

# OBTENÇÃO DA HERDABILIDADE E DAS CORRELAÇÕES GENOTÍPICAS, FENOTÍPICAS E DE AMBIENTE NAS GERAÇÕES F<sub>2</sub> E F<sub>3</sub> DE CRUZAMENTOS FATORIAIS EM SOJA<sup>1</sup>

PAULO ROBERTO CECON<sup>2</sup>, AUGUSTO RAMALHO DE MORAIS<sup>3</sup> e CARLOS SIGUEYUKI SEDIYAMA<sup>3</sup>

RESUMO - Utilizando o delineamento II de Comstock & Robinson (1948), foram obtidas expressões para cálculo de estimadores para herdabilidade e correlação fenotípica, genotípica e de ambiente, nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub>, de cruzamentos entre cultivares de soja. Como aplicação foram obtidas as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e de ambiente entre os caracteres: dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagens/planta e número de sementes por planta na geração F<sub>3</sub>.

Termos para indexação: covariância, variância genética, coeficiente de parentesco, componente de variância.

## OBTENTION OF THE HERITABILITY AND PHENOTYPIC, GENOTYPIC AND ENVIRONMENTAL CORRELATIONS IN F<sub>2</sub> AND F<sub>3</sub> GENERATIONS IN THE FACTORIAL CROSSES OF SOYBEAN

ABSTRACT - Expressions for computing the estimators for the heritability and phenotypic, genotypic and environmental correlations in F<sub>2</sub> and F<sub>3</sub> generations, in crosses between soybean cultivars were obtained using the design II proposed by Comstock & Robinson (1948). As an application, the estimates of the phenotypic, genotypic and environmental correlations in F<sub>3</sub> generation for the characters days to maturity, plant heights, numbers of nodes per plant, numbers of pods per plant and numbers of seeds per plant, were obtained.

Index terms: covariance, genetic variance, coefficient of parentage, variance component.

## INTRODUÇÃO

O conhecimento da variabilidade genética existente no material em estudo é indispensável ao melhorista, uma vez que a variância é a matéria-prima do seu trabalho. As causas são as diferenças genéticas e de ambiente, expressas em termos de variância (Falconer, 1981).

A variância genética aditiva ( $\sigma_a^2$ ) é, para o melhorista, uma das mais úteis de todos os componentes, pois de sua magnitude dependerá o sucesso da seleção. Essa variabilidade é importante não só para a seleção de populações segregantes, mas também para a seleção de outros tipos de agrupamentos de genótipos (Kerr, 1969) e pode ser trazida em termos de herdabilidade no sentido restrito.

Outro aspecto genético de grande valor para o melhoramento de plantas, que deve receber atenção especial dos melhoristas, é a estimativa das correlações entre caracteres. A associação entre caracteres, quando existe, pode ser benéfica ao melhoramento de uma população, uma vez que sua estimativa dá idéia da mudança que se pode esperar em alguns caracteres, quando se pratica a seleção em determinada característica (Falconer, 1981).

As herdabilidades das características agrônômicas, estudadas por Anand & Torrie (1963), Johnson & Bernard (1963) apresentam considerável amplitude de variação, em razão das diferenças entre populações, das amostragens e das condições em que foram determinadas.

O conhecimento da herdabilidade de um caráter pode ajudar o melhorista na tomada de decisão sobre a seleção de um determinado caráter, e isso pode ser facilitado pelo estabelecimento de correlação com outros caracteres de importância agrônômica.

Este trabalho está sendo apresentado com o propósito de se poder avaliar a herdabilidade, as

Aceito para publicação em 28 de maio de 1993.

<sup>1</sup> Extraído da Dissertação de Mestrado apresentada pelo primeiro autor à Universidade Federal de Viçosa (UFV).

<sup>2</sup> Eng. Agr., Dr.Sc., UFV, CEP 36570-000, Viçosa, MG.

<sup>3</sup> Eng. Agr., M.Sc., ESAL, CEP 37200-000, Lavras, MG.

<sup>4</sup> Eng. Agr., Ph.D., UFV, CEP 36570-000, Viçosa, MG.

correlações fenotípicas, de ambiente e genotípicas entre pares num cruzamento fatorial de  $m$  machos com  $f$  fêmeas.

## MATERIAL E MÉTODOS

Utilizou-se o delineamento II, de Comstock & Robinson (1948). Nesse delineamento, efetuam-se cruzamentos de  $m$  machos com  $f$  fêmeas: cada macho é cruzado com todas as fêmeas e vice-versa. Disso resulta um total de  $m \times f$  cruzamentos.

Esse delineamento é usado, normalmente, na geração F<sub>1</sub>, mas, neste trabalho, foi usado nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub>.

Para o delineamento II, o modelo é o seguinte (Comstock & Robinson, 1948):

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

sendo:

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

$i$  = 1, 2, ...  $m$  machos;

$j$  = 1, 2, ...  $f$  fêmeas;

$k$  = 1, 2, ...  $n_{ij}$ , sendo  $n_{ij}$  o número de observações provenientes do cruzamento do  $i$ -ésimo macho com  $j$ -ésima fêmea;

$\mu$  = média geral.

"Obs.:  $n_{ij} = K$ , para dados balanceados".

$M_i$  = efeito atribuído ao  $i$ -ésimo macho, sendo  $M_i \sim N(0, \sigma_M^2)$  e

$\sigma_M^2$  = componente da variância devido ao efeito do macho;

$F_j$  = efeito atribuído à  $j$ -ésima fêmea, sendo  $F_j \sim N(0, \sigma_F^2)$  e

$\sigma_F^2$  = componente da variância devido ao efeito da fêmea;

$(MF)_{ij}$  = efeito da interação do  $i$ -ésimo macho e  $j$ -ésimo fêmea, sendo  $(MF)_{ij} \sim N(0, \sigma_{MF}^2)$  e

$\sigma_{MF}^2$  = componente da variância devido à interação entre machos e fêmeas;

$E_{ijk}$  = erro associado à  $k$ -ésima observação do cruzamento do  $i$ -ésimo macho com a  $j$ -ésima fêmea,  $E_{ijk} \sim N(0, \sigma_E^2)$  e

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

De acordo com as hipóteses admitidas pelo modelo, tem-se

$$E(y_{jk}) = \mu$$

A covariância de indivíduos provenientes de progenitores masculinos e femininos comuns na geração F<sub>1</sub> é a covariância de irmãos completos, dada por:

$$\begin{aligned} \text{COV(IC)} &= E[y_{ijk} - E(y_{ijk})][y_{ijk'} - E(y_{ijk'})] \\ &= E[M_i^2 + F_j^2 + (MF)_{ij}^2 + E_{ijk'} + \text{produtos} \\ &\quad \text{duplos}] \end{aligned}$$

Pressupondo independência dos termos no modelo, a esperança dos produtos duplos será zero, desde que a média do erro seja zero. Uma vez que cada termo é normal e independentemente distribuído, a esperança  $E_{ijk} \cdot E_{ijk'}$ , também será zero, e a covariância de irmãos completos será dada por:

$$\text{COV(IC)} = E[M_i^2 + F_j^2 + (MF)_{ij}^2]$$

Logo

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

Da mesma forma, pode-se obter a covariância de meios-irmãos. A covariância de meios-irmãos paterna é

$$\begin{aligned} \text{COV(MIP)} &= E[y_{ijk} - E(y_{ijk})][y_{ijk'} - E(y_{ijk'})] \\ &= E[M_i^2 + F_j F_{j'} + (MF)_{ij} \cdot (MF)_{ij'} + \\ &\quad E_{ijk} \cdot E_{ijk'} + \text{produtos duplos}] \end{aligned}$$

$\text{COV(MIP)} = \sigma_M^2$ , e a covariância de meios-irmãos materna é

$$\text{COV(MIM)} = E[y_{ijk} - E(y_{ijk})][y_{ijk'} - E(y_{ijk'})] = E(F_j^2), \text{ onde}$$

$$\text{COV(MIM)} = \sigma_F^2$$

Logo, a covariância de meio-irmão é

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

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

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

TABELA 1. Análise de variância da geração  $F_2$ .

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

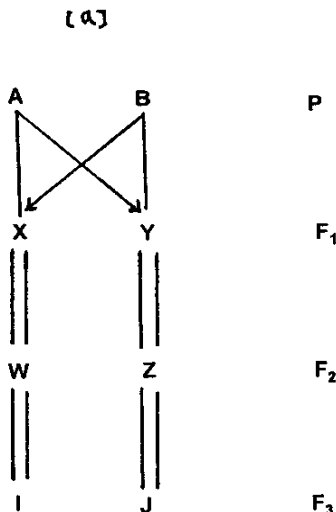
$$COV(PIC)^1 = 2r_{IJ}\sigma_A^2 + \delta_{ij}\sigma_D^2 + (2r_{IJ})^2\sigma_{AA}^2 + (\delta_{ij})^2\sigma_{DD}^2$$

(Turner & Young, 1969)

sendo  $r_{IJ}$  o coeficiente de parentesco entre I e J (Malécot, 1948).

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

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



$$r_{X,Y} = r_{A,B,A,B} = \frac{1}{4}(r_{A,A} + r_{A,B} + r_{B,A} + r_{B,B})$$

$$r_{X,Y} = \frac{1}{4} \left( \frac{1}{2}(1 + F_A) + 0 + 0 + \frac{1}{2}(1 + F_B) \right) = \frac{1}{4}(1 + 0 + 0 + 1) = \frac{1}{2}$$

(<sup>1</sup> COV(PIC) = covariância das progênes de irmãos completos)

Considerando  $\delta$  a probabilidade de os dois alelos do indivíduo i serem idênticos, por ascendência, aos dois alelos do indivíduo j, tem-se

$$\delta_{ij} = r_{W,W}r_{Z,Z} = r_{W,Z}r_{W,Z} + r_{W,Z}r_{W,Z} = \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \cdot \frac{1}{2} = \frac{1}{4} + \frac{1}{4} = \frac{1}{2}$$

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

$$= \sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2 + \sigma_{AA}^2 + \frac{1}{4}\sigma_{DD}^2$$

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

(COV(PMI) = Covariância das progênes de meios-irmãos)

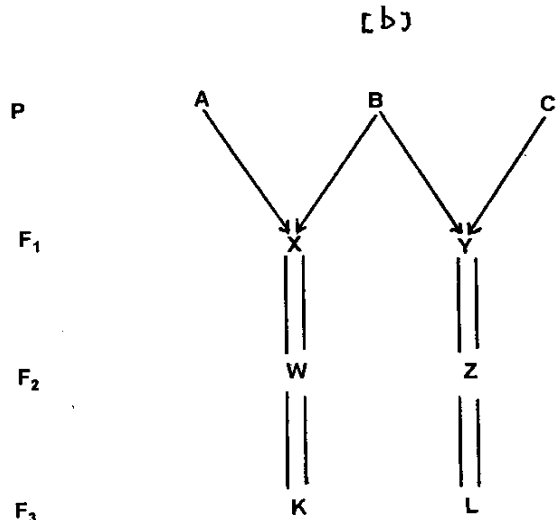


FIG. 1. Esquema da obtenção das progênes de irmãos completos [a] e meios-irmãos [b].

$$r_{KL} = r_{w,w,z,z} = r_{w,z}$$

$$r_{w,z} = r_{x,y}$$

$$\begin{aligned} r_{x,y} &= r_{A,B,B,C} = \frac{1}{4}(r_{A,B} + r_{A,C} + r_{B,B} + r_{B,C}) \\ &= \frac{1}{4}\left(0 + 0 + \frac{1}{2}(1 + (F_B)) + 0\right) \end{aligned}$$

Então,

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

Portanto,

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

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

onde

- $\sigma_A^2$  = variância genética aditiva;
- $\sigma_D^2$  = variância devido à dominância;
- $\sigma_{AA}^2$  = variância genética aditiva por aditiva;
- $\sigma_{AD}^2$  = variância genética aditiva por dominante;
- $\sigma_{DD}^2$  = variância devido à dominância por dominância.

Para o caso específico deste estudo, admitiu-se ausência da interação:

$$\sigma_1^2 = \sigma_{AA}^2 + \sigma_{AD}^2 + \sigma_{DD}^2 + \text{etc.}$$

Então, tem-se que

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

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

Logo

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

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

$$\sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{MF}^2$$

$$\sigma_{MF}^2 = \sigma_A^2 + \frac{1}{2}\sigma_D^2 - \sigma_A^2$$

$$\sigma_{MF}^2 = \frac{1}{2}\sigma_D^2$$

$$\sigma_D^2 = 2\sigma_{MF}^2$$

Portanto

$$\sigma_G^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{MF}^2$$

onde

$$\sigma_G^2 = \text{variância genotípica } \sigma_G^2 = \sigma_A^2 + \sigma_D^2 + \sigma_1^2$$

e

$$\sigma_P^2 = \sigma_M^2 + \sigma_F^2 + \sigma_{MF}^2 + \sigma_E^2$$

onde

$$\sigma_P^2 = \text{variância fenotípica.}$$

Os componentes de variância utilizados nos cálculos das covariância de irmãos completos e meios-irmãos da geração  $F_1$ , foram os mesmos das gerações  $F_2$  e  $F_3$ , variando apenas, em cada caso, os coeficientes das variâncias mencionadas. Isso resultou do fato de se utilizarem sempre as médias de fileiras da geração posterior para representar a progênie da planta da geração anterior.

O esquema geral das análises de variância da geração  $F_2$  e  $F_3$  encontram-se nas Tabelas 1 e 2, respectivamente.

**TABELA 2** Análise de variância da geração  $F_3$ .

F.V.	G.L.	Q.M.	E(Q.M.)
Machos	1 - 1	$M_4$	$\sigma_e^2 + k_4\sigma_{MF}^2 + K_5\sigma_M^2$
Fêmeas	J - 1	$M_3$	$\sigma_e^2 + k_2\sigma_{MF}^2 + K_3\sigma_F^2$
Machos x Fêmeas	(J - 1)(1 - 1)	$M_2$	$\sigma_e^2 + k_1\sigma_{MF}^2$
Resíduo	n. - IJ	$M_1$	$\sigma_e^2$
Total	n..		

Os valores de  $k_1, k_2, k_3, k_4,$  e  $k_5$  foram calculados com o emprego das seguintes expressões:

$$k_1 = \frac{\left[ n_{..} - \frac{\sum n_{ij}^2}{\sum n_i} - \frac{\sum n_{ij}^2}{\sum n_j} + \frac{\sum n_{ij}^2}{n} \right]}{(I - 1)(J - 1)}$$

$$k_2 = \frac{\left[ \frac{\sum n_{ij}^2}{\sum n_j} - \frac{\sum n_{ij}^2}{n} \right]}{J - 1}$$

$$k_3 = \frac{\left[ \frac{\sum n_j^2}{n_{..}} - \frac{j}{n} \right]}{J - 1}$$

$$k_4 = \frac{\left[ \frac{\sum n_{ij}^2}{\sum n_i} - \frac{\sum n_{ij}^2}{n} \right]}{I - 1}$$

$$k_5 = \frac{\left[ \frac{\sum n_i^2}{n_{..}} - \frac{i}{n} \right]}{I - 1}$$

sendo

- I = número de machos;
- J = número de fêmeas;
- $n_{..}$  = número total de observações
- $n_{ij}$  = número de observações provenientes do cruzamento do  $i$ -ésimo macho com a  $j$ -ésima fêmea;
- $n_i$  = total de observações provenientes do  $i$ -ésimo macho;
- $n_j$  = total de observações provenientes da  $j$ -ésima fêmea.

Os componentes de variância da geração  $F_2$  foram estimados do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}^2 = M_1; \sigma_{MF}^2 = \frac{(M_2 - M_1)}{K};$$

$$\sigma_F^2 = \frac{(M_3 - M_2)}{KI}; \sigma_M^2 = \frac{(M_4 - M_2)}{KJ};$$

Os componentes de variância da geração  $F_3$  foram estimados do seguinte modo:

$$\hat{\sigma}^2 = M_1;$$

$$\sigma_{MF}^2 = \frac{(M_2 - M_1)}{k_1};$$

$$\sigma_F^2 = \frac{(M_3 - M_1)}{k_3} - \frac{k_2(M_2 - M_1)}{k_1 \cdot k_3};$$

$$\sigma_M^2 = \frac{(M_4 - M_1)}{k_5} - \frac{k_4(M_2 - M_1)}{k_1 \cdot k_5};$$

**a. Herdabilidade**

O cálculo da herdabilidade na população  $F_3$  foi determinado, com base em plantas individuais, com a utilização da fórmula de Mahmud & Kramer (1951).

$$H = \frac{\sigma_{F_3}^2 - \sqrt{\sigma_{P_1}^2 \cdot \sigma_{P_2}^2}}{\sigma_{F_3}^2}$$

sendo

- H = estimativa da herdabilidade no sentido amplo;
- $\sigma_{F_3}^2$  = variância da população  $F_3$ ;
- $\sigma_{P_1}^2$  e  $\sigma_{P_2}^2$  = variância dos progenitores.

Na geração  $F_2$ , o cálculo da herdabilidade é obtido segundo Smith & Kinman (1965):

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

sendo

- $h^2$  = estimativa da herdabilidade no sentido restrito;
- $\hat{b}$  = estimativa do coeficiente de regressão da média das linhas da geração  $y$ , em relação às plantas da geração  $x$ ;
- $r_{xy}$  = coeficiente de parentesco entre as gerações  $x$  e  $y$  e em que  $r_{xy} = \left( \frac{1}{2} + F_x \right)$ , sendo  $F_x$  o coeficiente de endogamia da geração  $x$ .

Desta maneira, a herdabilidade no sentido restrito pode ser estimada pela fórmula

$$h^2 = \frac{2}{3} \hat{b},$$

$$\text{pois } F_{F_2} = \frac{1}{2} e \text{ e } r_{F_2, F_3} = \frac{3}{4}$$

### b. Coeficiente de correlação

As estimativas dos coeficientes de correlação na geração F<sub>3</sub>, foram obtidas com o uso das seguintes fórmulas (Johnson et al., 1955 e Mode Robinson, 1959).

a. Estimador do coeficiente de correlação fenotípica ( $r_p$ )

$$r_p = \frac{C\hat{O}V_p(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{P_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{P_y}^2}}$$

sendo

$C\hat{O}V_p(x,y)$  = estimador da covariância fenotípica dos caracteres x e y, e

$\hat{\sigma}_{P_x}^2$  e  $\hat{\sigma}_{P_y}^2$  = estimadores das variâncias fenotípicas dos caracteres x e y, respectivamente, como definidos anteriormente.

b. Estimador do coeficiente de correlação genotípica ( $r_g$ )

$$r_g = \frac{C\hat{O}V_g(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{G_y}^2}}$$

sendo

$C\hat{O}V_g(x,y)$  = estimador da variância genotípica dos caracteres x e y, e

$\hat{\sigma}_{G_x}^2$  e  $\hat{\sigma}_{G_y}^2$  = estimadores das variâncias genotípicas dos caracteres x e y, respectivamente, como definidos anteriormente.

c. Estimador do coeficiente de correlação ambiente ( $r_e$ )

$$r_e = \frac{C\hat{O}V_e(x,y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{e_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{e_y}^2}}$$

sendo

$C\hat{O}V_e(x,y)$  = estimador da covariância de ambiente dos caracteres x e y, e

$\hat{\sigma}_{e_x}^2$  e  $\hat{\sigma}_{e_y}^2$  = estimadores das variâncias de ambiente dos caracteres x e y, respectivamente, como definidos anteriormente.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

Para a obtenção dos dados nos quais foi aplicado o método, foi necessário a instalação de dois experimentos. No experimento I (F<sub>2</sub>), as sementes foram distribuídas normalmente nos sulcos e cobertas com terra. Os sulcos eram espaçados de 0,60 cm, com densidade de 24 plantas/m, e tinham comprimento variável. Foram utilizadas 150 plantas consecutivas em cada fileira.

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

Para o segundo experimento (F<sub>2</sub>) foram selecionadas 120 plantas F<sub>2</sub> de cada tratamento que tinham 20 ou mais sementes.

O experimento também foi constituído dos mesmos 16 tratamentos, constituídos de 150 linhas de 60 cm de comprimento, espaçados de 60 cm. Cada tratamento tinha 20 plantas, com 30 linhas de progenitores, 15 do progenitor 1 e 15 do progenitor 2, e 120 linhas de plantas F<sub>3</sub>, oriundas de sementes de plantas individuais F<sub>2</sub>.

Foram considerados os caracteres:

- Dias de maturação;
- Altura da planta;
- Número de nós/planta;
- Número de vagem/planta e
- Número de sementes/planta.

A aplicação da metodologia foi realizada apenas nos cálculos dos coeficientes de correlação entre os caracteres da geração F<sub>3</sub>.

O resumo da análise de variância dos caracteres encontra-se na Tabela 3, e as estimativas dos coeficientes de correlação, na Tabela 4.

As correlações genotípicas foram superiores às correspondentes correlações fenotípicas entre os pares de caracteres. Isso indica que a expressão fenotípica da associação entre as variáveis é diminuída pelas influências do ambiente.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e de ambiente entre os caracteres estudados foram de alta magnitude, à exceção de dias para maturação, que apresentou baixa correlação com os demais caracteres.

A existência de correlações de ambiente significativas e positivas mostra que os pares de caracteres são influenciados pelas mesmas variações nas condições ambientais (Falconer, 1981).

Os coeficientes de correlação de ambiente entre

TABELA 3. Análise de variância de dias para maturação, altura da planta, número de nós/planta, número de vagem/planta e número de sementes/planta, na geração F<sub>3</sub>.

F.V.	G.L.	Quadrados médios				
		Dias para Maturação	Altura da Planta	Número de Nós/Planta	Número de Vagem/Planta	Número de Sementes/Planta
Machos	3	15992,10 <sup>ns</sup>	29728,00**	494,60**	202558,00**	674565,00
Fêmeas	3	66779,90**	152289,00**	2696,40**	580745,00**	1698044,00**
Machos x Fêmeas	9	6363,60**	1894,00**	43,00**	4851,00**	93081,00**
Resíduo	4645	16,00	283,00	9,6	3596,00	14462,00
CV (%)		3,10	36,70	30,20	80,40	84,4

\*\*F: Significativo ao nível de 1% de probabilidade;

ns: Não-significativo ao nível de 5% de probabilidade.

TABELA 4. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica ( $r_p$ ), genotípica ( $r_G$ ) e de ambiente ( $r_e$ ) correspondentes às combinações dos cinco caracteres, na geração F<sub>3</sub>.

		Caracteres			
		Altura da planta	Número de nós/planta	Número de vagem/planta	Número de sementes/planta
Dias de maturação	P	0,423 <sup>ns</sup>	0,309 <sup>ns</sup>	0,346 <sup>ns</sup>	0,302 <sup>ns</sup>
	G	0,704**	0,634**	0,817**	0,767**
	E	0,084**	0,078**	0,088**	0,086**
Altura da planta	P		0,789 <sup>ns</sup>	0,509 <sup>ns</sup>	0,482 <sup>ns</sup>
	G		0,925**	0,766**	0,758**
	E		0,744**	0,436**	0,416**
Número de nós/planta	P			0,696 <sup>ns</sup>	0,667 <sup>ns</sup>
	G			0,841**	0,823**
	E			0,661**	0,637**
Número de vagem/planta	P				0,972 <sup>ns</sup>
	G				0,991**
	E				0,970**

ns: Não-significativo ao nível de 1% de probabilidade teste t;

\*\* : Significativo ao nível de 1% de probabilidade;

\* : Significativo ao nível de 5% de probabilidade.

dias para maturação e os demais caracteres, apesar de significativas ( $P < 0,01$ ), não têm valor prático, em razão da sua pequena magnitude. Essa significância foi atingida por causa do elevado número de graus de liberdade do teste.

## REFERÊNCIAS

ANAND, S.C., TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in F<sub>3</sub> and F<sub>4</sub> generations of three soybean crosses. *Crop Science*, v.3, n.6, p.508-511, 1963.

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*, v.4, p.254-266, 1948.

FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: Imprensa Universitária, 1981. 279p. Tradução de M. de A. Silva e J.C. Silva.

JOHNSON, H.W., BERNARD, R.L. Soybean genetic and breeding. In: NORMAN, A.G. (Ed.). *The soybean*. N.Y.: Academic Press, 1963, p.1-73.

JOHNSON, H.W.; ROBINSON H.F.; COMSTOCK,

- R.E. Estimates of genetic and environmental variability in soybean. *Agronomy Journal*, v.47, p.314-318, 1955.
- KERR, W.W. *Melhoramento e genética*. São Paulo: Editora da Universidade de São Paulo, 1969. 301p.
- MAHMUO, I.; KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. *Agronomy Journal*, v.43, n.12, p.605-609, 1951.
- MALÉCOT, G. *Les mathématiques de l'hérédité*. Paris: Masson et Cie., 1948. vi+63p.
- MODE, G.L.; ROBINSON, H.F. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics*, v.15, p.518-537, 1959.
- SMITH, J.D.; KINMAN, N.L. The use of parent-offspring regression as a estimator of herdability *Crop Science*, v.5, n.3, p.545-596, 1965.
- TURNER, H.N.; YOUNG, S.S.Y. *Quantitative genetics in sheep breeding*. Ithaca: Cornell University Press, 1969. 332p.