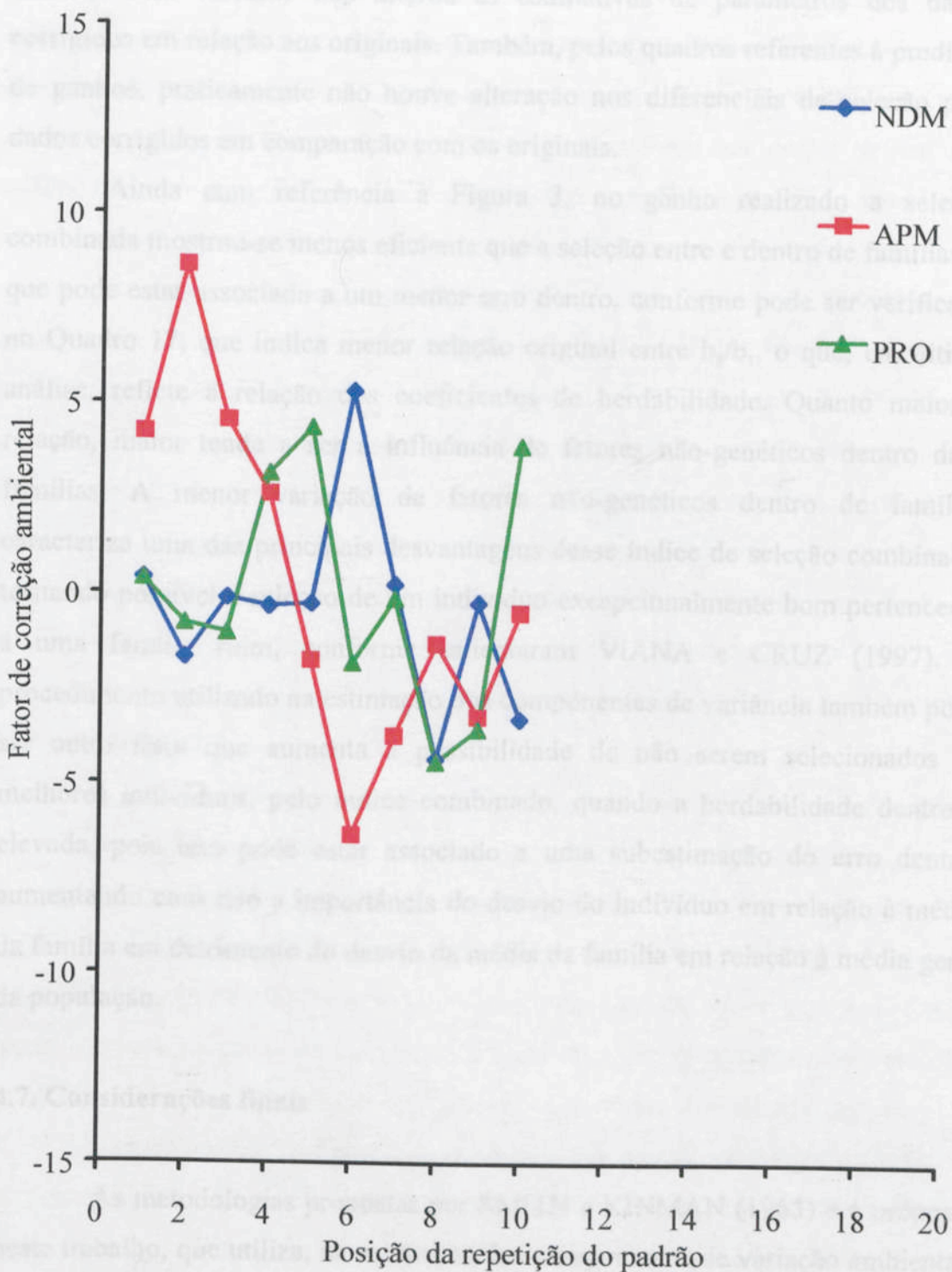


Figura 6 - Variação do fator de correção ambiental utilizado na correção dos valores fenotípicos dos caracteres número de dias na maturação (NDM), altura da planta na maturação (APM) e produção de grãos (PRO) no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT - Cristalina'), no ano agrícola 1996/97.

produção de grãos, o que era reflexo da maior variação dos cultivares-padrão; no entanto, essa variação não alterou as estimativas de parâmetros dos dados corrigidos em relação aos originais. Também, pelos quadros referentes à predição de ganhos, praticamente não houve alteração nos diferenciais de seleção para dados corrigidos em comparação com os originais.

Ainda com referência à Figura 3, no ganho realizado a seleção combinada mostrou-se menos eficiente que a seleção entre e dentro de famílias, o que pode estar associado a um menor erro dentro, conforme pode ser verificado no Quadro 17, que indica menor relação original entre b_2/b_1 , o que, em última análise, reflete a relação dos coeficientes de herdabilidade. Quanto maior a relação, maior tende a ser a influência de fatores não-genéticos dentro das famílias. A menor variação de fatores não-genéticos dentro de famílias caracteriza uma das principais desvantagens desse índice de seleção combinada, tornando possível a seleção de um indivíduo excepcionalmente bom pertencente a uma família ruim, conforme salientaram VIANA e CRUZ (1997). O procedimento utilizado na estimação dos componentes de variância também pode ser outro fator que aumenta a possibilidade de não serem selecionados os melhores indivíduos, pelo índice combinado, quando a herdabilidade dentro é elevada, pois isso pode estar associado a uma subestimação do erro dentro, aumentando com isso a importância do desvio do indivíduo em relação à média da família em detrimento do desvio da média da família em relação à média geral da população.

4.7. Considerações finais

As metodologias propostas por SMITH e KINMAN (1965) e a proposta neste trabalho, que utiliza, na estimação dos componentes de variação ambiental, a variação dos cultivares-padrão, ambas utilizadas na estimação do componente de variância genética aditiva, não se mostraram concordantes, o que pode estar associado a um viés nas estimativas das variâncias genéticas, proporcionando estimativas diferentes para essas metodologias.

A utilização da correção dos dados conforme proposta no presente estudo não alterou a ordem das estratégias de seleção, em comparação com os dados originais quanto à predição de ganhos, o que também pôde ser verificado quanto à magnitude dos ganhos. Isso indicou que esse método de condução da população no campo é eficaz e que novas formas de correção dos dados devem ser avaliadas, uma vez que é um método experimental de fácil manuseio e possibilita a estimação dos parâmetros genéticos em qualquer geração de auto-fecundação.

Embora a correção dos dados não tenha alterado a predição de ganhos em relação aos dados originais, foi obtida uma melhor "performance" nos três cruzamentos, quanto ao ganho realizado, quando se utilizou seleção simultânea considerando, além da produção de grãos, outras duas características menos influenciadas pelo ambiente (número de dias para maturação e altura de planta na maturação). Com isso, foi evidenciado que maior eficiência da correção se verificou em caracteres de menor influência do ambiente. Essa menor eficiência das estratégias que utilizaram apenas produção de grãos na seleção pode estar associada a um incremento do fator de correção que não corresponde à variação do efeito ambiental.

A alteração da resposta à seleção em virtude da correção dos dados pode ocorrer devido à mudança na acurácia dos dados, ou seja, maior ou menor capacidade do fator de correção em detectar as variações devido às causas não-genéticas, refletindo, positivamente, na resposta à seleção quando há incremento na representatividade do valor observado como guia do valor genético. Outra forma de reflexo positivo na resposta à seleção foi o aumento da variação genética. No entanto, aumento na variação dos dados devido à correção pelo efeito ambiental tende a reduzir a herdabilidade, sendo, portanto, necessário incremento do diferencial de seleção capaz de superar a redução da herdabilidade. Logo, a eficiência da correção é medida pela capacidade do fator de correção em gerar equilíbrio entre as duas principais forças da resposta à seleção que podem ser modificadas: a herdabilidade e o diferencial de seleção. Quando se utilizam estratégias de seleção que consideram a informação entre famílias e dentro de famílias, a herdabilidade para a última unidade de seleção

não se altera quando os dados são corrigidos conforme proposto neste trabalho, pois a todos os indivíduos dentro de uma família é somada uma mesma constante, ou deles é subtraída, não ocorrendo, portanto, alteração de variância. Assim, a resposta dentro de família fica apenas conforme o aumento no diferencial de seleção.

Quanto à estimação dos parâmetros úteis na predição de ganhos, verificou-se boa eficiência nos cruzamentos CR1 e CR2, uma vez que estes apresentaram menor variação quanto à magnitude da resposta esperada e do ganho realizado pela seleção corrigido para o ano agrícola da predição.

Este trabalho foi conduzido em Viçosa, Minas Gerais, nos anos agrícolas 1995/96, 1996/97 e 1997/98, com os objetivos de estimar parâmetros úteis para seleção; determinar a variabilidade genética nas populações estudadas; verificar a eficiência da predição de ganhos para dados corrigidos e dados originais; com seleção feita nos dados corrigidos; comparar as estratégias de seleção quanto aos ganhos predito e realizado; e indicar as melhores estratégias de seleção nas condições do presente trabalho.

Foram estimados os ganhos esperados em populações de soja resultantes de três cruzamentos, nas gerações F_1 e V_{10} , e obtidos os ganhos realizados nas gerações F_2 e E_{10} , respectivamente. Na geração F_1 , por ter sido conduzida em "bulk", utilizou-se, para obtenção das estimativas dos parâmetros envolvidos na predição de ganhos, a população F_1 , sendo feita a regressão pai-filho com as gerações para o coeficiente de parentesco de duas gerações. As estimativas dos parâmetros envolvidos na predição para a geração F_2 foram obtidas utilizando-se dados do experimento conduzido com cultivares-padrão intercruzadas. A seleção, aplicada na geração V_{10} , foi feita com base em plantas individuais, procurando evitar redução drástica na variação em produção de grãos. Na geração E_{10} , utilizaram-se estratégias com base em produção de grãos, que consideravam apenas o indivíduo e família e, posteriormente, o indivíduo, a família e o

indivíduo não indica ambiente, utilizando simultaneamente produção de grãos, número de dias para maturação e altura da planta na maturação, considerou-se o indivíduo como unidade de seleção.

Os resultados obtidos permitiram as seguintes conclusões:

A variabilidade resultante mostrou-se com valores muito variáveis entre cruzamentos e entre cruzamentos, com alguns valores que ultrapassaram a unidade, evidenciando diferenças nas condições ambientais de um ano agrícola para outro.

Nas populações conduzidas em "bulk" (geração F_4), a seleção direta da característica é a que promoveu maior aumento de ganhos, o que também correspondeu em nível de campo, no entanto as desigualdades de ganhos preditos e realizados diferiram.

No experimento com cultivares-padrão intercalares (ano agrícola

Este trabalho foi conduzido em Viçosa, Minas Gerais, nos anos agrícolas 1995/96, 1996/97 e 1997/98, com os objetivos de estimar parâmetros úteis para seleção; determinar a variabilidade genética nas populações estudadas; verificar a eficiência da predição de ganhos para dados corrigidos e dados originais, com seleção feita nos dados corrigidos; comparar as estratégias de seleção quanto aos ganhos predito e realizado; e indicar as melhores estratégias de seleção nas condições do presente trabalho.

Foram estimados os ganhos esperados em populações de soja resultantes de três cruzamentos, nas gerações F_4 e F_5 , e obtidos os ganhos realizados nas gerações F_5 e F_6 , respectivamente. Na geração F_4 , por ter sido conduzida em "bulk", utilizou-se, para obtenção das estimativas dos parâmetros envolvidos na predição de ganhos, a população F_5 , sendo feita a regressão pai-filho com as ponderações para o coeficiente de parentesco dessas gerações. As estimativas dos parâmetros envolvidos na predição para a geração F_5 foram obtidas, utilizando-se dados do experimento conduzido com cultivares-padrão intercalares. A seleção, aplicada na geração F_4 , foi feita com base em plantas individuais, procurando evitar redução drástica na variação em produção de grãos. Na geração F_5 , utilizaram-se estratégias, com base em produção de grãos, que consideravam apenas o indivíduo, a família e, posteriormente, o indivíduo, a família e o

indivíduo num índice combinado; utilizando simultaneamente produção de grãos, número de dias para maturação e altura da planta na maturação, considerou-se o indivíduo como unidade de seleção.

Os resultados obtidos permitiram as seguintes conclusões:

- A herdabilidade realizada mostrou-se com valores muito variáveis entre caracteres e entre cruzamentos, com alguns valores que ultrapassaram a unidade, indicando diferenças nas condições ambientais de um ano agrícola para outro.

- Nas populações conduzidas em "bulk" (geração F_4), a seleção direta da característica é a que promoveu maior expectativa de ganhos, o que também correspondeu em nível de campo, no entanto as magnitudes de ganhos preditos e realizados diferiram.

- No experimento com cultivares-padrão intercalares (ano agrícola 1996/97), a população de maior variabilidade genética, tanto entre quanto dentro, foi a originada do cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina').

- A predição de ganhos mostrou-se pouco variante quando se consideraram dados corrigidos e não-corrigidos.

- A maior expectativa de ganhos, em todos os cruzamentos, no ano agrícola 1996/97, foi verificada com a seleção individual, seguida de seleção combinada, seleção entre e dentro de famílias e, por último, seleção "livre de pesos" e "livre de parâmetros".

- A predição de ganhos, para seleção combinada e seleção entre e dentro, mostrou-se coerente, quanto à ordem, para ganho realizado nos cruzamentos CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko RC') e CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8'), sendo invertida no cruzamento CR3 ('CEPS 89-26' × 'FT-Cristalina'). Houve alteração na ordem quanto ao ganho realizado para seleção individual e seleção "livre de pesos" e "livre de parâmetros" nos cruzamentos estudados, em comparação com a predição de ganhos.

- A estimativa dos parâmetros nos cruzamentos CR1 ('CEPS 77-16' × 'Doko RC') e CR2 ('CEPS 89-26' × 'IAC - 8') mostrou-se eficiente, por apresentar maior coerência entre ganho predito e ganho realizado corrigido para ano agrícola.

No experimento com cultivares-padrão intercalares, utilizando-se a correção proposta, a melhor estratégia foi a seleção "livre de pesos" e "livre de parâmetros", em nível de campo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ADAIR, C.R., JONES, J.N. Effect of environment on the characteristics of plants surviving in bulk hybrid populations of rice. *J. Am. Soc. Agron.*, v.38, n.8, p.708-16, 1946.
- ALLARD, R.W. Princípios de melhoramento genético das plantas. São Paulo: Edgard Blücher, 1971, 381p.
- ANAND, S.C., TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the P_3 and F_4 generations of three soybean crosses. *Crop Sci.*, v.3, n.6, p.508-11, 1963.
- BAKER, R.J. Selection indexes without economic weights for animal breeding. *Can. J. anim. Sci.*, v.54, n.1, p.1-8, 1974.
- DONATI, P.A. Herança de tempo para o florescimento e para a maturidade em variedades naturais de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Piracicaba: ESALQ, 1987 (rep. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 1989).
- BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: CALDWELL, P.R. (Ed.). Soybeans: improvement, production and uses. Madison: American Society of Agronomy, 1973. p.133-86.
- BRIM, C.A., JOHNSON, H.W., COCKERHAN, G.C. Multiple selection criteria in soybeans. *Agron. J.*, v.51, n.1, p.42-6, 1952.
- CAMACHO, J.P.E. Varianzas genéticas y heredabilidad de características vegetativas y reproductivas de la soja *Glycine max* (L.) Merr. *Acta agronomica*, v.21, n.4, p.145-52, 1971.

CAMPOS, E.A.C. Efeito da heterose, da herdabilidade e de correlações de algumas características agrônomicas em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) Viçosa, MG: UFV, 1979. 76p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1979.

COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariates among relative when epistasis is present. *Genetics*, v.39, n.1, p.259-92, 1954.

COCKERHAM, C.C. Partitioning of genetic variances. In: HANSON, W.D., ROBINSON, H.F. *Statistical genetics and plant breeding*. Madison: National Academy of Sciences, 1963. p.31-94.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRUZ, P.J., CARVALHO, F.L.P., FEDERIZZI, L.C. Efeitos de populações e métodos de seleção aplicadas em genótipos segregantes de trigo. *Pesq. Agron. Bras.*, v.18, n.3, p.533-41, 1983.

ADAIR, C.R., JONES, J.N. Effect of environment on the characteristics of plants surviving in bulk hybrid populations of rice. *J. Am. Soc. Agron.*, v.38, n.8, p.708-16, 1946.

CRUZ, C.D. Programa GENES - aplicativo computacional em genética e melhoramento. Piracicaba: Editora FAPESP, 1989. 381p.

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

BAKER, R.J. Selection indexes without economic weights for animal breeding. *Can. J. anim. Sci.*, v.54, n.1, p.1-8, 1974.

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

BRIM, C.A. Quantitative genetics and breeding. In: CALDWELL, E.E. (Ed.). *Soybeans: improvement, production and uses*. Madison: American Society of Agronomy, 1973. p.155-86.

BRIM, C.A., JOHNSON, H.W., COCKERHAM, C.C. Multiple selection criteria in soybeans. *Agron. J.*, v.51, n.1, p.42-6, 1959.

CAMACHO, L.H. Varianzas genéticas y heredabilidad de características vegetativas y reproductivas de la soja *Glycine max* (L.) Merr. *Acta agronomica*, v.21, n.4, p.145-52, 1971.

- 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, MG: UFV, 1979. 76p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1979.
- COCKERHAM, C.C. An extension of the concept of partitioning hereditary variance for analysis of covariances among relatives when epistasis is present. **Genetics**, v.39, n.5, p.859-92, 1954.
- COCKERHAM, C.C. Estimation of genetic variances. In: HANSON, W.D., ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Madison: National Academy of Sciences, 1963. p.53-94.
- CRUZ, P.J., CARVALHO, F.I.P., FEDERIZZI, L.C. Efeitos de populações e métodos de seleção aplicados em gerações segregantes de trigo. **Pesq. Agrop. Bras.**, v.18, n.5, p.533-41, 1983.
- CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 390p.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES - Aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1997. 442p.
- EBERHART, S.A. Factors effecting efficiencies of breeding method. **Afr. Soils**, v.15, p.669-72, 1970.
- ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v.19, n.1, p.85-97, 1963.
- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279p.
- FEHR, W.R. **Principles of cultivar development: theory and technique**. New York: Mcmillan, 1987. v.2, 761p.
- FEHR, W. R., CAVINESS, C. E., BURMOOD, D. T., PENNINGTON, J. S. Stage of development descriptions for soybeans (*Glycine max* (L.) Merrill). **Crop Sci.**, v.11, n.6, p.929-31, 1971.
- FISHER, D.S. The correlation between relatives on the supposition of Mendelian inheritance. **Rev. Soc. Trans.**, v.52, p.399-433, 1918.
- FINS, L., FRIEDMAN, S.T., BROTSCHOL, J.V. **Quantitative forest genetics**. London: Kluwer Academic, 1992. 403p.

- FURTADO, M.R. **Alternativas de seleção no delineamento de Comstock e Robinson, em milho.** Viçosa, MG: UFV, 1996. 94p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- GILIOLI, J.L. **Herança do número de dias para floração e maturação em quatro mutantes naturais em soja.** Viçosa, MG: UFV. 1979. 42p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1979.
- GOMES, F.P. **Curso de estatística experimental.** Piracicaba, SP: Nobel, 1990. 468p.
- HALLAWER, A.R., MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding.** Ames: Iowa State University Press, 1981. 468p.
- HANSON, W.D., WEBER, C.R. Analysis of genetic variability from generations of plant-progeny lines in soybeans. **Crop Sci.**, v.2, n.1, p.63-7, 1962.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, n.6, p.476-90, 1943.
- HORNER, T.W., WEBER, C. Theoretical and experimental study of self fertilized populations. **Biometrics**, v.12, n.4, p. 404-16, 1956.
- JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. **Biometrics**, v.39, n.2, p.465-77, 1983.
- JENNINGS, P.R., HERRARA, P.M. Studies on competition in rice. II. Competition in segregating populations. **Evolution**, v.22, n.2, p.332-6, 1968.
- JINKS, J. L., POONI, H.S. Comparative results of selection in the early and late stages of an inbreeding programme. **Heredity**, v.46, n.1, p.1-7, 1981.
- JOHNSON, H.W., ROBINSON, H.F., COMSTOCK, R.E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. **Agronomy J.**, v.47, n.10, p.477-83, 1955.
- KEMPTHORNE, O., NORDSKOG, A.W. Restricted selection indices. **Biometrics**, v.15, n.1, p.10-9, 1959.
- KHALIFA, M.A., QUALSET, C.O. Intergenotypic competition between tall and dwarf wheats. II. In hybrid bulks. **Crop Sci.**, v.15, n.5, p.640-4, 1975.

- KNOW, S.H., TORRIE, J.H. Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. **Crop Sci.**, v.4, n.2, p.196-8, 1964.
- LIN, C.Y. Index selection for genetic improvement of quantitative characters. **Theor. Appl. Genet.**, v.52, n.1, p.49-56, 1978.
- LUEDDERS, V.D., DUCLOS, L.A., MATSON, A.L. Bulk and early generation testing breeding methods compared in soybeans. **Crop Sci.**, v.13, n.3, p.363-4, 1973.
- LUSH, J.L. **Melhoramento dos animais domésticos**. Rio de Janeiro: CEDEGRA, 1964. 566p.
- MALLMANN, I.L., BARBOSA NETO, J.F., CARVALHO, F.I.F., FEDERIZZI, L.C. Mecanismos de seleção aplicados sobre o caráter tamanho de grãos em populações segregantes de trigo. **Pesq. Agrop. Bras.**, v.29, n.3, p.427-37, 1994.
- MAHMUD, I., KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. **Agronomy J.**, v.43 n.12, p.605-9, 1951.
- MILAGRES, J.C. **Melhoramento animal avançado (seleção)**. Viçosa, MG: UFV. Impr. Univ., 1981. 101p.
- MORAIS, O.P. **Análise multivariada da divergência genética dos progenitores, índice de seleção e seleção combinada numa população de arroz oriunda de intercruzamentos, usando macho-esterilidade**. Viçosa, MG: UFV, 1992, 251p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1992.
- MORO, G.L. **Herança da precocidade, herdabilidade de alguns caracteres agrônômicos, correlações entre estes caracteres e heterose em soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, MG: UFV, 1990. 57p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1990.
- MULAMBA, N.M., MOCK, J.J. Improvement of yield potential of eto blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt J. Gen. Cytol.**, v.7, n.1, p.40-51, 1978.
- NYQUIST, W.E. Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. **Critical Rev. in Plant Sci.**, v.10, n.3, p.235-322, 1991.
- PATERNIANI, E., CAMPOS, M.S. Melhoramento do milho. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: Editora UFV, 1999. p. 429-85.

- PATERNIANI, E., MIRANDA FILHO, J. B. Melhoramento de populações: In: PATERNIANI, E., VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção de milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1987. v.1, p.217-274
- PEDERSON, D.G. The prediction of selection response in a self-fertilizing species. I. Individual selection. **Australian J. Biol. Sci.**, v.22, n.1, p.117-29, 1969a.
- PEDERSON, D.G. The prediction of selection response in a self-fertilizing species. II. Individual selection. **Australian J. Biol. Sci.**, v.22, n.5, p.1245-57, 1969b.
- PESEK, J., BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selection indices. **Can. J. Plant Sci.**, v.49, n.5, p.803-4, 1969.
- PIRES, I.E. **Eficiência da seleção combinada no melhoramento genético de *Eucalyptus spp.*** Viçosa, MG: UFV, 1996, 116p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- 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.
- RAMALHO, M.A.P., VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e prática**, v.2, n.2, p.117-40, 1978.
- REIS, E.F. **Predição de ganhos por meio de diferentes estratégias de seleção, em uma população F_6 de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, MG: UFV, 1996, 50p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1996.
- 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**, v.46, n.266, p.411-22, 1999.
- ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D., ROBINSON H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963. p.609-14.
- ROBINSON, H.F., COMSTOCK, R.E., HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. **Agronomy J.**, v.43, n.6, p.282-7, 1951.

- SANTOS, C.A.F. **Análise de trilha e estimativas de parâmetros genéticos em progênies F₆ de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill).** Viçosa, MG: UFV, 1994. 71p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1994.
- SANTOS, V.L.M. **Seleções sobre o número de dias para floração e a altura da planta em soja (*Glycine max* (L.) Merrill) efetuadas em plantios de inverno e de verão.** Viçosa, MG: UFV, 1984. 67p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1984.
- SEDIYAMA, T. **Melhoramento de cultivares no Brasil - Estado de Minas Gerais.** In: MIYASAKA, S., MEDINA, J.C. (Eds.). **A soja no Brasil.** Campinas: 1981. p.334-40.
- SILVA, M.A. **Melhoramento animal (Índice de seleção).** Viçosa, MG: UFV; Imprensa Universitária, 1980. 65p.
- SILVA, M.A. **Melhoramento animal (Métodos de seleção).** Viçosa, MG: UFV; Imprensa Universitária, 1982. 51p.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Ann. Eug.**, v.7, p.240-50, 1936.
- SMITH, J.D., KINMAN, M.L. The use of parent-offspring regression as an estimator of heritability. **Crop Sci.**, v.5, n.6, p.595-6, 1965.
- SOUZA, F.F. **Avaliação de métodos de ajuste de rendimento e estratégias de seleção no melhoramento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill).** Viçosa, MG: UFV, 1998, 61p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- THAKARE, R.B., QUALSET, C.O. Empirical evaluation of single-plant and family selection strategies in wheat. **Crop Sci.**, v.18, n.1, p.115-8, 1978.
- VENCOVSKY, R. Genética quantitativa. In: KERR, W.E. **Melhoramento e genética.** São Paulo: Melhoramentos, 1969. p.17-38.
- VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E., VIEGAS, G.P. **Melhoramento e produção do milho no Brasil.** Campinas: Fundação Cargill, 1987. p.137-214.
- VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento.** Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.
- VIANA, J.M.S., CRUZ, C.D. Combined selection in early generation testing of self-pollinated plants. **Braz. J. of Gen.**, v.20, n.4, p.673-81, 1997.

WEBER, W.E. Selection in segregating of autogamous species. I. Selection response for combined selection. **Euphytica**, v.31, n.2, p.493-502, 1982.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, n.3, p.375-93, 1962.

WRICKE, G., WEBER, W.F. **Quantitative genetics and selection in plant breeding**. Berlin: Walter de Gruyter, 1986. 406p