

FERNANDA GABRIELA TEIXEIRA

**HERANÇA DA PRECOCIDADE E DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM  
SOJA E SELEÇÃO DE LINHAGENS COM BASE EM ÍNDICES DE SELEÇÃO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de  
Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-  
graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração  
em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiuyiki Hamawaki

Co-orientadora

Prof. Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)  
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

---

T266h  
2017      Teixeira, Fernanda Gabriela, 1991-  
Herança da precocidade e de caracteres agronômicos em soja e  
seleção de linhagens com base em índices de seleção / Fernanda Gabriela  
Teixeira. - 2017.  
88 f. : il.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.  
Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,  
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.  
Inclui bibliografia.

1. Agronomia - Teses. 2. Soja - Melhoramento genético - Teses. I.  
Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki. II. Nogueira, Ana Paula Oliveira. III.  
Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em  
Agronomia. IV. Título.

---

CDU: 631

FERNANDA GABRIELA TEIXEIRA

**HERANÇA DA PRECOCIDADE E DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM  
SOJA E SELEÇÃO DE LINHAGENS COM BASE EM ÍNDICES DE SELEÇÃO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em

Prof. Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira  
(co-orientadora)

UFU

Dr<sup>a</sup>. Jacqueline Siqueira Glasenapp

UFU

Dr<sup>a</sup>. Flávia Aparecida Amorim

Naturalle

Prof. Dr. Osvaldo Toshiuyiki Hamawaki  
ICIAG-UFU  
(Orientador)

UBERLÂNDIA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2017

À Deus.

Ao Gustavo Coelho, meu esposo.

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

À Deus, por ser luz e força na minha vida.

Ao Gustavo, meu esposo, por ser a pessoa mais incrível do mundo e estar sempre ao meu lado.

À minha família e à família do meu esposo, pelo cuidado e carinho.

Ao professor Dr. Osvaldo, pela oportunidade de participar do Programa de Melhoramento de Soja da UFU e pela orientação.

À professora Dr<sup>a</sup>. Ana Paula, pela orientação, atenção, profissionalismo, suporte e ensinamentos transmitidos.

Ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia e à Universidade Federal de Uberlândia, pelo suporte acadêmico, pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado, pelas instalações e serviços prestados.

Aos membros da banca examinadora, Dr<sup>a</sup>. Flávia Aparecida Amorim e Dr<sup>a</sup>. Jacqueline Siqueira Glasenapp, pela disponibilidade de participação e contribuição na melhoria do trabalho.

Às minhas amigas, Anna Regina, Beliza e Sílvia, pelo companheirismo, alegria e amizade durante essa trajetória.

Ao Alex, pelo grande coração e imensa ajuda durante meu último ano de mestrado.

A todos os alunos de graduação e pós-graduação do Programa de Melhoramento de Soja da UFU que contribuíram para realização desta pesquisa.

Aos meus gestores e colegas de trabalho, que permitiram e supriram minhas ausências.

A todos vocês, muito obrigada!

## SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1. INTRODUÇÃO GERAL .....	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	3
2.1. Origem da Soja.....	3
2.2. Importância da Soja e Produção.....	4
2.3. Aspectos Botânicos e Morfológicos da Soja.....	5
2.4. Crescimento, Desenvolvimento e Considerações quanto ao Ciclo da Soja .....	8
2.5. Melhoramento de Soja .....	10
2.6. Importância do Melhoramento para Ciclo em Soja .....	11
2.7. Estudo de Herança e Parâmetros Genéticos .....	12
2.8. Índices de Seleção em Soja.....	16
3. REFERÊNCIAS .....	19
<b>CAPÍTULO 1. Herança da Precocidade e de Caracteres Agronômicos em Soja... 28</b>	
RESUMO.....	28
ABSTRACT.....	29
1. INTRODUÇÃO.....	30
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	32
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	37
4. CONCLUSÕES .....	49
5. REFERÊNCIAS .....	50
<b>CAPÍTULO 2. Parâmetros genéticos e seleção de linhagens de soja com base em índices de seleção..... 55</b>	
RESUMO.....	55
ABSTRACT.....	56
1. INTRODUÇÃO.....	57
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	59
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	67
4. CONCLUSÕES .....	82
5. REFERÊNCIAS .....	83

## RESUMO

TEIXEIRA, FERNANDA GABRIELA. **Herança da precocidade e de caracteres agronômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção**. 2017, 93p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.<sup>1</sup>

Os programas de melhoramento têm buscado o desenvolvimento de cultivares mais precoces, que possibilitem a rotação de culturas e apresentem menor pressão aos fatores bióticos e abióticos. Assim, o estudo de herança para ciclo em soja contribui para fornecer estimativas de parâmetros genéticos, que são essenciais para a escolha de métodos utilizados nas etapas iniciais e avançadas de seleção. A decisão quanto ao método adotado é importante, pois a seleção para apenas um caráter pode provocar uma série de mudanças desfavoráveis em outros caracteres. Alternativamente, os índices de seleção associam as informações de vários caracteres e permitem efetuar a seleção simultânea entre eles, com eficiência. Nesse contexto, esta dissertação está subdividida em: revisão de literatura acerca da cultura e melhoramento da soja, parâmetros genéticos e índice de seleção, e dois capítulos. No primeiro capítulo, realizou-se uma pesquisa objetivando determinar a herança de caracteres relacionados à precocidade e de caracteres agronômicos em população segregante de soja, proveniente de genitores contrastantes para ciclo. Em casa de vegetação, localizada na fazenda Capim Branco da UFU, avaliaram-se as gerações P1, P2, F1 e F2 provenientes do cruzamento biparental entre as cultivares UFUS 6901 e MG/BR46 Conquista. A herdabilidade variou de 2,36% para número de grãos por vagem a 85,39% para número de dias para maturidade, e o número de genes que controla esses caracteres foi de 160 e dois, respectivamente. Na população F2, constatou-se a existência de segregantes transgressivos para todos os caracteres, exceto número de dias para maturidade, número de nós e altura de inserção da primeira vagem. A variância genética e a herdabilidade dos caracteres agronômicos da população F2, proveniente da hibridação de MG/BR 46 Conquista e UFUS 6901, permite a obtenção de ganhos de seleção de indivíduos superiores quanto ao ciclo e demais caracteres. No segundo capítulo, encontra-se um estudo cujos objetivos foram estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e realizar seleção de linhagens de soja, utilizando índices de seleção. Em condições de campo, na estação experimental da fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), avaliaram-se 37 genótipos de soja em delineamento de blocos casualizados com três repetições, nos quais foram determinados os caracteres agronômicos e de produtividade e grãos. Verificaram-se 12 genótipos com ciclo total de até 110 dias e que estiveram nos mesmos grupos das cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910. Três linhagens, UFUS FG 03, UFUS FG 20 e UFUS FG 31, destacaram-se quanto à produtividade de grãos com valores superiores à média nacional de 3072 kg ha<sup>-1</sup>. A seleção direta possibilitou os maiores ganhos individuais para os caracteres. O índice base de Willians (1962) e o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentaram o maior ganho de seleção para a produtividade de grãos. E o índice da distância genótipo-ideótipo e o índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) apresentaram maiores valores de ganho de seleção total. As linhagens UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 e UFUS FG 31 destacaram-se como genótipos superiores em todos os métodos de seleção direta e índices de seleção.

**Palavras-chave:** *Glycine max*, análise de gerações, ganho de seleção.

<sup>1</sup>Orientador: Professor Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU e Co-orientadora: Professora Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU.

## ABSTRACT

TEIXEIRA, FERNANDA GABRIELA. **Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean and selection of lineages based on selection indexes**. 2017, 93p. Dissertation (Master degree in Agronomy / Phytotechnology) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.<sup>1</sup>

Breeding programs have sought the earlier cultivars development, which allow the rotation of crops and present less pressure on biotic and abiotic factors. Therefore, the inheritance for soybean cycle study contributes in providing estimates of genetic parameters, which are essential for the methods choice used in the initial and advanced stages of selection. The decision about the method adopted is important, because the selection for only one trait can cause a series of unfavorable changes in other traits. Alternatively, the selection indexes associate the information of several traits and allow to make an efficient simultaneous selection between them. In this context, this dissertation is subdivided into literature review about soybean crop and breeding, genetic parameters and selection index and two chapters. In the first chapter, a research was carried out to determine the inheritance on traits related to precocity and agronomic characters in a soybean segregating population, coming from contrasting parents to the cycle. In a greenhouse, located at UFU's Capim Branco farm, where the P1, P2, F1 and F2 generations were evaluated from the two-parent crosses between cultivars UFUS 6901 and MG/BR46 Conquista. Heritability ranged from 2.36% for number of grains per pod to 85.39% for number of days to maturity, and the number of genes controlling those traits was 160 and two, respectively. In F2 population, there were transgressive segregants for all traits, except number of days to maturity, number of nodes and height of the first pod insertion. The genetic variance and the heritability of the agronomic traits for the F2 population coming from the hybridization of MG/BR 46 Conquista and UFUS 6901 allows the selection of superior individuals for the cycle and other traits to be obtained. The Second chapter contains a study whose objectives were to estimate genetic parameters for agronomic traits and to perform soybean strains selection using selection indexes. On field conditions, at the experimental station of Capim Branco farm, Federal University of Uberlândia (UFU), a total of 37 soybean genotypes were used in a randomized block design with three replicates, in which the agronomic traits, yield and grains were determined. It was tested twelve genotypes with a total cycle of up to 110 days and that were in the same groups of cultivars MSOY 6101 and UFUS 7910. Three lines, UFUS FG 03, UFUS FG 20 and UFUS FG 31, stood out for grain yield with values higher than the national average of 3072 kg ha<sup>-1</sup>. The right selection enabled the highest traits individual gains. The base index of Williams (1962) and the classic index proposed by Smith (1936) and Hazel (1943) presented the highest selection gain for grain yield. The genotype-ideotype distance index and the ranks sum index of Mulamba & Mock (1978) presented higher values of total selection gain. The lines UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 and UFUS FG 31 stood out as superior genotypes in all methods of direct selection and selection indexes.

**Key-words:** *Glycine max*, generation analysis, selection gains.



## 1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma leguminosa da família Fabaceae originária da China (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Foi introduzida no Brasil no século XIX na Bahia, sendo que sua produção teve início no Sudeste e expandiu-se para todo o país. Atualmente, tem grande importância para o consumo interno e exportação, contribuindo significativamente para o agronegócio e para a economia nacional (CASTRO et al., 2015). Destaca-se como fonte de matéria-prima para produção de farelo para agroindústria, alimentação humana, ração animal, óleo vegetal e biocombustíveis (APROSOJA, 2016).

O Brasil é o segundo maior produtor de soja no mundo, com estimativas de produção em cerca de 104 milhões de toneladas na safra 2016/2017 (CONAB, 2017). Isso porque o país tem condições climáticas favoráveis para produção da leguminosa, principalmente no Centro-Sul do país. Além disso, os incentivos fiscais e o melhoramento genético possibilitaram a expansão da cultura para a região Nordeste. Os programas de melhoramento de soja têm contribuído para o aumento da produção e avanço da cultura no país pela ampliação dos locais de adaptação, aumento de produtividade de grãos, e resistência a pragas e doenças (MATSUO et al., 2012; BORÉM; MIRANDA, 2013; VAL et al., 2014).

Dessa forma, o avanço do melhoramento de soja no Brasil possibilita o desenvolvimento de cultivares que atendam ao interesse do mercado atual. A crescente expansão do mercado da oleaginosa no país tem exigido o uso de cultivares mais precoces, que possibilitem a colheita em momento mais adequado, o sistema integrado de soja (verão) e milho safrinha (inverno) e a menor pressão de doenças, como doenças foliares e doenças final de ciclo: *Septoria glycines* (mancha parda), *Cercospora kikuchii* (crestamento foliar de Cercospora) e *Phakopsora pachyrhizi* (ferrugem asiática) (CRUZ et al., 2010; SILVA et al., 2011; MEOTTI et al., 2012; CAMARGO, MORAES, 2014).

Existem dez genes que controlam o tempo de florescimento e maturidade, e estão relacionados à determinação do ciclo da soja. Eles são os genes E1e1, E2e2, E3e3, E4e4, E5e5, E6e6, E7e7, E8e8, E9e9 e Jj (WATANABE et al., 2012; JIANG et al., 2014; KONG et al., 2014). O conhecimento desses genes, juntamente com o estudo de herança para o ciclo em soja, contribui para o desenvolvimento de cultivares mais precoces. A estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos, como herdabilidade e ganhos com a seleção, possibilita a escolha de métodos e caracteres utilizados nas

etapas iniciais e avançadas de programas de melhoramento, permitindo, ainda, estudar mecanismos, valores genéticos e variabilidade para o caráter (VASCONCELOS et al., 2010).

Por meio da análise de populações segregantes é possível conhecer a variabilidade genética e a herança de caracteres e, conseqüentemente, auxiliar na identificação do melhor método de melhoramento a ser adotado. Em estudos de gerações precoces, as estimativas de parâmetros genéticos são de suma importância no processo de seleção dos genótipos mais promissores (MORCELI JUNIOR et al., 2008).

Conhecendo os parâmetros genéticos, as etapas de seleção e recomendação envolvem a análise do desempenho relativo dos genótipos, uma vez que ele pode variar de um ambiente de cultivo para outro (COSTA et al., 2004). Além disso, o melhoramento para um caráter principal, como o ciclo, deve manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012). Contudo, a seleção direta de caracteres de herança quantitativa, que são influenciados pelo ambiente e estão inter-relacionados, pode provocar uma série de mudanças desfavoráveis em outras características (VASCONCELOS et al., 2010).

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014; VASCONCELOS et al., 2010). Desse modo, os índices de seleção constituem-se em uma alternativa adicional que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, através da combinação de vários caracteres (ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013). Assim, selecionar progênies superiores é um processo complexo, pois os caracteres de importância agrônômica são de natureza quantitativa, correlacionados entre si, e em sua maioria apresentam baixa herdabilidade (LEITE et al., 2016).

Nesse contexto, o presente trabalho tem como objetivos: estimar parâmetros genéticos por intermédio da análise de população segregante de soja, provenientes de genitores contrastantes para ciclo e determinar parâmetros genéticos e índices de seleção em linhagens de soja, para seleção simultânea de caracteres de interesse econômico.

## **2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA**

### **2.1. Origem da Soja**

A soja tem origem na região central e nordeste da China e está entre as culturas mais antigas do mundo. Há relatos que indicam ser conhecida pelo homem há mais de 5.000 anos a.C. (BONETTI, 1981). Nessa época, era considerado um dos grãos sagrados, juntamente com o arroz, o trigo, a cevada e o milho (MULLER, 1981).

A soja cultivada nunca foi encontrada na forma silvestre (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013), e é muito diferente dos seus ancestrais, que eram plantas rasteiras que se desenvolviam na costa leste da Ásia. Sua evolução começou com o aparecimento de plantas oriundas de cruzamentos naturais entre duas espécies de soja selvagem que foram domesticadas e melhoradas por cientistas da antiga China. A Ásia, principalmente a China, é a região com maior variabilidade genética e também o mais provável centro primário de diversidade (centro de origem), especificamente a região ao longo do Vale do Rio Amarelo. Como centro secundário (domesticação), tem-se a região da Manchúria (noroeste da China) (CHUNG; SINGH, 2008).

O cultivo de soja no Ocidente iniciou-se na segunda década do século XX, a partir da exploração comercial como forrageira e, posteriormente, como grão, pelos Estados Unidos. A partir de 1941, a área cultivada para grãos nesse país superou a área para forragem, cujo cultivo declinou rapidamente até desaparecer em meados dos anos 1960. Nesse contexto, a área cultivada para a produção de grãos cresceu de forma exponencial não apenas nos EUA como também no Brasil e na Argentina, que são os três maiores produtores mundiais (EMBRAPA, 2013).

No Brasil, a cultura foi introduzida quando os primeiros materiais genéticos foram testados no Estado da Bahia em 1882, porém o germoplasma trazido dos EUA não era adaptado para as condições de baixa latitude. Em 1891 novos materiais foram cultivados no estado de São Paulo e apresentaram relativo êxito na produção de feno e grãos. Em 1900, a soja foi cultivada no Rio Grande do Sul com sucesso, em virtude das condições edafoclimáticas similares àquelas prevalentes na região de origem dos materiais avaliados, principalmente em relação ao fotoperíodo (CHUNG e SINGH, 2008, COSTA; SANTANA, 2013).

O cultivo de soja expandiu-se por todo país e é encontrado nos mais diferentes ambientes, como pode ser percebido pelo avanço do cultivo em áreas de Cerrado.

Assim, as boas condições físicas dos solos que facilitaram as operações com máquinas agrícolas, o regime pluviométrico altamente favorável e o baixo valor da terra, fizeram o bioma Cerrado no Brasil Central ser responsável por quase 50% da produção nacional de soja. As regiões Norte e Nordeste se destacam no cenário do agronegócio brasileiro quanto à produção de soja. Estabeleceu-se uma nova fronteira agrícola chamada de MATOPIBA, que compreende os estados do Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia e que também vem se destacando no mercado nacional de grãos (FREITAS, 2011).

## **2.2. Importância da Soja e Produção**

A soja é um alimento de grande interesse socioeconômico para o Brasil, pois seus grãos são ricos em proteínas (cerca de 40%) e lipídios (cerca de 20%). Apresenta um relevante papel socioeconômico em razão da multiplicidade de aplicações na alimentação humana e animal, além de ser matéria-prima indispensável para impulsionar diversos complexos agroindustriais, tais como o de sementes, fertilizantes, agrotóxicos e máquinas agrícolas (MAUAD et al., 2010, BACAXIXI, et al., 2011; COSTA; SANTANA, 2013).

Sua importância reside no fato de ser uma das principais fontes de proteína e óleo vegetal para a segurança alimentar, pois, juntamente com o milho, é a base da formulação de rações para a alimentação de aves, suínos e bovinos. Ademais, por causa dos avanços na indústria de alimentação humana, é utilizada na formulação vários alimentos.

É uma commodity padronizada e uniforme que apresenta alta liquidez e demanda no mercado. O Brasil tem a soja como um dos principais produtos exportados e seu cultivo ganha cada vez mais importância no cenário da agricultura mundial. Os investimentos em pesquisas para o desenvolvimento de novas cultivares vem aumentando, o que melhora significativamente a produção (LAZZAROTTO e HIRAKURI, 2010; PIRES et al., 2015).

O Brasil é o segundo maior produtor de soja do mundo, com produção estimada em 103.778,3 mil toneladas de soja em grãos na safra 2016/17. A expectativa indica crescimento da área plantada no país, atingindo aumento de 1,6% em relação à safra passada, totalizando 33.787,2 mil hectares. A produtividade é em torno de 3.072 kg.ha<sup>-1</sup>, 7,0% acima da safra anterior, de 2.870 kg.ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2017).

A região Centro-Oeste é a principal região produtora da oleaginosa no país, com destaque para o estado do Mato Grosso com a produção de 29.082,5 mil toneladas, área plantada de 9.259,0 mil hectares e produtividade de 3.141 kg.ha<sup>-1</sup> na safra 2016/17. O segundo maior estado produtor de soja no Brasil é o Paraná com produção de 17.024,9 mil toneladas, área planta de 5.244,9 mil hectares e produtividade de 3.246 kg.ha<sup>-1</sup>, seguido dos estados do Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul, com produção de 17.024,9, 15.381,0 e 7.868,0 mil toneladas, respectivamente. Os cinco estados maiores produtores de soja, totalizam 76,62% da safra brasileira de grãos. O chamado MATOPIBA (Maranhão, Piauí, Tocantins e Bahia) contribui com, aproximadamente, 11,44% da safra total (CONAB, 2017).

A produção mundial de soja para a safra 2016/17 é de cerca de 336 milhões de toneladas. Se comparada à safra anterior, houve um aumento de 7,31%, ou seja, haverá produção mundial de 22,89 milhões de toneladas a mais que a safra passada. Os Estados Unidos com 35,31%, o Brasil com 30,35% e a Argentina com 16,96% são responsáveis por 82,62% da safra mundial (CONAB, 2017).

A expectativa de produção de soja nos Estados Unidos na safra 2016/17 está em torno de 118,69 milhões de toneladas. Para a Argentina, avalia-se produção de 57 milhões de toneladas de soja em grãos e aumento de 200 mil toneladas (0,35%) em relação à estimada na safra 2015/16 (CONAB, 2017).

A China é o maior importador de soja do mundo, responsável por 62,79% de todas as importações mundiais. Em segundo lugar vem a União Europeia com 10,07%. Quanto à exportação, o Brasil é o maior exportador de soja em grãos do mundo, com 58,40 milhões de toneladas, responsável por 41,93% de todas as exportações mundiais. Os Estados Unidos vêm em segundo lugar com 40,06%, com 55,79 milhões de toneladas. E a Argentina, em terceiro lugar, com 6,66%, sendo a maior parte da soja processada internamente, com a exportação de apenas 9,0 milhões de toneladas. Juntos, esses três países são responsáveis por 88,46% de todas as exportações mundiais (CONAB, 2017).

### **2.3. Aspectos Botânicos e Morfológicos da Soja**

A soja pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (Leguminosae), subfamília *Faboideae* (Papilionoideae), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill (SEDIYAMA,

2009). A soja é constituída por  $2n = 40$  cromossomos, caracterizando-se como um poliploide que se comporta citologicamente como um diploide.

A planta da soja é anual e apresenta variabilidade para características morfológicas, as quais são influenciadas pelo ambiente (MÜLLER, 1981; SEDIYAMA et al., 1996). A raiz possui eixo principal pivotante e ramificações ricas em nódulos de bactérias fixadoras de nitrogênio atmosférico. As cultivares comerciais apresentam caule herbáceo, ereto e pouco ramificado (NEPOMUCENO et al., 2008). O hipocótilo é a primeira porção desenvolvida do caule, com cor verde ou roxa em virtude da presença de antocianina em diferentes intensidade e extensão (MÜLLER, 1981).

O desenvolvimento terminal do caule é dependente do tipo de crescimento da planta. O tipo de crescimento é uma característica diferenciadora de cultivares de soja, e pode variar entre determinado, semideterminado ou indeterminado. O crescimento determinado é caracterizado por plantas que possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, tendo o crescimento vegetativo paralisado após o florescimento, ou estendendo no máximo 10% de sua altura final. Normalmente, possuem maior ramificação, menor altura e, conseqüentemente, menor número de nós. As folhas da parte superior do caule são semelhantes às demais (NOGUEIRA et al., 2009).

No crescimento semideterminado, as plantas também apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, contudo, na ocasião do florescimento apresentam 70% da sua altura final, podendo crescer após a floração. As cultivares de crescimento indeterminado mantêm a gema vegetativa após o florescimento, desenvolvendo os nós e alongando o caule (MULLER, 1981; SEDIYAMA, TEIXEIRA e REIS, 2013). Desse modo, têm maior altura e número de nós na haste principal e, após a maturação, pode ter duas vezes a altura que possuía no florescimento (NOGUEIRA et al., 2009).

Dois genes, (Dt1/dt1) e (Dt2/dt2), controlam a característica tipo de crescimento. O genótipo (dt1dt1) é responsável pelo tipo de crescimento determinado, e o (Dt1Dt1) pelo tipo de crescimento indeterminado, enquanto (Dt1dt1) expressa fenótipo semideterminado. O gene (Dt2/dt2) na sua forma dominante também causa o fenótipo semideterminado na presença de (Dt1\_), (dt1) é epistático em relação ao (Dt2/dt2) (BERNARD, 1972).

As plantas de soja possuem folhas trifolioladas, exceto pelas cotiledonares ou embrionárias, e o primeiro par de folhas simples ou unifolioladas no nó acima do nó cotiledonar (NEPOMUCENO et al., 2008). As flores da soja são completas, ou seja, formadas por cálice, corola, androceu e gineceu. Têm flores de cor branca ou em

diferentes tonalidades de roxo, sendo condicionadas pelos genes *w1w1* branca, *W1\_* roxa, e os dois genes (*W3/w3*) e (*W4/w4*), que influenciam a intensidade da cor roxa. (WOODWORTH, 1923).

É uma espécie autógama, com órgãos masculinos e femininos protegidos na corola, o que contribui para uma taxa de autofecundação maior de 95% (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009). Possui o mecanismo da cleistogamia, onde a fecundação do óvulo ocorre antes da abertura do botão floral (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Desenvolvem vagens levemente arqueadas que, à medida que amadurecem, evoluem da cor verde para o amarelo-pálido, marrom-claro, marrom ou cinza, e que podem conter de uma a cinco sementes lisas, elípticas ou globosas, de tegumento amarelo pálido, com hilo preto, marrom, ou amarelo-palha (NEPOMUCENO et al., 2008). Apresenta potencial para produzir até 400 vagens por planta, em condições normais de cultivo; todavia, as cultivares nacionais apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta (SEDIYAMA, 2016). A cor da vagem é controlada por dois genes, (*L1/l1*) e (*L2/l2*), em que o genótipo (*l1l1L2L2*) condiciona a cor marrom (DESTRO et al., 1990). A cor de pubescência pode ser cinza ou marrom, com diferentes intensidades. Essa característica se deve ao gene (*T/t*), cujo genótipo recessivo (*tt*) condiciona a cor cinza (WOODWORTH, 1923). O gene (*Td/td*), por sua vez, controla a intensidade do pigmento marrom (BERNARD, 1972).

A semente de soja possui variações quanto à forma, tamanho, cor do tegumento, cor do hilo e cor dos cotilédones. A forma pode ser globosa, elipsoidal ou oval. A cor do tegumento pode ser amarela, verde, marrom ou preta, brilhante ou fosco. No tegumento encontra-se o hilo, em sua extremidade a micrópila, e abaixo desta, o hipocótilo. O hilo é do tipo cicatriz e possui formato de linear-elíptico a ovalado, sua cor pode ser marrom, amarela, marrom-claro, marrom-escuro, preta imperfeita e preta (MÜLLER, 1981; SEDIYAMA, et al., 1996).

A estatura das plantas varia de acordo com as condições do ambiente e do cultivar. A estatura ideal está entre 60 a 110 cm, que pode facilitar a colheita mecânica e evitar o acamamento. A altura de inserção da primeira vagem é uma característica importante, medida a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal. O espaçamento entre plantas e entre linhas e a arquitetura da planta são algumas variáveis que atuam sobre a altura de inserção de primeira vagem. O valor

considerado adequado para a colheita mecanizada é acima de dez centímetros, pois abaixo disso pode provocar perdas no momento da colheita (BONETTI, 1981).

#### **2.4. Crescimento, Desenvolvimento e Considerações quanto ao Ciclo da Soja**

A floração da soja responde ao nictoperíodo, ou duração da noite (NEPOMUCENO et al., 2008), no entanto, normalmente refere-se ao fotoperíodo. O fotoperíodo, caracterizado pelo número de horas de luz por dia, é um dos fatores ambientais mais importantes que interfere na passagem da soja do estágio vegetativo para o reprodutivo.

A soja é uma espécie de dias curtos, pois é induzida ao florescimento quando o comprimento do dia é menor que determinado nível crítico (BARROS; SEDIYAMA, 2009). Porém, essa sensibilidade ao fotoperíodo varia entre as cultivares (WATANABE; HARADA; ABE, 2012).

Cultivares de período juvenil curto percebem o estímulo para indução floral a partir do estágio de desenvolvimento V2, podendo ser induzidas ao florescimento com a planta jovem, resultando em baixa altura e produtividade. As cultivares de período juvenil longo possuem uma fase vegetativa em que são insensíveis ao fotoperíodo, estando aptas a perceberem o estímulo para indução floral somente a partir do estágio de desenvolvimento V5. Assim, as plantas atingem maior altura, maior peso de matéria seca e, conseqüentemente, maior produção (SEDIYAMA et al., 2016).

Além do fotoperíodo, o ciclo de cultivo da soja é influenciado também por outros fatores, entre eles, temperatura, altitude, regime hídrico e ocorrência de doenças. A maturação pode ser acelerada pela ocorrência de altas temperaturas, enquanto que temperaturas baixas na fase de colheita podem provocar atraso. A faixa de temperatura ideal para a cultura é entre 20°C e 30°C (EMBRAPA, 2011).

A indução ao florescimento ocorre somente quando as temperaturas estão acima de 13°C. O aumento de temperaturas médias superiores a 24°C, em especial as noturnas, ocasiona rápido crescimento vegetativo, enquanto temperaturas inferiores a 24°C normalmente retardam o florescimento em até três dias, para cada decréscimo de 0,5°C. A maturação das vagens é acelerada pela ocorrência de altas temperaturas. Estas, quando associadas à alta umidade relativa do ar, comprometem a qualidade da semente (SEDIYAMA et al., 1996; NOGUEIRA et al., 2013).



As cultivares de soja possuem ciclo de vida que pode variar de 75 a 200 dias, contados desde a emergência até a maturação. A sensibilidade ao fotoperíodo é uma característica variável entre as cultivares, que são classificadas em grupos de maturidade, com base no seu ciclo. Essa classificação varia conforme a região, sendo o ciclo precoce de até 100 dias, semiprecoce entre 101 a 110 dias; médio de 111 a 125 dias; semitardio entre 125 e 145 dias; e tardio, quando é maior que 145 dias. A fase vegetativa é o período da emergência da plântula até a abertura das primeiras flores e a fase reprodutiva compreende o período do início da floração até a maturação (NEPOMUCENO et al., 2008).

São descritos dez genes que atuam em caracteres associados ao ciclo da soja. Os genes E1/e1 e E2/e2 controlam o tempo para florescimento e maturidade (BERNARD, 1971). E3/e3 atuam no florescimento e maturidade sob condições de dias curtos (BERNARD; WEISS, 1973). Para os genes E4/e4, o alelo dominante confere sensibilidade ao fotoperíodo, atrasando o florescimento em dias longos (BUZZELI; VOLDENG, 1980). Quanto aos genes E5/e5, o alelo E5 ocasiona atraso na maturidade (McBLAIN e BERNARD, 1987). E6/e6 atua no florescimento e maturidade precoce, com o alelo recessivo sendo responsável pelo atraso no florescimento e maturidade (BONATO; VELLO, 1999). No caso de E7/e7, além de atuar na maturidade, o alelo e7 condiciona à sensibilidade ao fotoperíodo (COBER; VOLDENG 2001). Nos genes E8/e8, o alelo dominante é responsável pelo atraso na maturidade (COBER et al., 2010). O novo gene E9/e9 contribui para condições precoces de florescimento e maturidade, sendo que E9E9 resulta em maturidade precoce e e9e9 resulta em maturidade tardia (KONG et al., 2014). O gene *J*, por sua vez, resulta em período juvenil longo (WATANABE; HARADA; ABE, 2012).

Xia et al. (2012) afirmam que a identificação dos principais genes relacionados ao tempo de florescimento e à maturidade é um pré-requisito para a compreensão da regulação do ciclo em soja. E que pesquisas adicionais sobre os genes ajudarão a entender a rede reguladora que controla o tempo de floração e a resposta ao fotoperíodo. Segundo Kong et al. (2014), a adaptabilidade da soja para uma ampla gama de latitudes é atribuída à variação natural nos principais genes que controlam o tempo de floração e maturação. A identificação de novos genes e a compreensão da sua base molecular é fundamental para melhorar a produtividade da soja.

## **2.5. Melhoramento de Soja**

Os programas de melhoramento de soja têm contribuído para expansão da área cultivada no Brasil e para o aumento da produtividade de grãos, atuando intensivamente no desenvolvimento de novas cultivares e em sua adaptação para as diferentes regiões do país (MATSUO et al., 2012; BORÉM; MIRANDA, 2013; VAL et al., 2014).

A soja é uma das principais fontes de proteína vegetal, utilizada tanto na alimentação humana quanto na alimentação animal (LIMA et al., 2015). A demanda mundial pelo consumo de soja tende a ser crescente a cada ano, exigindo melhores técnicas de manejo da cultura e cultivares de boa adaptação e de alta estabilidade produtiva (EMBRAPA, 2013; LEMOS et al., 2011; OLIVEIRA et al., 2016). Ao longo dos anos, com a expansão da cultura e os avanços tecnológicos, houve um aumento significativo do rendimento e cada vez mais a necessidade de introduzir novas cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas das diversas regiões produtoras do país (ANSELMO et al., 2011).

A implantação de programas de melhoramento de soja no Brasil possibilitou o avanço da cultura para regiões de Cerrado e baixas latitudes, com o desenvolvimento de cultivares com alta estabilidade e adaptabilidade, as quais apresentam caracteres agronômicos desejáveis, tolerantes aos estresses bióticos e abióticos, resistência a herbicidas e alta produtividade de grãos (FREITAS, 2011; EMBRAPA, 2013). Isso foi possível em virtude da incorporação de genes que atrasam o florescimento mesmo em condições de fotoperíodo indutor, conferindo a característica de período juvenil longo (KIIHL e GARCIA, 1989).

O melhoramento genético da soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares, possibilitando o aumento de variabilidade pela recombinação e seleção dos melhores genótipos de uma população, que são essenciais para atender à crescente demanda de maior produção no mercado (COSTA et al., 2004). Elevados ganhos genéticos têm sido obtidos por métodos convencionais de melhoramento, que podem ser combinados com a utilização de marcadores genéticos (PELUZIO et al., 2009).

O melhoramento convencional da soja envolve várias fases, desde o desenvolvimento das populações, avaliação, seleção de famílias até a recomendação de linhagens. Primeiramente, são desenvolvidas as populações segregantes, por intermédio de hibridações artificiais entre genitores distintos com caracteres desejáveis, visando à

obtenção e seleção, baseadas em caracteres agronômicos, de genótipos superiores. Essas populações são conduzidas por várias gerações até obter a homozigose. Entre as populações em gerações mais avançadas, são selecionadas plantas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, para permitir a seleção e a avaliação dos genótipos superiores. Os ensaios ocorrem por meio de testes de progênes e seleção de linhagens possuindo características agronômicas desejáveis e, finalmente, o lançamento de uma nova cultivar (ALMEIDA; KIIHL, 1998; ALMEIDA et al., 1999; LOPES et al., 2002; BAENZIGER et al., 2006; BACAXIXI et al., 2011; DINIZ, et al., 2014).

Considera-se no processo de seleção, o aspecto das progênes quanto às características agronômicas, como uniformidade do ciclo, tipo de crescimento, porte, atributos gerais para produtividade, resistências à deiscência das vagens, ao acamamento e às doenças (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013).

## **2.6. Importância do Melhoramento para Ciclo em Soja**

O avanço produtivo e a expansão do mercado de soja têm exigido o uso de cultivares mais precoces, sendo o ciclo uma das características agronômicas de destaque para o melhoramento genético. O uso de cultivares de ciclo precoce e semiprecoce permite a utilização do sistema de sucessão de culturas, diminuindo a degradação física, química e biológica do solo, que poderia levar à queda na produtividade das culturas.

O Estado de São Paulo tem cerca de 25% de sua produção de soja ocorrendo em áreas de reforma de canaviais, no processo de rotação cultural soja e cana-de-açúcar. Nesse caso, é necessário utilizar cultivares de soja de ciclo entre 120 e 130 dias, as quais propiciam a colheita em tempo ideal para o plantio da cana-de-açúcar (TANIMOTO, 2002; EMBRAPA, 2013; SELESTRINO et al., 2014). Nesse contexto, a soja contribui para amortizar cerca de 40% do custo de implantação do novo canavial, no sistema de plantio direto sobre a palhada de cana-de-açúcar (BORGES et al., 2013).

O uso cultivares de soja precoces permite também a instalação de milho segunda safra após a colheita da soja (CRUZ et al., 2010; MEOTTI et al., 2012). No ano agrícola 2016/2017, estima-se que a área cultivada com milho de segunda safra é de 10.534,8 mil hectares, enquanto a área ocupada por milho de primeira safra é de aproximadamente 5.549,1 mil hectares (CONAB, 2016). Nos últimos anos, percebe-se uma tendência entre os agricultores brasileiros das principais regiões produtoras de

grãos do país na adoção do sistema integrado de soja (verão) e milho safrinha (inverno) com a semeadura da leguminosa na safra principal.

Vários fatores têm levado os agricultores a usarem o sistema de rotação soja - milho safrinha, mas o principal deles é que essa sucessão de culturas proporciona lucratividade, em especial pela diluição dos custos fixos da propriedade em duas safras. Além da otimização do solo, das máquinas e mão de obra da propriedade, a soja de ciclo precoce é colhida em época de mercado favorável e com preços melhores do que os obtidos no auge do período de colheita (CAMARGO, MORAES, 2014).

Além disso, os genótipos de ciclo precoce permanecem menos tempo no campo, e estão sujeitos à menor pressão de doenças. Um complexo de doenças, chamadas de doenças de final de ciclo da soja, provoca reduções consideráveis no rendimento da cultura. Este complexo de doenças é composto por mancha parda (*Septoria glycines*), crestamento de cercospora (*Cercospora kikuchii* Mat.e Tomoy. M.W. Gardner), antracnose (*Colletotrichum dematium* var. *truncata*), seca da haste e vagem (*Phomopsis spp*), míldio (*Peronospora manshurica* (Naoum.) Syd) e ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) (FINOTO et al., 2011).

Em áreas com recursos hídricos limitados, o padrão de cultivo da soja é considerado como um dos aspectos cruciais, sendo a maturidade precoce um dos caracteres de maior interesse para os agricultores. Em áreas favoráveis para o desenvolvimento e cultivo de soja, mas que sofrem de seca, as variedades de soja de ciclo precoce têm vantagens ao escapar dos impactos da seca (GATUT\_WAHYU et al., 2014).

Em face da demanda do mercado atual, é importante o melhoramento genético de soja quanto ao ciclo. O lançamento de cultivares mais precoces permite ao produtor reduzir custos com a cultura no campo e minimizar os riscos que podem surgir em função de fatores bióticos e abióticos.

## **2.7. Estudo de Herança e Parâmetros Genéticos**

O avanço de gerações em um programa de melhoramento apresenta dificuldades, como o longo período associado ao número de gerações e a demanda adicional de recursos humanos e financeiros. Uma das formas de reduzir isso é a eficiente escolha dos métodos de melhoramento e dos genitores promissores logo nas gerações iniciais (ZORZETTO et al., 2008). Essas escolhas estão diretamente relacionadas ao

conhecimento da herança do caractere de interesse, que pode ser adquirido com base em estudos com populações segregantes.

A herança genética para precocidade na cultura de soja é muito importante para os programas de melhoramento e no desenvolvimento de novas cultivares que atendam aos interesses do mercado atual. A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos esperados com seleção, têm importância em programas de melhoramento genético. Eles possibilitam a tomada de decisões relacionadas à escolha do método mais apropriado para a seleção em etapas iniciais e avançadas de um programa, e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (ROSSMANN, 2001; VASCONCELOS et al., 2010).

A compreensão dos padrões de herança da característica de dias para maturidade em soja contribuirá para o desenvolvimento de novas cultivares de alto rendimento e rápida maturação. Para isso, o desenvolvimento de cultivares mais precoces requer compreensão dos caracteres genéticos relacionados a essa característica, principalmente no que se refere à forma como esses caracteres podem ser herdados entre as gerações filiais (GATUT\_WAHYU et al., 2014).

A análise de populações segregantes obtidas por meio de cruzamentos dialélicos é o método normalmente utilizado para estudos de herança em soja. São utilizados genitores homozigotos contrastantes para uma característica e feita hibridação dois a dois, para a obtenção das plantas F1, que darão origem à geração F2 e assim por diante. As gerações segregantes fornecem estimativas de parâmetros genéticos essenciais (LEFFEL; WEISS, 1958), como a herdabilidade ampla e restrita, a estimativa do número de genes, a capacidade geral e específica de combinação, a heterose, a aditividade, a dominância, a sobredominância e a epistasia. As estimativas dos parâmetros genéticos e a sua compreensão são importantes para se conhecer a estrutura genética da população e fazer a inferência de sua variância genética (BALDISSERA et al., 2014).

O coeficiente de herdabilidade ( $h^2$ ) é um dos parâmetros genéticos mais úteis para o trabalho dos melhoristas, podendo ser conceituado como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total (VENCOVSKY; BARRIGA 1992; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Este parâmetro está fortemente relacionado aos ganhos de seleção, sendo que quanto maior a herdabilidade de um caráter, maior a chance de sucesso na seleção.

Os valores de herdabilidade variam de zero a um. A herdabilidade será igual a um, quando toda a variação expressa for de natureza genética, e igual a zero, quando a variação entre indivíduos for unicamente de natureza ambiental (CRUZ, 2005). Valores maiores que 0,5 representam alto coeficiente de herdabilidade, valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 indicam coeficiente de herdabilidade médio e, menores que 0,2, referem-se a coeficiente de herdabilidade baixo (ALLARD, 1974; SILVEIRA et al., 2006). Esse valor pode ser aumentado não somente pela introdução de mais variação genética na população, mas pelo melhoramento das condições experimentais, de modo a reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total.

É possível determinar a herdabilidade no sentido amplo e no sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo corresponde à razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto que, no sentido restrito, constitui-se na razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (ALLARD, 1974; FALCONER; MACKAY, 1996). A herdabilidade varia de acordo com as características agronômicas e os fatores que afetam essas estimativas são: o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BOREM; MIRANDA, 2013).

Leite et al. (2015), avaliando parâmetros genéticos entre caracteres de interesse agrônomo em uma população de 28 genótipos de soja de ciclo tardio, encontraram valores estimados em relação à herdabilidade no sentido amplo acima de 70% para todos os caracteres: altura da planta no florescimento e na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, produtividade de grãos, número de nós e número de vagens.

Zhang et al. (2015), estudando a base genética e os marcadores moleculares para número de dias para florescimento, número de dias para maturidade, número de dias entre o florescimento e maturidade, e altura da planta na maturidade, encontraram valores de herdabilidade de 95,6%, 94,2%, 92,2% e 82,8%, respectivamente, para cada um desses caracteres.

Leite et al. (2016) avaliaram 27 linhagens de soja em F8 no estado do Piauí, quanto aos caracteres: altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de dias para maturidade, peso dos grãos, número de nós e número de vagens. Além disso, encontraram variação dos valores estimados para o coeficiente de herdabilidade entre 53% a 94%, indicando que a

perspectiva de sucesso pela seleção fenotípica é grande. Para produtividade de grãos, a herdabilidade estimada foi de 53%, que é o menor coeficiente de herdabilidade que pode ser atribuído ao comportamento quantitativo e à grande influência do ambiente.

Bizari et al. (2017), estudando índices de seleção para caracteres agronômicos em populações segregantes de soja em São Paulo, determinaram que os caracteres com maior valor de herdabilidade foram número de dias para maturidade (91,7%), seguido por teor de óleo (86,21%), valor agronômico (74,97%) e rendimento de grãos (71,31%). Dentre os valores mais baixos, foram encontrados os caracteres número de vagens (54,19%) e altura da planta na maturidade (65,73%).

O número de genes é outro parâmetro genético, em que a sua estimativa é um indicativo do tipo de herança que controla um caráter, se é de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (LOBO et al., 2005). O conhecimento do número de genes envolvidos no controle de uma determinada característica traz informações sobre o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo, de forma que quanto maior o número de genes envolvidos, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população e maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose completa (BALDISSERA et al., 2014).

A estimativa dos parâmetros genéticos para caracteres economicamente importantes permite definir o momento em que a seleção será mais eficiente e qual a intensidade a ser aplicada (MUNIZ et al., 2002). O comportamento de populações de soja nas gerações iniciais é pouco conhecido, em virtude da dificuldade de realização de hibridações e pela quantidade limitada de sementes F1 (ZORZETTO et al., 2008). Os testes das gerações iniciais F1, F2, F3 podem ser feitos em ambientes diversos, possibilitando estimar a capacidade de combinação e efeitos sobre a expressão fenotípica dos caracteres associados a parâmetros genéticos de seleção (ROCHA; VELLO, 1999). Para os melhoristas, é interessante a obtenção de variabilidade que resulte em ganhos genéticos significativos (MUNIZ, 2007; VASCONCELOS et al., 2015).

Assim, com o auxílio dos parâmetros genéticos, é possível identificar genótipos superiores e selecionar os melhores genitores para futuras hibridações. Além disso, é possível escolher qual o melhor método de melhoramento para cada caso (VILELA, 2008).

## 2.8. Índices de Seleção em Soja

O sucesso do melhoramento genético de plantas consiste na existência de variabilidade genética para seleção de genótipos superiores. Os indivíduos selecionados devem reunir diversas características favoráveis para elevar o rendimento e satisfazer as exigências do mercado. Contudo, selecionar progênies superiores é um processo complexo, pois os caracteres de importância agrônômica são de natureza quantitativa, geralmente correlacionados entre si e, em sua maioria, apresentam baixa herdabilidade (BÁRBARO et al., 2009; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016). Diante da complexidade dos caracteres, o uso de critérios de seleção mais eficientes é requerido.

Para a obtenção de genótipos superiores, é necessário reunir diferentes características favoráveis que confirmem rendimento comparativamente maior e satisfaçam as exigências do mercado. Com isso, a seleção baseada em um ou poucos caracteres mostra-se inadequada, levando a um produto final superior apenas em relação aos poucos caracteres selecionados (VASCONCELOS et al., 2010).

O conhecimento do comportamento associativo e das correlações genéticas existentes entre caracteres de interesse permite identificar variáveis que possam ser utilizadas na seleção indireta sobre outra variável, principalmente quando a herdabilidade do caráter principal é baixa (BÁRBARO et al., 2007; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; HAMAWAKI et al., 2012; NOGUEIRA et al., 2012). A estimativa de herdabilidade, ganho genético e correlações genéticas permite ao melhorista a escolha da estratégia de melhoramento mais indicada (HAMAWAKI et al., 2012; LEITE et al., 2016).

A seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (VASCONCELOS et al., 2010; REZENDE et al., 2014). Desse modo, o índice de seleção constitui-se em uma alternativa, que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, com a combinação linear de vários caracteres (GONÇALVES et al., 2007; ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013).

Com os índices de seleção, obtêm-se um valor numérico que funciona como caráter resultante da combinação de determinados caracteres escolhidos pelo pesquisador, sobre os quais se deseja praticar a seleção simultânea. De modo geral, o ganho sobre o caráter é reduzido, no entanto essa redução é compensada por uma



melhor distribuição dos ganhos favoráveis nos demais caracteres. Diferentes índices referem-se a alternativas de seleção e de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente as progênies que podem ser mais adequadas para os propósitos do melhorista (CRUZ; REGAZZI, 1994; BÁRBARO et al., 2007).

O uso dos índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que proporciona maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, o que é mais adequado aos programas de melhoramento (COSTA et al., 2004). As diferentes metodologias de índices de seleção propostas possibilitam alternativas de seleção e, consequentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (REZENDE et al., 2014). Os índices de seleção mais utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice de Pesek e Baker (1971), índice base de Williams (1962), índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), e índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013).

A seleção direta consiste na obtenção de ganhos máximos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção e, dependendo da associação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, que não foram considerados no processo seletivo (CRUZ, 2013).

O índice clássico, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), consiste em uma combinação linear de vários caracteres de importância econômica. Os coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos.

O índice base de Williams (1962) propõe o estabelecimento de índices mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos. O índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1971) propõe a substituição dos pesos econômicos pelos ganhos desejados para o caráter. A construção do índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres.

O índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013) possibilita definir os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados favoráveis para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores. Há destaque para o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um

dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Esse índice apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (REZENDE et al., 2014).

Estudando linhagens de soja em geração F8 no Piauí, Leite et al. (2016) observaram que o índice clássico de Smith e Hazel e o índice base de Willians apresentaram os maiores ganhos genéticos para a produtividade de grãos em soja, com 16,71% e 21,84%, respectivamente.

Além disso, no estudo de Leite et al. (2016), o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou maiores valores de ganhos totais em soja, com 36,9% quando considerados a produtividade de grãos, os números de nós e os número de vagens como caracteres principais, e 58,52% quando considerados todos os caracteres como principais. Porém, o índice base de Williams foi considerado neste trabalho como o critério mais adequado para a situação analisada.

Bizari et al. (2017), ao compararem diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou os ganhos mais favoráveis ao estudo. Também foram utilizados os critérios da seleção direta, índice clássico de Smith & Hazel, índice base de Williams, índice baseado nos ganhos desejados de Pesek & Baker e índice da distância genótipo-ideótipo.

Bons resultados foram encontrados em trabalhos com índices de seleção realizados com soja (COSTA et al., 2004; BÁRBARO et al., 2007; BIZARI et al., 2017), e também com eucalipto (MARTINS; MARTINS; PINHO, 2006; PAULA et al., 2002), milho (FREITAS JÚNIOR et al., 2009), milho de pipoca (RANGEL et al., 2011), açaí (TEIXEIRA et al., 2012), feijão (MAGALHAES et al., 2010), alfafa (VASCONCELOS et al., 2010) e maracujá (ROSADO et al., 2012).

### 3. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 1974. 381 p.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil: desafios e perspectivas. In: GIL, M. S. (Ed.). **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba: USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.

ANSELMO, J. L.; ANDRADE, J. A. C.; LAZARINI, E.; COSTA, D. S.; LEAL, A. J. F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares transgênicas e convencionais de soja, na região dos Chapadões. **Científica**, v. 39, n. 1, p. 69-78, 2011.

APROSOJA BRASIL. **Uso da soja**. 2016. Disponível em: <<http://aprosojabrasil.com.br/2014/sobre-a-soja/uso-da-soja/>>. Acesso em: 18 dez. 2016.

BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L.; BRASIL, E.; BUENO, C.; RICARDO, H.; EPIPHANIO, P.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. A. soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Ano X, n. 20, 2011.

BAENZIGER, P. S.; RUSSELL, W. K.; GRAEF, G. L.; CAMPBELL, B. T. Improving lives. **Crop science**, v. 46, n. 5, p. 2230-2244, 2006.

BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias = Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BÁRBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, v. 5, p. 07-24, 2009.

BÁRBARO, I. M.; DA CRUZ CENTURION, M. A. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 250-261, 2007.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T. Luz, umidade e temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009, p. 17- 27.

BERNARD, R. L. Two genes affecting stem termination in soybeans. **Crop Science**, v. 12, p. 235-239, 1972.

BERNARD, R. L.; WEISS, M. G. Qualitative genetics. In: Caldwell, B.E. (Ed.) **Soybeans: Improvement, Production and Uses**. American Society of Agronomy, 1973. p. 117-154.

BERNARD, R. L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, v. 11, p. 242-4. 1971.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P. ; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; & UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.

BONATO, E. R.; VELLO, N. A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 2, 229-232, 1999.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 1-16.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIHIL, R. A. S. Hibridação em soja. In: BORÉM, A. (Ed) **Hibridação Artificial de Plantas**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009. 625 p.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.

BORGES, W. L. B.; MATEUS, G. P.; DE FREITAS, R. S.; HIPÓLITO, J. L.; TOKUDA, F. S.; GASPARINO, A. C.; TOMAZINI, N. R.; CAZENTINI FILHO, G. Desempenho de cultivares de soja em palhada de cana-de-açúcar no noroeste paulista. **Nucleus**, v. 10, n. 3, 2013.

BUZZELI, R. I.; VOLDENG, H. D. Inheritance of insensitivity to long daylength. Soybean **Genetics Newsletter**, v. 7, p. 26-29, 1980.

CÂMARA, G. M. S. **Soja: Tecnologia da produção**. Piracicaba: Publique, 1998. 293p.

CAMARGO, T. V.; MORAES, M. C. **Sistema integrado de soja precoce e milho safrinha**. DuPont Pioneer. 2014. Disponível em: <<http://www.pioneersementes.com.br/media-center/artigos/170/sistema-integrado-de-soja-precoce-e-milho-safrinha>>. Acesso em: 02 nov. 2016.

CASTRO, L. S.; MIRANDA, M. H.; LIMA, J. E. Indicadores sociais de desenvolvimento e a produção de soja: uma análise multivariada nos 150 maiores municípios produtores brasileiros. **Revista Brasileira de Gestão e Desenvolvimento Regional**, v. 11, n. 1, p. 69-87, 2015.

CHUNG, G.; SINGH, R. J. Broadening the genetics base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v. 27, n. 5, p. 295-341, 2008.

COBER, E. R.; MOLNAR, S. J.; CHARETTE, M.; VOLDENG, H. D. A new locus for early maturity in soybean. **Crop Science, Madison**, v. 50, p. 524-527, 2010.

COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, v. 41, p. 698-701, 2001.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – safra 2016/17 – quarto levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 4, n. 4, p. 1-160, 2017. ISSN: 2318-6852.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – safra 2016/17 – terceiro levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 4, n. 3, p. 1-156, 2016. ISSN: 2318-6852.

COSTA, E.; ESPINDOLA, S.; LIMA, P.; BISINOTTO, F.; CAVALCANTE, A.; HAMAWAKI, O. Rendimento produtivo de linhagens de soja em Uberaba-MG. **FAZU em Revista**, n. 06, 2010.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

COSTA, N. L.; SANTANA, A. D. Poder de mercado e desenvolvimento de novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise da experiência brasileira. **Revista de Ciências Agrárias = Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 56, n. 1, p. 61-68, 2013.

CRUZ, C. D. E; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, Editora UFV, 1994. 390 p.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** v. 35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia Agraria**, v. 11, n. 1, p. 033-042, 2010.

DE SOUSA, L. B.; CAVALCANTE, A. K.; HAMAWAKI, O. T.; ROMANATO, F. N. Desempenho produtivo de linhagens de soja em ensaio regional. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 4, p. 195-199, 2010.

DESTRO, D.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J.L.L. **Genes qualitativos em soja: alguns comentários e listagem**. Viçosa: Imprensa Universitária da UFV, 1990. 67 p. (Cadernos Didáticos, 293).

DINIZ, R. M. G.; HAMAWAKI, O. T.; OLIVEIRA, A. P. Comportamento agrônômico de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia Biosfera**, v. 10, n. 18; p. 973, 2014.

EMBRAPA. **Tecnologia de produção de soja: região central do brasil 2012 e 2013**. Londrina: EMBRAPA Soja, 2011. 261 p.

EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja - Região Central do Brasil 2014**. Londrina: EMBRAPA SOJA, 2013. 265 p. (Sistemas de Produção, 16). Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/95489/1/SP-16-online.pdf>>. Acesso em: 08 jan. 2017.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FINOTO, E. L.; CARREGA, W. C.; SEDIYAMA, T.; DE ALBUQUERQUE, J. A. A.; CECON, P. R.; REIS, M. S. Efeito da aplicação de fungicida sobre caracteres agrônômicos e severidade das doenças de final de ciclo na cultura da soja. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, n. 1, p. 44-49, 2011.

FREITAS JÚNIOR, S. P.; do AMARAL JÚNIOR, A. T.; RANGEL, R. M.; VIANA, A. P. Predição de ganhos genéticos na população de milho pipoca UNB-2U sob seleção recorrente utilizando-se diferentes índices de seleção. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 30, n. 4, p. 803-814, 2009.

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera**, v. 7, n. 12, p. 1-12, 2011.

GATUT\_WAHYU, A. S.; MANGOENDIDJOJO, W.; YUDONO, P.; KASNO, A. Mode of inheritance of genes control maturity in soybean. **ARPN Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 9, n. 5, p. 178-182, 2014.

GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, v. 1, 1999. Disponível em: <<http://www.cpatia.embrapa.br/catalogo/livrorg/>>. Acesso em: 08 jan. 2017.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007.

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P. O.; SANTOS JÚNIOR, C.D.; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, v. 3, p. 76-83, 2012.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-49, 1943.

JIANG, B.; NAN, H.; GAO, Y.; TANG, L.; YUE, Y.; LU, S.; et al. Allelic combinations of soybean maturity loci E1, E2, E3 and E4 result in diversity of maturity and adaptation to different latitudes. **PloS one**, v. 9, n. 8, e106042, 2014.

KIIHL, R. A. S.; GARCIA, A. **The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars**. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4, p. 994-1000, 1989.

KONG, F.; NAN, H.; CAO, D.; LI, Y.; WU, F.; WANG, J.; LU, S.; YUAN, X.; COBER, E. R.; ABE, J.; LIU, B. A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014.

KONG, F.; NAN, H.; CAO, D.; LI, Y.; WU, F.; WANG, J.; LU, S.; YUAN, X.; COBER, E. R.; ABE, J.; LIU, B. A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014.

LAZZAROTTO, J. J.; HIRAKURI, M. H. Evolução e perspectivas de desempenho econômico associadas com a produção de soja nos contextos mundial brasileiro. **Embrapa Soja**, p. 46, 2010. (Embrapa Soja. Documentos, 319).

LEFFEL, R.C.; WEISS, M.G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. **Agronomy Journal**, v. 50, p. 528-534, 1958.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LEMOES, L. B.; FARINELLI, R.; CAVARIANI, C.; ZAPPAROLI, R. A. Desempenho agrônômico e produtivo de cultivares de soja em diferentes safras. **Científica**, v. 39, n. 1/2, p. 44-51, 2011.

LIMA, I. P.; BRUZI, A. T.; BOTELHO, F. B. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; ZUFFO, A. M. Performance of Conventional and Transgenic Soybean Cultivars in the South and Alto Paranaíba Regions of Minas Gerais, Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 9, p. 1385-1390, 2015.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30 p. 343-349, 2005.

LOPES, A. C. de A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. de M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scienti Agrícola**, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MAGALHÃES, C. H. C. B. et al. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.



MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; PINHO, D. S. Alternativas de índices de seleção em uma população de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden. **Cerne**, v. 12, p. 287-291, 2006.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.

MAUAD, M.; SILVA, T. L. B.; ALMEIDA NETO, A. I.; ABREU, V. G. Influência da densidade de semeadura sobre características agrônômicas na cultura da soja. **Revista Agrarian**, v. 3, n. 9, p. 175-181, 2010.

McBLAIN, B. A.; BERNARD, R. I. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. **The Journal of Heredity**, v. 78: p. 160-162, 1987.

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 1, p. 14-21, 2012.

MORCELI JUNIOR, A. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; & MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto. **Ceres**, v. 55, n. 3, p. 153- 159, 2008.

MULAMBA, N. N. ; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Citology**, v. 7, p. 40-51, 1978.

MÜLLER, L. Taxionomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Eds). **A Soja no Brasil**. 1. ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 65-104.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007. 86 f. Tese (Doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

MUNIZ, F. R. S.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; OLIVEIRA, J. A.; BÁRBARO, I. M.; ARRIEL, N. H. C.; COSTA, M. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. **Revista bras. de Oleaginosas e Fibras**, v. 6, n. 3, p. 615-622, 2002.

NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. **Características da soja**. Embrapa-CNPSo, 2008. Disponível em: <  
[http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soja/arvore/CONTAG01\\_24\\_271020069131.html](http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soja/arvore/CONTAG01_24_271020069131.html)>. Acesso em: 05/01/2017.



NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, TEIXEIRA, R. C. **Morfologia, crescimento e desenvolvimento**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecnas, 2009, p. 7-16.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; DESTRO, D. Estádios de desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de Produção de Sementes de Soja**. 1.ed. Londrina-PR: Mecnas, 2013, v. 01, p. 15-44.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, V. M .; HAMAWAKI, O. T .; NOGUEIRA, A. O .; SOUSA, L. B .; SANTOS, F. M .; HAMAWAKI, R. L. Selection for wide adaptability and high phenotypic stability of Brazilian soybean genotypes. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 15, n. 1, 2016.

PAULA, R. C. de; PIRES, I.E.; BORGES, R. de C. G.; CRUZ, C. D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 159-165, 2002.

PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R. N.; FIDELIS, R. R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 21-30, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804, 1969.

PIRES, E. A.; DE JESUS CONCEIÇÃO, E.; JÚNIOR, E. O. R.; DA SILVA, C. F. G.; BARBOSA, C. A.; SANTOS, F. L. Mapeamento tecnológico da soja em documentos de patentes e artigos brasileiros entre 1975-2012. **Cadernos de Prospecção**, v. 8, n. 2, 281, 2015.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

RANGEL, R. M. et al. Análise biométrica de ganhos por seleção em população de milho pipoca de quinto ciclo de seleção recorrente. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 2, p. 473-481, 2011.

REZENDE, J.C.; BOTELHO, C.E.; OLIVEIRA, A.C.B.; SILVA, F.L.; CARVALHO, G.R.; PEREIRA, A.A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9 p. 347-353, 2014.

ROCHA, M. M.; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, v. 58, p. 69-81, 1999.

ROSADO, L.D.S.; SANTOS, C.E.M.; BRUCKNER, C.H.; NUNES, E.S.; CRUZ, C.D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, v. 59, p. 95-101, 2012.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – ESALQ/USP, Piracicaba, 2001.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 310 p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenass, 2009. 314 p.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da Soja – I Parte**. 3ª Reimpressão. Viçosa: Editora UFV, 1996, 96 p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2013. p. 553-603.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. de C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenass, 2009.

SELESTRINO, P. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; PEREIRA, E. M.; VAL, B. H. P. Performance agrônômica de genótipos precoces de soja destinados ao cultivo em áreas de reforma de canavial. **Ciência & Tecnologia**, v. 6, n. 1, 2014.

SILVA, R. P.; TEIXEIRA, I. R.; DEVILLA, I. A.; REZENDE, R. C.; SILVA, G. C. Qualidade fisiológica de sementes de soja (*Glycine max*. L.) durante o beneficiamento. **Ciências Agrárias**, v. 32, n. 4, p. 1219-1230, 2011.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica**, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.

SMITH, H. F. 1936. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7 p. 240-250, 1936.

TANIMOTO, O. S. **Plantio direto de soja sobre a palhada de cana-de-açúcar**. Campinas: CATI, 2002. 18 p (Impressão Especial).

TEIXEIRA, D. H. L.; DE OLIVEIRA, M. D. S. P.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos em açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 2, p. 237-243, 2012.

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia: FATEC-JB**, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57 p. 205-210, 2010.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina**, v. 36, n. 3, p. 1203-1214, 2015.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496 p.

VILELA, M. S. **Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de cenoura em sistemas de cultivo agroecológico**. 2008. 68 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade de Brasília, Brasília, 2008.

WATANABE, S.; HARADA, K.; ABE, J. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. **Breeding science**, v. 61, n. 5, p. 531-543, 2012.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, p. 375-393, 1962.

WOODWORTH, C. M. Inheritance of growth habit, pod color, and flower color in soybeans. **J. Am. Soc. Agron.**, v. 15, p. 481-495, 1923.

WOODWORTH, C. M. Inheritance of growth habit, pod color, and flower color in soybeans. **Journal of the American Society of Agronomy**, Washington, v. 15, p. 481-495, 1923.

XIA, Z. ; ZHAI, H. ; LIU, B. ; KONG, F. ; YUAN, X. ; WU, H. ; COBER, E. R.; HARADA, K. Molecular identification of genes controlling flowering time, maturity, and photoperiod response in soybean. **Plant systematics and evolution**, v. 298, n. 7, p. 1217-1227, 2012.

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC genomics**, v. 16, n. 1, p. 217, 2015.

ZORZETTO, M. M.; MOTTA, F. C.; MORAIS, L. K.; KIIHL, T. A. M. Análise dialélica da capacidade combinatória em soja. **Revista Biociências**, v. 14, n. 2, 2008.

## **CAPÍTULO 1. Herança da Precocidade e de Caracteres Agronômicos em Soja**

### **RESUMO**

A crescente expansão do mercado de soja no Brasil tem exigido o uso de cultivares mais precoces, que possibilitem a colheita em momento adequado, o sistema integrado de soja no verão e milho no inverno e menor pressão aos fatores bióticos e abióticos. O objetivo do trabalho foi determinar a herança de caracteres relacionados à precocidade e caracteres agronômicos em população segregante de soja, proveniente de genitores contrastantes para ciclo. A pesquisa foi realizada em casa de vegetação, localizada na estação experimental da Fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia. As cultivares MG/BR46 Conquista e UFUS 6901 foram utilizadas para o cruzamento biparental e obtenção das populações F1 e F2. Os genitores e as populações F1 e F2 foram avaliados em relação a oito caracteres: número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta, número de nós na haste principal, altura de inserção da primeira vagem, número de grãos por vagem e produção de grãos. Os dados de média e variância foram utilizados para determinar a variância fenotípica, genética e ambiental, herdabilidade, grau médio de dominância e número de genes. A média para número de dias para florescimento e número de dias para maturidade na geração F1 foi de 40,26 e 103,52 dias, respectivamente, e na geração F2 foi de 37,85 e 105,88 dias, respectivamente, que se enquadram na classificação de semiprecoce. A herdabilidade variou de 2,36% para número de grãos por vagem a 85,39% para número de dias para maturidade, e o número de genes que controla esses caracteres foi de 160 e dois, respectivamente. Na população F2 constatou-se a existência de segregantes transgressivos para todos os caracteres, exceto número de dias para maturidade, número de nós e altura de inserção da primeira vagem. Conclui-se que a variância genética e a herdabilidade dos caracteres agronômicos da população F2, proveniente da hibridação de MG/BR 46 Conquista e UFUS 6901, permite a obtenção de ganhos de seleção de indivíduos superiores quanto à precocidade, altura, número de nós e componentes de produtividade, sendo genótipos promissores em programa de melhoramento de soja.

**Palavras-chave:** *Glycine max*, análise de gerações, parâmetros genéticos.

## CHAPTER 1. Inheritance of Precocity and Agronomic Traits in Soybean

### ABSTRACT

The soybean market expansion in Brazil has required the use of earlier cultivars, which allow harvesting at an appropriate time, the integrated soybean system in summer and corn in winter, and present lower pressure on biotic and abiotic factors. This work's objective was to determine the inheritance traits related to precocity and agronomic traits in a soybean segregating population, from contrasting parents to the cycle. The research was carried out in a greenhouse, located at Fazenda Capim Branco experimental station of the Federal University of Uberlândia. The cultivars MG / BR46 Conquista and UFUS 6901 were used for the biparental crossing and obtaining the F1 and F2 populations. The parents and the F1 and F2 populations were evaluated for eight traits: number of days for flowering and maturity, plant height, number of nodes on main stem, height of first pod insertion, number of pods, number of grains per pod and grain yield. The mean and variance data were used to determine the phenotypic variance, genetic variance, environmental variance, heritability, mean degree of dominance and number of genes. The average number of days for flowering and number of days for maturity in F1 generation was 40.26 and 103.52 days, respectively, and in the F2 generation was 37.85 and 105.88 days, respectively, which fall into the semiprecoce classification. The heritability has varied from 2.36% for number of grains per pod to 85.39% for number of days for maturity, and the number of genes controlling those traits was 160 and two, respectively. In the F2 population, it was found out that exist transgressive segregants for all the traits, except number of days for maturity, number of nodes and height of insertion of the first pod. It is concluded that the genetic variance and the heritability of the agronomic traits of the F2 population coming from the hybridization of MG / BR 46 Conquista and UFUS 6901 allows to obtain gains of selection of superior individuals regarding the precocity, height, number of nodes and productivity components, being promising genotypes in a soybean breeding program.

Key words: *Glycine max*, generation analysis, genetic parameters.

## 1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas mais importantes do Brasil e do mundo em virtude de toda a cadeia produtiva e da tecnologia desenvolvida na produção dessa oleaginosa (CUNHA et al., 2013). Ela apresenta relevante papel socioeconômico por causa de suas diferentes aplicações na alimentação humana e animal, além de impulsionar diversos complexos agroindustriais, tais como o de sementes, fertilizantes, agrotóxicos e máquinas agrícolas (MAUAD et al., 2010, BACAXIXI, et al., 2011; COSTA; SANTANA, 2013).

O Brasil é o segundo maior produtor de soja do mundo, com produção estimada em 103.778,3 mil toneladas de soja em grãos e produtividade de 3072 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2016/17 (CONAB, 2017). O avanço da área cultivada de soja no Brasil e o aumento de produtividade de grãos resultam da contribuição dos programas de melhoramento genético, que atuam no desenvolvimento de novas cultivares adaptadas para as diferentes regiões do país, bem como o desenvolvimento de tecnologias de produção (MATSUO et al., 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013; VAL et al., 2014; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

Diante da crescente expansão do mercado de soja, tem-se exigido o uso de cultivares mais precoces, que possibilitem a antecipação da colheita, o sistema integrado de soja no verão e milho no inverno, a rotação de culturas entre a soja e a cana-de-açúcar, e a menor pressão por fatores abióticos e bióticos, como doenças foliares e doenças de final de ciclo (CRUZ et al., 2010; FINOTO et al., 2011; SILVA et al., 2011; MEOTTI et al., 2012; BORGES et al., 2013; SELESTRINO et al., 2014; CAMARGO, MORAES, 2014).

Existem dez genes conhecidos que atuam em caracteres associados ao ciclo da soja. São os genes E1/e1, E2/e2, E3/e3, E4/e4, E5/e5, E6/e6, E7/e7, E8/e8, E9/e8 e J/j (BERNARD, 1971; BERNARD; WEISS, 1973; BUZZELI; VOLDENG, 1980; McBLAIN e BERNARD, 1987; BONATO e VELLO, 1999; COBER e VOLDENG 2001; COBER et al., 2010; KONG et al., 2014; WATANABE, HARADA e ABE, 2012).

O conhecimento desses genes, juntamente com o estudo de herança para ciclo em soja, traz informações que contribuem para o desenvolvimento de cultivares mais precoces. A análise de populações segregantes fornece estimativas de parâmetros genéticos essenciais, como a herdabilidade ampla e restrita, o número de genes, a

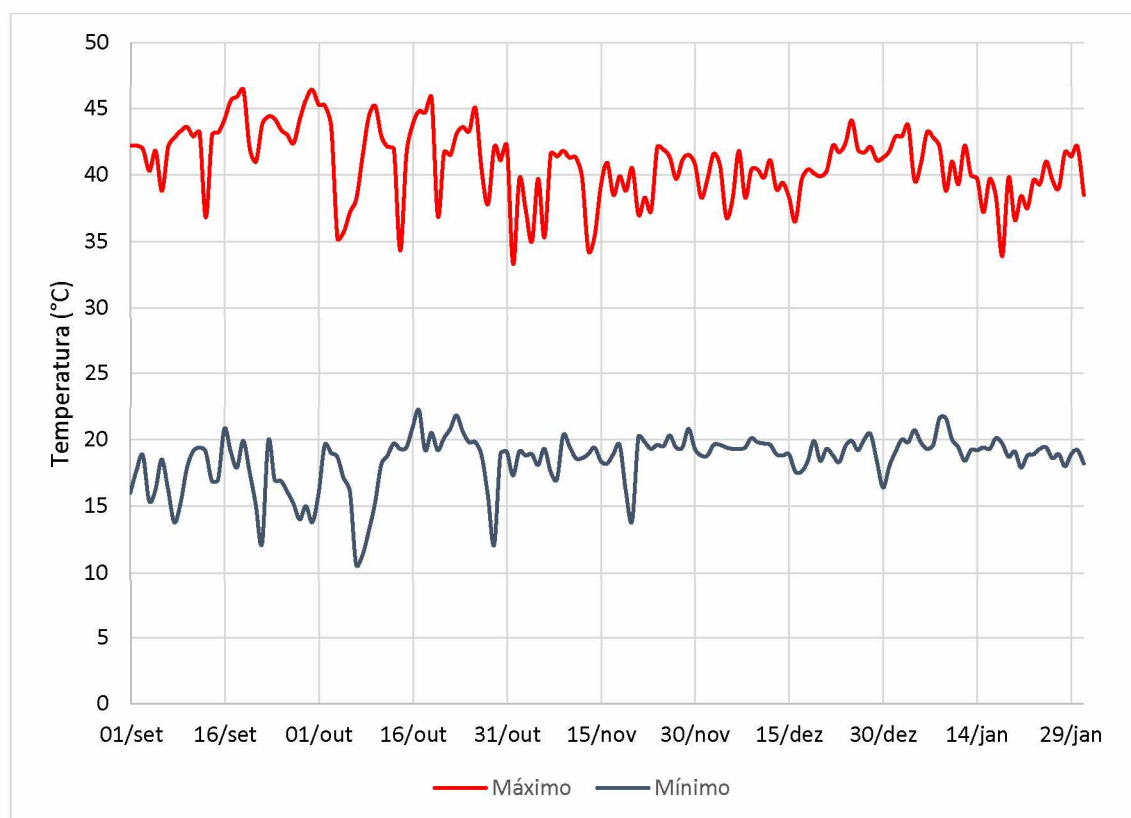
heterose e o grau médio de dominância (MORCELI JUNIOR et al., 2008; VASCONCELOS et al., 2010; BALDISSERA et al., 2014).

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos têm importância em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a escolha de métodos e caracteres utilizados nas etapas iniciais e avançadas de seleção, permitindo, ainda, estudar mecanismos, valores genéticos e variabilidade para o caráter (VASCONCELOS et al., 2010). Gatut Wahyu et al. (2014) estudaram a herança dos genes que controlam a maturidade em soja em população compreendida por parentais, F1, retrocruzamentos e F2 na Indonésia, e afirmaram que os conhecimentos sobre a herança genética da precocidade da soja, especialmente em áreas tropicais, ainda são limitados.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi determinar a herança de caracteres relacionados à precocidade e caracteres agronômicos em população segregante de soja, proveniente de genitores contrastantes para ciclo.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada em casa de vegetação, localizada na fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia – MG, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude. Os dados de temperatura durante a condução do experimento estão representados na Figura 1.



**Figura 1.** Temperatura máxima e mínima na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, safra 2016/17, durante os meses de setembro de 2016 a janeiro de 2017. Fonte: Estação meteorologia da Fazenda Capim Branco e IMET.

Duas cultivares de soja foram utilizadas para o cruzamento biparental que formou o conjunto de populações analisadas no presente trabalho. Essas cultivares foram selecionadas por serem contrastantes para ciclo.

A cultivar MG/BR46 Conquista foi desenvolvida pela EMBRAPA, tem ciclo semitardio, pertence ao grupo de maturidade relativa 8,1, hipocótilo roxo, flor roxa, pubescência marrom, tipo de crescimento determinado, hilo preto, e tolerância aos nematóides de galha (EMBRAPA, 2017).



A cultivar UFUS 6901, por sua vez, foi desenvolvida pelo Programa de Melhoramento de Soja da UFU, possui ciclo precoce, pertence ao grupo de maturidade relativa 7,0, hipocótilo verde, flor branca, pubescência marrom clara, tipo de crescimento indeterminado, hilo marrom médio, resistente a cretamento bacteriano e míldio, moderadamente resistente a oídio, mancha alvo e doenças de final de ciclo (PROGRAMA DE MELHORAMENTO SOJA UFU, 2017).

Instalou-se o bloco de cruzamento, cuja semeadura dos genitores foi escalonada de três em três dias, visando viabilizar a sincronia de florescimento dos parentais. A semeadura foi realizada em vasos de 3 dm<sup>3</sup>, previamente preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Semearam-se cinco sementes por vaso em profundidade de 3 cm.

Quando as plantas encontravam-se no estágio V1, realizou-se o desbaste e foram mantidas duas plantas por vaso. No estágio V5, os meristemas apicais das plantas foram removidos para evitar o seu estiolamento e também favorecer as ramificações. Periodicamente, realizaram-se irrigações e os tratos culturais recomendados para a cultura da soja (EMBRAPA, 2013).

As hibridações artificiais foram realizadas adotando-se UFUS 6901 como genitor feminino e MG/BR 46 Conquista como genitor masculino. Após a formação da vagem na flor em que foi realizado o cruzamento, obteve-se a vagem com as sementes híbridas, as quais foram confirmadas pela semeadura das sementes F1 e avaliação da cor do hipocótilo.

A geração F1 foi conduzida para a obtenção das sementes F2. A partir da amostragem de 24 indivíduos de cada genitor, 24 indivíduos da geração F1 e 127 indivíduos da geração F2, realizou-se um experimento para proceder ao estudo de análise de gerações.

A semeadura das gerações P1, P2, F1 e F2 foi realizada no dia 17 de setembro de 2016, em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU. Os vasos utilizados tinham 5 dm<sup>3</sup> e foram previamente preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica, sendo semeadas quatro sementes por vaso em profundidade de 3 cm.

Os tratos culturais na condução do experimento seguiram as recomendações técnicas para a cultura de soja no estado de Minas Gerais (EMBRAPA, 2013). Ademais, foram feitas duas irrigações diárias para garantir as condições experimentais favoráveis para o desenvolvimento das plantas.

As plantas foram tutoradas com o auxílio de bambu, sendo que em todas elas foram avaliados os seguintes caracteres:

a) Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE até o aparecimento da primeira flor (R1);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE até a maturidade (R8);

c) Altura da planta (AP): medida, em centímetros (cm), a partir da superfície do solo até o último nó na haste principal da planta, no estágio R8.

d) Número de nós (NN): foram contados todos os nós na haste principal na maturidade (estádio R8);

e) Altura de inserção da primeira vagem (AIV): distância em centímetros (cm), medida a partir da superfície do solo até a primeira vagem;

f) Número de vagens (NV): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;

l) Número de grão por vagem (NGV): foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens;

m) Produção de grãos (PG): peso total dos grãos em gramas (g), produzido por cada planta.

Para definição dos estádios das plantas, foi utilizada a escala de Fehr e Caviness (1977).

Os dados fenotípicos dos genitores e das gerações F1 e F2 foram utilizados para estimar os seguintes parâmetros, pelas fórmulas abaixo:

#### - Variância genotípica em F2

$$\hat{\sigma}_{G(F2)}^2 = \hat{\sigma}_{F(F2)}^2 - \hat{\sigma}_{E(F2)}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{G(F2)}^2$ : variância genética da população F2;

$\hat{\sigma}_{F(F2)}^2$ : variância fenotípica da população F2;

$\hat{\sigma}_{E(F2)}^2$ : variância ambiental da população F2.

#### - Variância ambiental

$$\hat{\sigma}_E^2 = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(P1)}^2 + \hat{\sigma}_{(P2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_E^2$ : variância ambiental;

$\hat{\sigma}_{(P1)}^2$ : variância fenotípica do parental 1;

$\hat{\sigma}_{(P2)}^2$ : variância fenotípica do parental 2.

**- Herdabilidade no sentido amplo**

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G(F2)}^2}{\hat{\sigma}_{F(F2)}^2}$$

Em que:

$h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo;

$\hat{\sigma}_{G(F2)}^2$ : variância genética da população F2;

$\hat{\sigma}_{F(F2)}^2$ : variância fenotípica da população F2;

**- Grau médio de dominância baseado em médias**

$$k_m = \frac{2\bar{F}_1 - (\bar{P}_1 + \bar{P}_2)}{\bar{P}_1 - \bar{P}_2}$$

Em que:

$k_m$ : grau médio de dominância baseado em médias;

$\bar{P}_1$ : média fenotípica do parental 1;

$\bar{P}_2$ : média fenotípica do parental 2;

$\bar{F}_1$ : média fenotípica da população F1.

**- Número de genes envolvidos na determinação do caráter**

$$n = \frac{R^2(1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_G^2}$$

Em que:

n: número de genes;

R: amplitude entre as médias dos progenitores ou R:  $\bar{P}_1 - \bar{P}_2$ ;

$\hat{\sigma}_G^2$ : variância genética;

**- Predição de ganhos por seleção**

$$\Delta G = DS h^2 \quad \text{e} \quad \Delta G\% = \frac{\Delta G}{\bar{X}_O}$$

Em que:

$\Delta G$ : ganho de seleção;

$h^2$  : herdabilidade;

$DS$ : diferencial de seleção, dado pela fórmula  $DS = \bar{X}_S - \bar{X}_O$ ;

$\bar{X}_O$ : média observada;

$\bar{X}_S$ : média dos selecionados;

As análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística – Programa GENES (CRUZ, 2016).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As estimativas dos parâmetros de média e variância são úteis ao melhorista, pois permitem inferir sobre o potencial genético da população segregante (BALDISSERA et al., 2014). Na Tabela 1, estão apresentadas as médias dos caracteres agronômicos das gerações P1, P2, F1 e F2, e as estimativas de variância fenotípica.

TABELA 1. Médias e estimativas de variância fenotípica de caracteres agronômicos obtidos nas gerações P1, P2, F1 e F2 em soja cultivada em casa de vegetação na safra 2016/2017 no município de Uberlândia – MG.

Gerações	NDF		NDM		AP		NN	
	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$
P1	36,13	0,90	100,75	2,37	99,75	359,76	15,50	7,57
P2	42,21	0,52	118,38	8,51	93,92	85,01	13,00	4,09
F1	40,26	20,66	103,52	20,41	99,83	378,87	14,74	10,12
F2	37,85	17,91	105,88	37,22	98,57	406,99	14,46	7,04

Gerações	AIV		NV		NGV		PG	
	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$	$\bar{X}$	$\hat{\sigma}_F^2$
P1	20,75	37,52	24,33	66,23	2,27	0,06	8,50	11,30
P2	32,52	64,55	30,25	78,28	2,35	0,01	10,92	7,47
F1	19,78	50,54	36,81	447,08	2,44	0,02	14,59	42,56
F2	22,14	44,02	31,29	181,56	2,44	0,03	12,77	24,99

P1: UFUS 6901; P2: MG/BR 46 Conquista; F1: P1xP2; F2: autofecundação de F1; NDF: número de dias para florescimento; NDM: número de dias para maturidade; AP: altura da planta; NN: número de nós na haste principal; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NV: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem; PG: produção de grãos;  $\bar{X}$ : média;  $\hat{\sigma}_F^2$ : variação fenotípica.

As médias dos genitores P1 e P2 possibilitaram verificar que as cultivares UFUS 6901 e MG/BR 46 Conquista foram contrastantes para os caracteres avaliados (Tabela 1). Segundo Cruz et al. (2012) e Borém e Miranda (2013), nos estudos de herança, a ocorrência de contraste entre os parentais é necessária para estimação mais precisa dos parâmetros genéticos. Além disso, Baldissera et al. (2014) afirmam que o cruzamento entre genitores homozigotos contrastantes para um caráter, permite inferir sobre o seu controle genético.

A cultivar UFUS 6901 apresentou um ciclo mais curto (36,13 dias para florescimento e 100,75 dias para maturidade), maior altura de planta (99,75 cm) e número de nós (15,50). Por outro lado, a cultivar MG/BR 46 Conquista apresentou ciclo mais longo (42,21 dias para florescimento e 118,38 dias para maturidade), e média

fenotípica superior para os caracteres número de vagens (30,25), número de grãos por vagem (2,35), e produção de grãos (10,92 g) (Tabela 1).

O número de dias para florescimento e maturidade são caracteres que refletem a precocidade em genótipos de soja. Estes são classificados em grupos de maturidade, sendo o ciclo precoce de até 100 dias, semiprecoce entre 101 a 110 dias, médio de 111 a 125 dias, semitardio entre 125 e 145 dias, e tardio maior que 145 dias (NEPOMUCENO et al., 2008). Não obstante, cabe destacar que a classificação de cultivares de soja quanto ao ciclo, deve-se levar em consideração a faixa de latitude, em razão da sensibilidade de genótipos de soja ao fotoperíodo.

A cultivar UFUS 6901 apresenta ciclo precoce, e os resultados encontrados estão de acordo com essa classificação, com média de NDM de 100,75 dias. Enquanto a cultivar MG/BR 46 Conquista tem ciclo semitardio e sua média de NDM foi de 118,38 dias. A redução no ciclo da MG/BR 46 Conquista ocorreu por causa da alta temperatura observada no período do experimento.

Major et al. (1974) avaliaram o efeito do comprimento do dia e temperatura em soja e verificaram que temperaturas mais frias e dias longos provocam efeitos retardadores na floração, e altas temperaturas induzem efeitos contrários. De acordo com Sedyama et al. (1996) o aumento de temperaturas médias superiores a 24 °C, em especial as noturnas, ocasiona rápido crescimento vegetativo.

Segundo Rocha et al. (2012), a temperatura exerce influência em todas as fases fenológicas da soja, já que temperaturas altas encurtam o período de florescimento, sendo mais acentuado em dias curtos. Esses autores observaram o florescimento precoce e a redução no ciclo de cultivares expostas a temperaturas em torno de 26°C, em que o ciclo médio da cultivar MG/BR 46 Conquista foi de 102 dias.

O efeito da temperatura não influenciou de tal maneira o ciclo da cultivar UFUS 6901, sendo justificado pelo trabalho de Major et al. (1974), que identificaram que cultivares de maturação tardia são mais sensíveis ao aumento de temperatura e comprimento do dia que as cultivares precoces. Kumagai e Sameshima (2014) estudaram as respostas de produção de soja ao aumento da temperatura e afirmaram que as cultivares precoces são menos sensíveis às variações no fotoperíodo quando comparadas às cultivares tardias, que são mais sensíveis.

A média para número de dias para florescimento e número de dias para maturidade na geração F1 foi de 40,26 e 103,52 dias, respectivamente, e na geração F2

foi de 37,85 e 105,88 dias, respectivamente (Tabela 1). As médias das duas gerações apresentaram valores intermediários entre os parentais.

Esses resultados assemelham-se aos obtidos por Gatut Wahyu et al. (2014) ao avaliarem a herança de genes que controlam a maturidade de soja, pois encontraram que a geração F1 possuía número de dias para maturidade inferior à geração parental de maior tempo de maturação.

Os caracteres altura da planta e altura de inserção da primeira vagem são importantes para adaptação à colheita mecanizada. A altura ideal da soja está entre 60 a 110 cm, para facilitar a colheita e evitar o acamamento. Quanto à altura de inserção da primeira vagem, o valor considerado adequado é acima de dez centímetros, sendo que valores inferiores apresentam possíveis perdas (SEDIYAMA et al., 2016).

A altura média das plantas foi de 93,92 cm na população P2, inferior aos valores encontrados nas populações P1, F1 e F2 com 99,75 cm, 99,83 cm e 98,57 cm, respectivamente. As médias da altura de inserção da primeira vagem foram aproximadas nas populações P1, F1, F2 com 20,75 cm, 19,78 cm e 23,08 cm, respectivamente, e superior para P2, cuja média foi de 35,52 cm (Tabela 1). Todas as gerações P1, P2, F1 e F2 apresentaram médias de valores dentro dos limites ideais para cultura da soja.

O número de nós é um caráter importante no melhoramento de soja, pois há predominância de correlações positivas com a produtividade de grãos (NOGUEIRA et al., 2012). Segundo Sedyama (2016), uma planta de soja com alto potencial produtivo deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal. A média do número de nós foi maior para P1 (15,50) e menor para P2 (13,00), com valores intermediários para gerações F1 (14,74) e F2 (14,46) (Tabela 1).

Além disso, Sedyama (2016) afirma que as cultivares nacionais de soja apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta. No presente estudo, verificou-se que o número de vagens foi de 24,33, 30,25, 36,81 e 31,29, respectivamente para as populações P1, P2, F1 e F2 (Tabela 1). Cabe ressaltar, que os baixos valores para esse caráter provavelmente ocorreram porque este estudo foi realizado em casa de vegetação. Em estudo de diversidade de características agrônômicas em soja cultivadas em casa de vegetação, Glaser et al. (2015) também encontraram baixa média para o caráter número de vagens por planta.

Nas populações P1, P2, F1 e F2 houve proximidade das médias do caráter número de grãos por vagem. Já para o caráter produção de grãos, observou-se que as

médias das gerações F1 e F2 superaram os parentais (Tabela 1), indicando o potencial da geração F2 para seleção de indivíduos com maior potencial produtivo.

Avaliando a herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja com base na análise de gerações conduzidas a campo, Castro (2008) encontrou médias para número de vagens por planta iguais a 206,56, 206,16, 283,49, 256,10, 274,64 e 265,31 e produção de grãos de 59,47, 49,73, 86,50, 68,46, 77,20 e 69,88 em gramas por planta para gerações P1, P2, F1, F2, RC1 e RC2, respectivamente. Esses valores são superiores aos encontrados no presente estudo, e uma das causas explicativas são as diferenças entre as condições de campo e a casa de vegetação.

O conhecimento do controle genético de um caráter é essencial para obter sucesso em um programa de melhoramento, pois permite definir o método mais adequado de seleção (BALDISSERA et al., 2014). Estimativas de variância, herdabilidade, grau médio de dominância e número de genes para caracteres agrônômicos, estão apresentadas na Tabela 2.

TABELA 2. Estimativas dos componentes de média e variância, herdabilidade no sentido amplo, grau médio de dominância e número de genes de caracteres agrônômicos obtidos nas gerações P1, P2, F1 e F2, em soja cultivada em casa de vegetação, na safra 2016/2017 no município de Uberlândia – MG.

Parâmetros	Caracteres							
	NDF	NDM	AP	NN	AIV	NV	NGV	PG
$\hat{\sigma}_F^2$	17,91	37,22	406,99	7,04	44,02	181,56	0,03538	24,99
$\hat{\sigma}_G^2$	17,20	31,78	184,61	1,22	0,00	109,30	0,00093	15,60
$\hat{\sigma}_E^2$	0,71	5,44	222,39	5,83	51,04	72,26	0,03445	9,39
$h_a^2$	96,04	85,39	45,36	17,29	-	60,20	2,63	62,43
g $\hat{m}d$	-0,36	0,69	1,03	0,39	1,16	-3,22	-3,16	-4,04
Número de genes	2,10	1,73	11,62	17,35	-	6,26	159,39	6,28

NDF: número de dias para florescimento; NDM: número de dias para maturidade; AP: altura da planta; NN: número de nós na haste principal; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NV: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem; PG: produção de grãos;  $\hat{\sigma}_F^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_G^2$ : variância genética;  $\hat{\sigma}_E^2$ : variância ambiental;  $h_a^2$ : herdabilidade ampla; g $\hat{m}d$ : grau médio de dominância.

Hamawaki et al. (2012) afirmam que estimativas de variâncias são importantes para a tomada de decisão em um programa de melhoramento. No presente estudo, a variância fenotípica oscilou de 0,03 a 406,99 para NGV e AP, respectivamente. A variância genética teve amplitude de zero (AIV) a 184,61 (AP). Sabe-se, que



estimativas de variância genética negativas indicam ausência de variabilidade para o caráter.

De acordo com Cruz (2005), a variância resultante dos efeitos ambientais interfere no processo seletivo, por dificultar o reconhecimento de genótipos superiores. A variância ambiental foi de 0,03 a 222,39 para NGV e AP, respectivamente (Tabela 2). Notou-se uma predominância da variância genética superior à variância ambiental para os caracteres NDF, NDM, NV e PG.

Em estudo de parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F2 de soja, no Distrito Federal, Santos (2016) determinou a variância fenotípica, ambiental e genética para caracteres agronômicos. As estimativas foram superiores às encontradas neste estudo para número de dias para maturidade, ( $\sigma_F^2$ : 45,33,  $\sigma_E^2$ : 4,56 e  $\sigma_G^2$ : 40,77) e número de vagens por planta ( $\sigma_F^2$ : 200,19,  $\sigma_E^2$ : 84,99 e  $\sigma_G^2$ : 115,21). E inferiores para altura da planta ( $\sigma_F^2$ : 67,46,  $\sigma_E^2$ : 6,28 e  $\sigma_G^2$ : 61,17), altura de inserção da primeira vagem ( $\sigma_F^2$ : 1,27,  $\sigma_E^2$ : 0,68 e  $\sigma_G^2$ : 0,59) e rendimento de grãos por planta ( $\sigma_F^2$ : 9,54,  $\sigma_E^2$ : 4,05 e  $\sigma_G^2$ : 5,49).

Castro (2008), por sua vez, encontrou variância ambiental superior ao presente estudo para número de vagens por planta (2150,84) e produção de grãos (252,62). Estimativa inferior foi observada para número de sementes por vagem (0,0155).

A herdabilidade é um parâmetro genético importante para o melhoramento, pois reflete a proporção da variação fenotípica atribuída à variação genética, que reflete a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico e interfere no ganho de seleção (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). Os valores de herdabilidade podem variar de zero a um, e estimativas acima de 0,70 são consideradas altas em espécies vegetais (CRUZ et al., 2012, RAMALHO et al., 2012). É importante ressaltar que a herdabilidade não é apenas a propriedade de um caráter, mas sim da população sob as condições ambientais a que ela foi exposta (BALDISSERA et al., 2014).

No presente estudo, a herdabilidade foi de zero para AIV a 96,04% para NDF (Tabela 2). Os caracteres NDM, NV e PG tiveram valores de herdabilidade de 85,39%, 60,20% e 62,43%, respectivamente, indicando a possibilidade de seleção baseada no fenótipo.

Santos (2016) encontrou valores de herdabilidade no sentido amplo igual a 0,90 para número de dias para maturidade, 0,91 para altura de planta, 0,46 para altura de

inserção da primeira vagem, 0,57 para número de vagens por planta e 0,57 para rendimento de grãos por planta. Essas estimativas foram superiores ao observado no presente estudo, exceto para produção de grãos.

Bizari et al. (2017), analisando populações segregantes de soja, verificaram que os caracteres número de dias para maturidade e rendimento de grãos estavam entre os caracteres com maior herdabilidade, de 91,7% e 71,31%, respectivamente. Os autores também observaram que as estimativas mais baixas foram para os caracteres número de vagens (54,19%) e altura da planta na maturidade (65,73%).

Resultados divergentes aos observados neste estudo foram encontrados por Kuswanto, Basuki e Arsyad (2011) que, em um estudo de herança para o caráter NV com populações provenientes de duas combinações em soja, estimaram herdabilidade no sentido amplo igual a 0,53 e 0,57. Além disso, estimativas de herdabilidade para os componentes de produtividade e produção de grãos foram determinadas por Castro (2008), que encontrou herdabilidade para número de vagens por planta, número de sementes por vagem e produção de grãos de 0,33, 0,42 e 0,16, respectivamente.

Avaliando as gerações F2 e F3 em soja, oriundas de seis combinações biparentais, Costal et al. (2008) verificaram estimativas de herdabilidade no sentido amplo superiores para os caracteres número de vagens e produção de grãos, ao passo que, para o caráter número de dias para maturidade as estimativas foram inferiores.

O grau médio de dominância expressa a relação entre o valor genotípico codificado do heterozigoto e o valor genotípico codificado do homozigoto. Se o valor do grau médio de dominância for igual a um, indica-se existência de dominância completa, se for igual a zero existe ausência de dominância, se for maior que um há sobredominância, e menor que um, ocorrência de dominância parcial (CRUZ, 2005).

No presente estudo, o grau médio de dominância teve amplitude de -4,04 a 1,16 para produção de grãos e altura de inserção da primeira vagem, respectivamente (Tabela 2). Existe efeito de ausência de dominância para os caracteres NDF, NV, NGV e PG, dominância parcial para NDM e NN, dominância completa para o caractere AP, e sobredominância para AIV.

Assunção Filho (2016), avaliando o potencial de cruzamentos dialélicos de soja para precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem, obteve g<sub>md</sub> igual a 0,725 para número de dias para maturidade, 1,17 para altura da planta e 3,71 para produção de grãos, indicando efeitos de dominância parcial, dominância completa e sobredominância, respectivamente.

A estimativa do número de genes indica o tipo de herança que controla um caráter, que pode ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (LOBO et al., 2005). Os caracteres qualitativos são governados por um ou poucos genes que constituem classes fenotípicas distintas e pouco influenciadas pelo ambiente. Porém, predominantemente, os caracteres de importância agrônoma apresentam herança quantitativa, e são condicionados pela expressão de vários genes (BALDISSERA et al., 2014), como verificado no presente estudo.

O conhecimento do número de genes traz informações sobre o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo. Quanto maior o número de genes envolvidos, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população e maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose completa. A estimativa do número de genes é difícil de ser obtida quando há alta influência do ambiente na manifestação do caráter, e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito (BALDISSERA et al., 2014).

O número de dias para florescimento e o número de dias para maturidade foram influenciados por cerca de dois genes. A altura da planta e número de nós foram os caracteres governados por 12 e 18 genes, respectivamente. Para o número de vagens e produção de grãos foram determinados cerca de seis ou sete genes envolvidos nesses caracteres. E o número de grãos por vagem apresentou a influência de 160 genes (Tabela 2).

Considerando a existência de variância genética para caracteres agrônomicos na população F2 e, também a ocorrência de segregantes transgressivos (Tabela 3), tornou-se oportuno a seleção de indivíduos superiores.

TABELA 3. Valores máximos e mínimos para parentais e F2, e presença de segregantes transgressivos.

Parâmetros	Caracteres							
	NDF	NDM	AP	NN	AIV	NV	NGV	PG
Máximo nos pais	45	123	130	25	54	48	2,75	17
Mínimo nos pais	35	99	64	10	10	07	1,71	03
Máximo na F2	49	120	195	23	44	79	2,89	29
Mínimo na F2	32	99	64	10	10	05	1,80	01
Transgressivo	Sim	Não	Sim	Não	Não	Sim	Sim	Sim

NDF: número de dias para florescimento; NDM: número de dias para maturidade; AP: altura da planta; NN: número de nós; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NV: número de vagens; NGV: número de grãos por vagem; PG: produção de grãos.

Segregantes transgressivos são indivíduos inferiores ou superiores aos parentais. A ocorrência de segregantes transgressivos ocorre quando há maior segregação em recombinações, obtidas a partir de cruzamentos entre genitores adequados para obtenção de híbridos com maior efeito heterótico (HAMAWAKI et al., 2012). No presente estudo, verifica-se a presença de segregantes transgressivos para caracteres agrônômicos de importância econômica, como NDF, NV, NGV e PG (Tabela 3).

Os caracteres número de dias para florescimento e para maturidade são determinantes para o ciclo vegetativo e total, os quais são importantes para predições sobre a precocidade dos genótipos, frequentemente almejada em programas de melhoramento de soja.

O uso de cultivares de ciclo precoce permite a utilização do sistema de sucessão de culturas, que possibilita a colheita em tempo ideal para o plantio da cana-de-açúcar em São Paulo (TANIMOTO, 2002; EMBRAPA, 2013; SELESTRINO et al., 2014) ou instalação de milho segunda safra após a colheita da soja, nas principais regiões produtoras dos cereais no país (CRUZ et al., 2010; MEOTTI et al., 2012).

Os genótipos de ciclo precoce permanecem menos tempo no campo, e estão sujeitos a menores efeitos dos fatores bióticos e abióticos. Estão expostas à menor pressão de doenças de final de ciclo da soja, que provocam reduções consideráveis no rendimento da cultura (FINOTO et al., 2011), e conseguem escapar dos impactos da seca (GATUT WAHYU et al., 2014).

Ao adotar intensidade de seleção de 30%, selecionaram-se 38 indivíduos para cada um dos caracteres avaliados, como apresentado nas Tabelas 4 e 5. O número de dias para florescimento entre os indivíduos selecionados variou de 32 a 35 dias e média de 33,87 dias. Quanto ao número de dias para maturidade, os indivíduos selecionados apresentaram de 99 a 102 dias, média de 100,92 (Tabela 4). Isso mostra que os indivíduos selecionados são mais precoces que os genitores, e atendem ao interesse do mercado atual.

A média dos indivíduos selecionados para AP, NN, AIV, NV, NGV, PG foi de 121,66 cm, 17,82 nós, 30,17 cm, 47,92 vagens, 2,64 grãos e 18,82 gramas, respectivamente (Tabelas 4 e 5). Todos os indivíduos selecionados possuem características superiores aos genitores UFUS 6901 e MG/BR46 Conquista (Tabela 1), e são genótipos potenciais para o avanço em programas de melhoramento de soja e desenvolvimento de novas cultivares com características favoráveis.

TABELA 4. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento UFUS 6901 X MG/BR46 Conquista, média dos indivíduos selecionados ( $\bar{X}_s$ ) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

Indivíduos selecionados	NDF	Indivíduos selecionados	NDM	Indivíduos selecionados	AP (cm)	Indivíduos selecionados	NN
1	32	1	101	1	113	11	16
2	33	2	101	7	110	27	16
3	32	3	101	11	109	31	19
4	33	4	101	20	110	33	16
5	33	5	101	31	110	43	17
6	33	6	102	43	127	44	16
7	33	7	101	44	120	45	18
8	32	8	102	45	110	46	21
9	33	9	102	51	109	51	17
10	32	10	102	60	110	61	17
11	32	11	102	61	110	62	20
12	33	12	102	62	136	64	17
13	32	13	102	67	110	67	18
14	35	14	102	68	123	68	19
15	35	15	102	70	113	70	19
16	35	16	102	72	116	72	20
17	35	17	102	85	115	75	16
18	35	19	101	88	111	85	16
19	35	41	101	89	111	89	16
20	35	42	99	92	115	94	17
21	35	43	99	93	111	95	17
22	35	45	101	94	128	97	16
27	35	48	100	96	113	102	20
28	35	49	100	97	112	103	18
41	32	50	100	102	145	104	16
42	32	52	100	103	114	106	20
43	35	71	101	106	132	108	16
49	35	81	101	112	137	111	18
50	35	83	101	113	195	112	23
53	35	84	100	114	135	113	22
57	35	86	100	115	111	114	19
58	35	87	100	118	119	118	19
60	35	90	101	120	118	120	16
61	35	93	101	123	113	123	17
65	35	94	101	124	124	124	16
66	35	95	100	125	110	125	16
81	33	96	100	126	145	126	18
82	32	97	100	127	173	127	19
$\bar{X}_s$	33,87	$\bar{X}_s$	100,92	$\bar{X}_s$	121,66	$\bar{X}_s$	17,82
GS %	-10,10	GS %	-4,00	GS %	10,62	GS %	4,02

NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade; AP: altura da planta e NN: número de nós na haste principal.

TABELA 5. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento UFUS 6901 X MG/BR46 Conquista, média dos indivíduos selecionados ( $\bar{X}_s$ ) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agrônômicos e produção de grãos.

Indivíduos selecionados	AIV	Indivíduos selecionados	NV	Indivíduos selecionados	NGV	Indivíduos selecionados	PG
8	29	6	51	17	2,57	6	14
10	31	7	43	19	2,67	8	16
13	25	11	35	20	2,89	33	16
14	35	27	39	23	2,57	43	15
20	26	31	37	33	2,68	44	18
29	27	33	44	36	2,65	55	15
30	27	43	51	38	2,60	57	15
32	29	44	37	41	2,57	59	23
37	31	45	49	44	2,57	60	20
38	25	57	39	46	2,59	62	26
39	25	59	79	51	2,61	64	20
44	33	60	44	53	2,69	65	16
45	39	61	45	56	2,62	67	16
53	33	62	71	59	2,61	70	18
64	26	64	56	64	2,61	72	24
66	26	65	39	67	2,61	75	17
68	30,5	70	50	68	2,69	77	16
72	30	72	55	73	2,61	80	15
85	28	77	41	74	2,76	86	15
91	31	86	39	75	2,73	89	16
94	26	94	36	78	2,58	94	20
101	26	98	38	81	2,78	98	15
102	44	99	42	82	2,65	99	15
104	33	101	39	89	2,59	101	17
105	34	102	45	90	2,59	102	17
106	33	103	50	91	2,63	103	18
107	30	106	54	93	2,65	104	15
111	26	108	62	99	2,83	106	27
112	31	111	48	104	2,62	108	19
113	29	112	60	106	2,59	111	20
114	35	113	76	109	2,57	112	29
115	34	114	49	112	2,63	113	29
119	29	115	50	113	2,66	114	20
123	30	118	46	117	2,65	115	25
124	30	122	38	119	2,75	118	22
125	27	123	37	120	2,62	123	17
126	34	126	43	125	2,57	126	16
127	29	127	64	126	2,60	127	23
$\bar{X}_s$	30,17	$\bar{X}_s$	47,92	$\bar{X}_s$	2,64	$\bar{X}_s$	18,82
GS %	-5,79	GS %	31,99	GS %	0,22	GS %	29,54

AIV: altura de inserção da primeira vagem; NV: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem e PG: produção de grãos.

Avaliando 79 progênies de soja em geração F5 no município de Uberlândia – MG, Cunha et al. (2013) encontraram variação no número de dias para florescimento de 42 a 87 dias, e amplitude de 92 a 127 dias para o caráter número de dias para maturidade, e oscilação de 34,10 cm a 68,80 cm para altura da planta. Os genótipos selecionados no presente estudo são mais precoces e com altura superior.

Santos (2016) encontraram média para número de dias para maturidade entre 107 e 132 dias, altura da planta entre 87,10 cm e 53,91 cm, altura de inserção da primeira vagem variando de 7,11 cm a 11,08 cm, número de vagens de 52,34 a 98,75, e produção de grãos de 9,17 a 21,69 g por planta. No presente estudo, verificou-se maior altura das plantas, além de valores dos componentes de produtividade semelhantes.

A possibilidade de predição do ganho de seleção é uma das principais contribuições da genética quantitativa ao melhoramento. Com base nessas informações, é possível orientar de maneira eficaz o programa de melhoramento, prever o sucesso do método de seleção adotado e determinar cientificamente quais técnicas podem ser mais efetivas (HAMAWAKI et al., 2012).

Os maiores ganhos de seleção foram encontrados para os caracteres número de vagens e produção de grãos, com valores de 39,10% e 30,27%, respectivamente (Tabelas 4 e 5). Sendo esses caracteres importantes e relacionados à produtividade de soja. O menor ganho de seleção foi obtido para o caráter número de grãos por vagem, com 0,22%, em virtude da proximidade entre a média dos indivíduos selecionados e a média da população original (Tabela 1). Para os caracteres NDF e NDM, foram selecionados os indivíduos com menores valores, por isso o ganho de seleção negativo.

Os fatores mais importantes que interferem, direta ou indiretamente, no ganho com a seleção são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e as condições ambientais. O ganho está diretamente relacionado com a diferença da média do grupo selecionado e da média da população original. Quanto mais heterogênea for uma população, maiores serão as chances de ganho com seleção, uma vez que se baseia em diferenças genéticas. Contudo, uma alta pressão seletiva implica em risco maior de redução da variabilidade genética, o que pode comprometer o ganho em ciclos sucessivos (HAMAWAKI et al., 2012).

Entre os indivíduos selecionados, destacam-se os genótipos 43 e 94. O genótipo 43 foi selecionado para os caracteres número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta, número de nós, número de vagens e produção de grãos. E o genótipo 94 foi selecionado para os caracteres número de dias para maturidade, altura da planta,

número de nós, número de vagens, altura de inserção da primeira vagem e produção de grãos. Esses genótipos reúnem características relacionadas à precocidade e à produtividade de grãos (Tabelas 4 e 5).

De acordo com Lopes et al. (2002), existem dificuldades na obtenção de genótipos produtivos e precoces. Os genótipos 44, 106, 112, 113 e 126 foram selecionados em todos os caracteres, exceto para número de dias para florescimento e número de dias para maturidade. Isso indica que são materiais produtivos, mas que não estão entre os mais precoces.



#### **4. CONCLUSÕES**

O caráter número de dias para maturidade foi de alta herdabilidade e influenciado por dois genes, com dominância parcial entre eles.

O número de vagens por planta e a produtividade de grãos apresentaram alta herdabilidade, herança poligênica com cerca de sete genes envolvidos no caráter e ausência de dominância.

A população F2 possui segregantes transgressivos para caracteres envolvidos na precocidade, componentes de produtividade e produção de grãos.

A hibridação de MG/BR 46 Conquista e UFUS 6901 permite a obtenção de ganhos de seleção de indivíduos superiores quanto à precocidade, altura, número de nós e componentes de produtividade, sendo genótipos promissores em programa de melhoramento de soja.

## 5. REFERÊNCIAS

- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. de. **Potencial de cruzamentos dialélicos de soja para precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem**. 2016. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" – ESALQ/USP, Piracicaba, 2016.
- BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L.; BRASIL, E.; BUENO, C.; RICARDO, H.; EPIPHANIO, P.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Ano X, n. 20, 2011.
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; & COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias = Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BERNARD, R. L. Two genes affecting stem termination in soybean. **Crop Science**, v. 12, p. 235-239, 1972.
- BERNARD, R. L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, v. 11, p. 242-4. 1971.
- BERNARD, R. L.; WEISS, M. G. Qualitative genetics. In: Caldwell, B.E. (Ed.) **Soybeans: Improvement, Production and Uses**. American Society of Agronomy, 1973. p. 117-154.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P. ; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; & UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.
- BONATO, E. R.; VELLO, N. A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 2, 229-232, 1999.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.
- BORGES, W. L. B.; MATEUS, G. P.; DE FREITAS, R. S.; HIPÓLITO, J. L.; TOKUDA, F. S.; GASPARINO, A. C.; TOMAZINI, N. R.; CAZENTINI FILHO, G. Desempenho de cultivares de soja em palhada de cana-de-açúcar no noroeste paulista. **Nucleus**, v. 10, n. 3, 2013.
- BUZZELI, R. I.; VOLDENG, H. D. Inheritance of insensitivity to long daylength. Soybean **Genetics Newsletter**, v. 7, p. 26-29, 1980.
- CAMARGO, T. V.; MORAES, M. C. **Sistema integrado de soja precoce e milho safrinha**. DuPont Pioneer. 2014. Disponível em: <<http://www.pioneersementes.com.br/media-center/artigos/170/sistema-integrado-de-soja-precoce-e-milho-safrinha>>. Acesso em: 02 nov. 2016.

CASTRO, L. P. de. **Herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja**. 2008. 44 f. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz" - ESALQ/USP, Piracicaba, 2008.

COBER, E. R.; MOLNAR, S. J.; CHARETTE, M.; VOLDENG, H. D. A new locus for early maturity in soybean. **Crop Science, Madison**, v. 50, p. 524-527, 2010.

COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, v. 41, p. 698-701, 2001.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – safra 2016/17 – quarto levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 4, n. 4, p. 1-160, 2017. ISSN: 2318-6852.

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, v. 67, n. 1, p. 101-108, 2008.

COSTA, N. L.; SANTANA, A. D. Poder de mercado e desenvolvimento de novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise da experiência brasileira. **Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 56, n. 1, p. 61-68, 2013.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D. **Princípios da genética quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia Agraria**, v. 11, n. 1, p. 033-042, 2010.

CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU-Breeding Program. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, 2013.

EMBRAPA. **Produtos, Processos e Serviços: Soja - MG/BR 46 (Conquista)**. [201?]. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-produtos-processos-e-servicos/-/produto-servico/416/soja---mgbr-46-conquista>>. Acesso em: 11 jan. 2017.

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de Soja Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

FINOTO, E. L.; CARREGA, W. C.; SEDIYAMA, T.; DE ALBUQUERQUE, J. A. A.; CECON, P. R.; REIS, M. S. Efeito da aplicação de fungicida sobre caracteres agronômicos e severidade das doenças de final de ciclo na cultura da soja. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, n. 1, p. 44-49, 2011.

GATUT\_WAHYU, A. S.; MANGOENDIDJOJO, W.; YUDONO, P.; KASNO, A. Mode of inheritance of genes control maturity in soybean. **ARPN Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 9, n. 5, p. 178-182, 2014.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N. ; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.

KONG, F.; NAN, H.; CAO, D.; LI, Y.; WU, F.; WANG, J.; LU, S.; YUAN, X.; COBER, E. R.; ABE, J.; LIU, B. A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014.

KUMAGAI, E.; SAMESHIMA, R. Genotypic differences in soybean yield responses to increasing temperature in a cool climate are related to maturity group. **Agricultural and forest meteorology**, v. 198, p. 265-272, 2014.

KUSWANTORO, H.; BASUKI, N.; ARSYAD, D. M. Inheritance of soybean pod number trait on acid soil. **Agrivita**, v. 33, n. 2, p. 119, 2011.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30 p. 343-349, 2005.

LOPES, A. C. de A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. de M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scienti Agricola**, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MAJOR, D. J.; JOHNSON, D. R.; TANNER, J. W.; ANDERSON, I. C. Effects of daylength and temperature on soybean development. **Crop Science**, v. 15, n. 2, p. 174-179, 1975.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.

MAUAD, M.; SILVA, T. L. B.; ALMEIDA NETO, A. I.; ABREU, V. G. Influência da densidade de semeadura sobre características agronômicas na cultura da soja. **Revista Agrarian**, v. 3, n. 9, p. 175-181, 2010.

McBLAIN, B. A.; BERNARD, R. I. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. **The Journal of Heredity**, v. 78: p. 160-162, 1987.

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 1, p. 14-21, 2012.

MORCELI JUNIOR, A. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; & MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto. **Ceres**, v. 55, n. 3, p. 153- 159, 2008.

NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. Características da soja. Embrapa-CNPSo, 2008. Disponível em: < [http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soja/arvore/CONTAG01\\_24\\_271020069131.html](http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soja/arvore/CONTAG01_24_271020069131.html)>. Acesso em: 05/01/2017.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: Ernane Lemes; Leonardo Castro; Rafael Assis. (Org.). **Doenças da soja**: melhoramento genético e técnicas de manejo. 1. ed. Campinas: Millennium, 2015, v. 1, p. 159-178.

Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Variedades de soja da UFU. [201?]. Disponível em: < <http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>>. Acesso em: 11 jan. 2017.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na Agropecuária**. Lavras: Editora UFLA, 2008. 460 p.

ROCHA, R. S.; DA SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; DE CÁSSIA TEIXEIRA, R. Desempenho agrônômico de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012.

SANTOS, E. R. dos. **Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agrônômicas em baixas latitudes**. 2016. Tese (Doutorado) - UNIVERSIDADE DE BRASÍLIA, Brasília, 2016.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 310 p.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da Soja – I Parte**. 3º Reimpressão. Viçosa: Editora UFV, 1996, 96 p.

SELESTRINO, P. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; PEREIRA, E. M.; VAL, B. H. P. Performance agrônômica de genótipos precoces de soja destinados ao cultivo em áreas de reforma de canavial. **Ciência & Tecnologia**, v. 6, n. 1, 2014.

SILVA, R. P.; TEIXEIRA, I. R.; DEVILLA, I. A.; REZENDE, R. C.; SILVA, G. C. Qualidade fisiológica de sementes de soja (*Glycine max*. L.) durante o beneficiamento. **Ciências Agrárias**, v. 32, n. 4, p. 1219-1230, 2011.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica**, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.

TANIMOTO, O. S. **Plantio direto de soja sobre a palhada de cana-de-açúcar**. Campinas: CATI, 2002. 18 p (Impressão Especial).

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia: FATEC-JB**, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VASCONCELOS, E.S.; FERREIRA, R.P.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J.B.; FREITAS, A.R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57 p. 205-210, 2010.

WATANABE, S.; HARADA, K.; ABE, J. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. **Breeding science**, v. 61, n. 5, p. 531-543, 2012.

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC genomics**, v. 16, n. 1, p. 217, 2015.

## **CAPÍTULO 2. Parâmetros genéticos e seleção de linhagens de soja com base em índices de seleção**

### **RESUMO**

A definição dos critérios de seleção é importante para obtenção de genótipos promissores em um programa de melhoramento. Os índices de seleção associam as informações de vários caracteres e permitem efetuar a seleção simultânea com eficiência. O objetivo do trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e selecionar linhagens de soja utilizando índices de seleção. O experimento foi conduzido em área experimental localizada na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia. Avaliaram-se 37 genótipos de soja, em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições, nos quais foram avaliados doze caracteres agronômicos. Procedeu-se a análise de variância, teste de Scott-Knott ao nível de 1% e 5% de probabilidade e análise dos índices de seleção. Houve variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos, com níveis médios a altos de coeficiente de determinação genotípico. Observaram-se 12 linhagens com ciclo total de até 110 dias e que foram agrupadas com as cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910. Três linhagens, UFUS FG 03, UFUS FG 20 e UFUS FG 31, destacaram-se quanto à produtividade de grãos com valores superiores à média nacional de 3072 kg ha<sup>-1</sup>. A seleção direta possibilitou os maiores ganhos individuais para os caracteres. O índice base de Willians (1962) e o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentaram o maior ganho de seleção para o caráter produtividade de grãos. O índice da distância genótipo-ideótipo e o índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) apresentaram maiores valores de ganho de seleção total. As linhagens UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 e UFUS FG 31 destacaram-se como genótipos superiores pelos métodos de seleção direta e índices de seleção.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; seleção direta; ganhos de seleção.

## **CHAPTER 2. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes**

### **ABSTRACT**

The selection criteria definition is important to obtain promising genotypes in a breeding program. The selection indexes associate the information of several traits and allow to make simultaneous selection between them, with efficiency. The objective of this work was to estimate genetic parameters for agronomic traits and to perform soybean strains selection using selection indices. The experiment was conducted at an experimental area located at Capim Branco farm, belonging to the Federal University of Uberlândia. A total of 37 soybean genotypes were evaluated in randomized complete blocks design with three replicates, in which twelve agronomic traits were evaluated. The analysis of variance, Scott-Knott's test at the 1% and 5% level of probability and selection indices analysis were performed. There was genetic variability for all agronomic traits, with medium to high levels of genotype determination coefficient. Twelve lines with a total cycle up to 110 days were observed and grouped with the cultivars MSOY 6101 and UFUS 7910. Three lines, UFUS FG 03, UFUS FG 20 and UFUS FG 31, were highlighted in terms of grain yield with higher values than the national average of 3072 kg ha<sup>-1</sup>. The direct selection enabled the highest traits individual gains. The Williams base index of Williams (1962) and the classic index proposed by Smith (1936) and Hazel (1943) presented the highest selection gain for the grain yield character. the genotype-ideotype distance index and the sum ranks index of Mulamba & Mock (1978) presented higher values of total selection gain. The lines UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 and UFUS FG 31 were distinguished as superior genotypes by direct selection methods and selection indexes.

Key-words: *Glycine max*, direct selection, selection gains.



## 1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada uma das leguminosas mais importantes mundialmente para a produção de grãos, em virtude do alto teor de proteína e óleo vegetal, os quais são utilizados na alimentação humana e animal (LIMA et al., 2015). Estimativas indicam que a produção mundial de soja para a safra 2016/17 será de 336,09 milhões de toneladas, e que o Brasil é segundo maior produtor de soja do mundo, com cerca de 103 milhões de toneladas de soja em grãos (CONAB, 2017).

Em razão da importância econômica da cultura, a soja tem sido foco de pesquisas, especialmente na área de melhoramento genético, para a obtenção de cultivares melhoradas, portadoras de genes capazes de expressar ampla adaptação e tolerância aos fatores bióticos e abióticos, representando contribuições significativas para o setor produtivo (SOARES et al., 2015).

A seleção de genótipos superiores de soja é um processo complexo, devido ao fato dos caracteres agronômicos de importância econômica serem de natureza quantitativa, de alguns estarem correlacionados entre si e, em sua maioria, por apresentarem baixa herdabilidade (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos promissores devem unir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis visando rendimentos elevados para atender à demanda do setor produtivo (CRUZ, 2013). Diante da complexidade dos caracteres mais importantes, requer-se o uso de critérios de seleção mais eficientes.

Ao longo do processo de seleção em programas de melhoramento, objetiva-se melhorar um caráter principal e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012). Contudo, a seleção direta de caracteres de herança quantitativa, que são influenciados pelo ambiente e em muitos casos estão inter-relacionados, pode provocar uma série de mudanças desfavoráveis em outras características (VASCONCELOS et al., 2010).

A seleção baseada em um ou em poucos caracteres tem-se mostrado ineficiente por trazer desempenho menos favorável em relação aos outros caracteres não considerados na seleção (BÁRBARO et al., 2007). O conhecimento do comportamento associativo existente entre caracteres de interesse, permite identificar variáveis que possam ser utilizadas na seleção indireta sobre outros caracteres, principalmente quando a herdabilidade do caráter principal é baixa (ALMEIDA et al., 2010; HAMAWAKI et al., 2012; NOGUEIRA et al., 2012; LEITE et al., 2016).

Uma forma de melhorar a eficiência de um programa de melhoramento é a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância agronômica. Os índices de seleção associam as informações de vários caracteres e permite efetuar a seleção com eficiência, aumentando a possibilidade de sucesso de um programa de melhoramento (VASCONCELOS et al., 2010; ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013; VIANNA et al., 2013; REZENDE et al., 2014; LEITE et al., 2016).

A seleção ocorre com base nos valores dos índices, obtidos pela combinação de todos os caracteres de interesse para cada unidade a ser selecionada, e avaliando as respostas indiretas esperadas a partir dos caracteres originais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Leite et al (2016), ao utilizarem índices de seleção para avaliar linhagens F8 de soja, determinaram que cinco genótipos apresentavam superioridade agronômica dentre os 27 em estudo. Bárbaro et al. (2007), por sua vez, compararam estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja e encontraram que a seleção direta trouxe maior ganho individual para um caráter, porém os índices de seleção apresentaram maiores ganhos totais.

Diante da importância da cultura da soja e da demanda de cultivares mais produtivas, é fundamental o conhecimento da relação entre os caracteres agronômicos e o estudo de índices, visando obter melhor predição de ganhos e maior eficiência no processo seletivo. Nessa perspectiva, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e realizar a seleção de linhagens de soja utilizando índices de seleção.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado na fazenda Capim Branco, localizada no triângulo mineiro, no município de Uberlândia – MG, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude.

Avaliaram-se 35 linhagens de soja em geração F7, desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), e duas cultivares comerciais, MSOY 6101 e UFUS 7910.

A cultivar MSOY 6101 apresenta ciclo precoce de cerca de 110 dias, grupo de maturidade 6,1, tipo de crescimento indeterminado, alta produtividade de grãos, altura média das plantas de 75 a 100 cm, além de ser moderadamente resistente ao acamamento e possuir ampla adaptação para os estados do Rio Grande do Sul, Santa Catarina, Paraná, São Paulo, Mato Grosso do Sul, Minas Gerais e Goiás (CEAPAR, 2017).

A cultivar UFUS 7910 possui ciclo semiprecoce com cerca de 115 dias, grupo de maturidade 8,4, tipo de crescimento determinado, alta produtividade de grãos, altura média das plantas de 78 cm, é resistente ao acamamento e tem ampla adaptação para estados de Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso, Bahia e Tocantins (PROGRAMA DE MELHORAMENTO SOJA UFU, 2017).

O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi composta de quatro linhas de plantas de soja com 5,0 m de comprimento, espaçadas entre si em 0,50 m, totalizando 10 m<sup>2</sup>. A área útil foi formada pelas duas linhas centrais de cada parcela, sendo eliminado 0,50 m de cada extremidade, com área útil da parcela constituída de 4,0 m<sup>2</sup>.

A área experimental encontrava-se sobre Latossolo Vermelho Escuro distrófico. O preparo do solo foi realizado pelo método de plantio convencional, com uma aração e duas gradagens, sendo que a última foi efetuada às vésperas do sulcamento e adubação de semeadura. A adubação foi realizada conforme as exigências da cultura, após análise de solo, com a formulação NPK 02-28-18 na dosagem de 400 kg ha<sup>-1</sup>.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram (Protreat®) e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* contendo duas estirpes da bactéria. A semeadura manual ocorreu em 19 de março de 2016, com aproximadamente 3 a 5 cm de profundidade, e densidade de dezesseis plantas por metro linear.

O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida S-Metolacoloro (Dual Gold®) logo após a semeadura, e Haloxifope-P-Metílico (Verdict®) 20 dias após semeadura. Posteriormente, sempre que necessário, capinas manuais mantiveram a cultura limpa até o final do seu ciclo.

30 dias depois da emergência, foram aplicados cobalto e molibdênio (Nectar®) na dosagem 100 mL ha<sup>-1</sup>. Para o controle de *Phakopsora pachyrhizie* (agente causal da ferrugem asiática), foram feitas aplicações com Trifoxistrobina e Protioconazol (Fox®) na dosagem de 0,4 L ha<sup>-1</sup> e, quando necessário, foi realizado o controle de pragas com Acefato (Acheron®) na dosagem de 0,4 kg ha<sup>-1</sup> e Tiametoxam e Lambda-Cialotrina (Platinum Neo®) com 200 mL ha<sup>-1</sup>. Foram feitas irrigações contínuas para garantir as condições experimentais favoráveis para o desenvolvimento das plantas.

A colheita das plantas foi realizada manualmente e trilhada com o auxílio de uma trilhadeira de soja. Em cada parcela, foram realizadas as seguintes avaliações, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr & Caviness (1977):

a) Número de dias para o florescimento (NDF): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a emergência e a floração de 50% das plantas da parcela útil com pelo menos uma flor aberta (estádio R1);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período que corresponde ao número de dias decorridos desde a emergência até a data em que 50% das plantas da área útil apresentam com 95% das vagens maduras (estádio R8);

c) Altura da planta no florescimento (APF): em centímetros (cm), medida a partir da superfície do solo até o último nó na haste principal, no estágio R1. Essa média foi determinada pela altura de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

d) Altura da planta na maturidade (APM): em centímetros (cm), medida a partir da superfície do solo até o último nó na haste principal da planta, no estágio R8. Essa média foi determinada pela altura de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

e) Razão APF/APM: razão entre a altura da planta no florescimento e altura da planta na maturidade, determinada por meio da altura de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

f) Número de nós no florescimento (NNF): no florescimento (estádio R1), foram contados todos os nós visíveis na haste principal de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

g) Número de nós na maturidade (NNM): na maturidade (estágio R8), foram contados todos os nós visíveis na haste principal de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

h) Número de nós produtivos (NNP): foram contados os nós produtivos visíveis na haste principal de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

i) Número de nós ramificados (NNR): foram contados os nós ramificados visíveis na haste principal de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela;

j) Número de vagens por planta (NVP): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens de cinco plantas amostradas aleatoriamente na área útil de cada parcela e, depois se obteve a média por planta;

l) Peso de 100 grãos (PCG): após a colheita e beneficiamento das plantas da área útil da parcela, realizou-se a determinação do peso de cem grãos com oito repetições. O peso de cada amostra foi corrigido para umidade de 13%.

m) Produtividade de grãos (PROD): avaliada por meio do material colhido e trilhado em cada parcela útil, transformado para kg.ha<sup>-1</sup> e corrigido a 13% de umidade, conforme a equação abaixo:

$$PF = PI \times \frac{100UI}{100UF}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

Com o intuito de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, realizaram-se análises de variância conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

$Y_{ij}$ : é o valor de cada caráter para o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral;

$G_i$ : efeito do i-ésimo genótipo

$B_j$ : efeito do j-ésimo bloco;

$\varepsilon_{ij}$ : erro aleatório.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) conforme o estimador abaixo:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g}{QMT/r}$$

$$\hat{\sigma}_g = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

$H^2$ : coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\sigma}_g$ : componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo; e

r: número de repetições.

Os genótipos foram agrupados com base no teste de Scott-Knott ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Em seguida, as estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por intermédio das metodologias de índice de seleção citadas por Cruz (2006): seleção direta e indireta; índice clássico, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978); índice base de Willians (1962); e índice da distância genótipo-ideótipo (DGI). O critério de seleção utilizado foi reduzir os caracteres NDF e NDM e aumentar APF, APM, NNF, NNM, P100G, NNP, PROD e NVT.

O ganho esperado pela seleção direta (CRUZ, 2006) no i-ésimo caráter ( $GS_i$ ) foi estimado baseando-se no diferencial de seleção, pela fórmula:

$$GS_i = (X_{si} - X_{oi})h_i^2 = DS_i h_i^2$$

Em que:

$X_{si}$  = média das linhagens selecionados para o caráter i;

$X_{oi}$  = média original da população;

$DS_i$  = diferencial de seleção praticado na população;

$h_i^2$  = herdabilidade do caráter i.

O ganho indireto no caráter j, pela seleção no caráter i, foi dado por:

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h_i^2$$

Em que:

$DS_{j(i)}$ : diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter daqueles indivíduos cujas superioridades foram verificadas com base em outro caráter, sobre o qual se pratica a seleção direta.

O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) foi estimado pelo índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) descritos como a seguir:

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y'b$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g'a$$

Em que:

n: número de caracteres avaliados;

b: vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

y: matriz de dimensão n x p (plantas) de valores fenotípicos dos caracteres;

a: é o vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g: matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

O vetor  $b = P^{-1} Ga$ , em que  $P^{-1}$  é o inverso da matriz, de dimensão  $n \times n$ , de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres.  $G$  é a matriz, de dimensão  $n \times n$ , de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres.

O ganho esperado para o caráter  $j$  foi expresso por:

$$\Delta g_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2$$

Em que:

$\Delta g_{j(i)} = g_{j(i)}$ : ganho esperado para o caráter  $j$ , com a seleção baseada no índice  $I$ ;

$DS_{j(i)}$ : diferencial de seleção do caráter  $j$ , com a seleção baseada no índice  $I$ ;

$h_j^2$ : herdabilidade do caráter  $j$ .

No índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) foram somadas as ordens de cada genótipo, resultando no índice de seleção, como descrito a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$$

Em que:

$I$ : valor do índice para determinado indivíduo ou família;

$r_j$ : classificação (ou “rank”) de um indivíduo em relação ao  $j$ -ésimo caráter;

$n$ : número de caracteres considerado no índice.

Os pesos foram dados por:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$$

Em que:

$p_j$ : peso econômico atribuído ao  $j$ -ésimo caráter.

Para o índice base de Willians (1962), utilizou-se o seguinte índice como critério de seleção:

$$I = a_1 y_1 + a_2 y_2 + \dots + a_n y_n = \sum_{i=1}^n a_i y_i = y'a$$

Em que:

$y$ : são as médias;

$a$ : são os pesos econômicos dos caracteres estudados.



No índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006), foram calculados a média e o máximo e o mínimo dos valores para cada variável. Considerou-se  $X_{ij}$  como o valor fenotípico médio do  $i$ -ésimo genótipo em relação à  $j$ -ésima característica. Também considerou-se o valor  $Y_{ij}$  que representa o valor fenotípico médio transformado, e  $C_j$  uma constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim, teve-se:  $LI_j$  como limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica  $j$ ,  $LS_j$  como limite superior a ser apresentado pelo genótipo e  $VO_j$  como valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

Se  $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij}$ ;

Se  $X_{ij} < LI_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$ ;

Se  $X_{ij} > LS_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$ .

No procedimento, foi considerado  $C_j = LS_j - LI_j$ . O valor  $C_j$  garantiu que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultasse em um valor de  $Y_{ij}$  com magnitude próxima do valor ótimo ( $VO_j$ ), ao contrário dos valores de  $X_{ij}$  fora desse intervalo. Assim, a transformação  $X_{ij}$  foi realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo. Os valores de  $Y_{ij}$  obtidos por transformação foram, posteriormente, padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica, obtendo os valores  $y_{ij}$ , conforme especificado a seguir:

$$y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Em que:

$S(Y_j)$ : desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação;

$a_j$ : peso ou valor econômico da característica.

Para cálculo, também foram necessárias a padronização e a ponderação de  $VO_j$ , conforme especificado:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

Calcularam-se, então, os valores do índice (DGI) expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - v_{oj})^2}$$

Com base nesses índices, são identificados os melhores genótipos e calculados os ganhos de seleção.

Na seleção direta e indireta foi considerado o decréscimo para número de dias para florescimento e número de dias para maturidade, e acréscimo para os demais caracteres. Para o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e índice base de Willians (1962) foi adotado peso econômico igual a 1 para todos os caracteres, exceto produtividade, com peso econômico igual a 2. Para o índice da distância genótipo-ideótipo, adotou-se peso econômico igual a 1 para todos os caracteres, exceto produtividade, com peso econômico igual a 2. Os valores ótimos, limites inferiores e superiores foram determinados de acordo com o desejável para cultura.

Para todas as metodologias, foi adotado o sentido de seleção negativo como favorável para NDF e NDM, com a finalidade de selecionar genótipos de menores ciclos. Para APF, APM, NNF, NNM, PCG, NNP, PROD e NVT foi adotado o sentido de seleção positivo, para seleção dos genótipos com os maiores valores para esses caracteres.

Todas as análises genéticas e estatísticas foram processadas por meio do Programa Computacional em Genética e Estatística - Programa GENES (CRUZ, 2016).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F (Tabela 1), evidenciando a possibilidade de realizar seleção de linhagens superiores.

TABELA 1. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e produtividade de grãos de 37 genótipos de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg (%)	CVg/CVe	CV (%)
NDF	63,58**	93,23	9,66	2,14	4,51
NDM	63,88**	90,78	3,93	1,81	2,17
APF	66,50**	72,38	13,29	0,93	14,21
APM	125,29*	44,55	9,75	0,51	18,85
APF/APM	0,02**	55,07	9,59	0,64	15,01
NNF	2,72**	71,87	8,51	0,92	9,22
NNM	4,63*	41,04	6,96	0,48	14,46
PCG	2,55**	85,45	7,87	7,87	5,63
NNP	4,48**	63,51	15,13	0,76	19,87
NNR	3,07**	65,68	61,94	0,80	77,54
NVP	128,49*	41,15	19,59	0,48	40,58
PROD	1964819,52**	83,42	30,62	1,29	23,65

NDF: número de dias para florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; APF/APM: razão entre a altura da planta no florescimento e a altura da planta na maturidade; NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; PCG: peso de 100 grãos; NNP: número de nós produtivos; NNR: número de nós ramificados; NVP: Número de vagens por planta ; PROD: produtividade de grãos; QMG: quadrado médio dos genótipos; H<sup>2</sup>: coeficiente de determinação genotípica; CV: coeficiente de variação geral; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação experimental; \*\* e \* significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Avaliando parâmetros genéticos e correlações entre caracteres morfoagronômicos em genótipos de soja, Leite et al. (2015) também encontraram variabilidade genética entre os genótipos de soja para todos os caracteres agrônômicos a 1% de probabilidade.

Bizari et al. (2017), estudando índices de seleção para caracteres agrônômicos em populações segregantes de soja, indicaram variabilidade genética para os caracteres

número de dias para maturidade, altura da inserção da primeira vagem e rendimento de grãos. Enquanto que para altura da planta na maturidade e número de vagens não foi possível detectar variabilidade.

O coeficiente de variação (CV) apresentou valores entre 2,17% e 77,54% para NDM e NNR, respectivamente (Tabela 1). O CV foi maior para NNR (77,54%), NVP (40,58%) e PROD (23,65%). Um coeficiente de variação acima de 30% é considerado alto, indicando alta dispersão dos dados experimentais, o que talvez tenha sido causado pela diferença genética e fenotípica entre os materiais estudados. Um elevado coeficiente de variação também pode ser explicado pelo fato de serem caracteres quantitativos controlados por muitos genes e altamente afetados pelo ambiente. Cabe ressaltar que os CVs obtidos neste estudo estão em consonância com outras pesquisas sobre a soja (COSTA et al., 2008; ESPINDOLA et al., 2012; PERINI JÚNIOR et al., 2012; NOGUEIRA et al., 2012).

Analisando a divergência genética entre 51 linhagens de soja em gerações F5 e F6 em Uberlândia – MG, Cantelli et al. (2016) também encontraram altos valores de CV, variando de 1,35% a 23,87% para os caracteres número de dias para florescimento e maturidade, altura de inserção da primeira vagem, altura da planta na maturidade, peso de 100 grãos e produtividade.

Sousa et al. (2015), em um estudo sobre as correlações existentes entre os caracteres agrônômicos em progênies F6 de soja em Uberlândia – MG, encontraram coeficiente de variação para oito caracteres variando de 3,74% a 20,96%, sendo o número de dias para maturidade o caráter de menor valor e a altura da planta no florescimento o maior valor.

O conhecimento do coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) permite estabelecer estimativa do ganho genético a ser obtido e define a melhor estratégia para ser utilizada no programa de melhoramento genético (BALDISSERA et al., 2014). Os valores de  $H^2$  variam com os diferentes caracteres e, geralmente, são considerados altos quando superiores a 0,7 (RAMALHO et al., 2012).

Estimativas mais elevadas de  $H^2$  ocorreram para o número de dias para florescimento (93,23%), número de dias para maturidade (90,78%), peso de cem grãos (85,45%), produtividade de grãos (83,42%), altura da planta no florescimento (72,38%) e número de nós no florescimento (71,87%). Esses resultados indicaram perspectiva de sucesso pela seleção fenotípica, o que pode ser confirmado com os valores obtidos no quociente  $CV_g/CV_e$  próximos ou maiores de 1 para esses caracteres. Por sua vez, os

menores valores de  $H^2$  foram encontrados para os caracteres número de vagens (41,15%), altura da planta na maturidade (44,55%) e número de nós na maturidade (41,04%) (Tabela 1).

Avaliando 309 genótipos de soja, Zhang et al. (2015) verificaram valores de herdabilidade de 95,6%, 94,2%, 92,2% e 82,8% para os caracteres número de dias para florescimento, número de dias para maturidade, número de dias entre o florescimento e maturidade, e altura da planta na maturidade, respectivamente.

Bizari et al. (2017), por sua vez, determinaram que os caracteres com maior valor de herdabilidade foram número de dias para maturidade (91,7%), seguido por teor de óleo (86,21%), valor agrônômico (74,97%) e rendimento de grãos (71,31%). Os valores mais baixos foram constatados para os caracteres número de vagens (54,19%) e altura da planta na maturidade (65,73%), concordando com os resultados obtidos neste estudo.

Valores de médios a altos para coeficiente de herdabilidade e coeficiente de variação genética estão associados a uma maior variabilidade genética, maior acurácia seletiva e possibilidade de selecionar com sucesso linhagens de soja com boas características agrônômicas (STORCK; RIBEIRO, 2011).

O coeficiente de variação genético (CVg) variou de 3,93% para número de dias para maturidade, a 61,94% para número de nós ramificados, sendo 30,62% para produtividade (Tabela 1). Em estudo de Leite et al. (2015) houve uma amplitude de variação de 9,19% a 31,97, para os caracteres altura da planta na floração e produtividade de grãos, respectivamente, com valores semelhantes aos apresentados neste estudo. Esses autores afirmam que o coeficiente de variação genético é um parâmetro importante, pois permite inferir sobre a magnitude da variabilidade genética presente na população para todos os caracteres em estudo.

A razão entre o coeficiente de variação genético (CVg) e o coeficiente de variação ambiental (CVe) pode ser empregada como indicativo de obtenção de ganhos genéticos mais expressivos na seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Quando o quociente estimado for maior ou igual a 1, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais. A razão CVg/CVe pode ser empregada como um índice indicativo do grau da facilidade de seleção dos genótipos para cada caráter (LEITE et al, 2016).

As relações CVg/CVe apresentaram valores maiores que um para os caracteres NDF, NDM, PCG, e PROD. E valores próximos a um para APF, APF/APM, NNF,

NNP e NNR. Isso demonstra haver condições satisfatórias para a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Ademais, resultados semelhantes foram encontrados por Unêda-Trevisoli et al. (2010), Leite et al. (2016), Andrade et al. (2016) e Barros et al. (2016).

As médias dos valores fenotípicos das linhagens e cultivares em relação aos caracteres relacionados a ciclo, altura e número de nós na haste principal estão apresentados na Tabela 2. Notou-se uma separação dos genótipos de um a seis grupos, para NNM e NDF, respectivamente.

O número de dias para florescimento variou de 33 a 58 dias. As linhagens com menor ciclo vegetativo foram UFUS FG 01 (37,67 dias), UFUS FG 03 (33,33 dias) e UFUS FG 27 (37,00 dias), com menor NDF que as cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910. Enquanto as linhagens com maior ciclo vegetativo foram a UFUS FG 30 (58,00 dias) e a UFUS FG 32 (55,50 dias) (Tabela 2). As diferenças de data de floração entre as cultivares, quando cultivadas na mesma data de semeadura e latitude, ocorrem principalmente em virtude da resposta diferencial dos genótipos ao fotoperíodo (EMBRAPA, 2013).

O número de dias da maturidade variou de 101 a 121 dias. As linhagens mais precoces foram UFUS FG 13 (101,33 dias), UFUS FG 16 (105,33 dias), UFUS FG 19 (106,00 dias), UFUS FG 27 (104,00 dias), e a cultivar UFUS 7910 (102,67 dias). E as mais tardias foram UFUS FG 02 (120,00 dias) e UFUS FG 30 (121,50 dias) (Tabela 2).

Encontraram-se 12 genótipos com ciclo total de até 110 dias e que estão nos mesmos grupos das cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910. Cunha et al. (2013), ao avaliarem cultivares de soja, observaram que a MSOY 6101 apresentou 109 dias para a maturidade, concordando com os resultados obtidos no trabalho, em que essa mesma cultivar atingiu a maturidade com 110 dias.

Cunha et al. (2013), avaliando 79 progênies de soja em geração F5 semeadas em fevereiro no município de Uberlândia – MG, encontraram duas linhagens que se destacaram com ciclo de 92 dias. Os autores explicam que devido ao momento de semeadura, as plantas foram induzidas à floração precoce, pelo fato de que a soja é uma planta de dias curtos e sensível às oscilações do fotoperíodo.

Em pesquisa com linhagens de soja em Minas Gerais, Hamawaki et al. (2010) relataram uma variação no número de dias para florescimento de 100 a 128 dias. Enquanto o número de dias para maturidade variou de 164 a 187 dias. Os resultados indicam genótipos mais tardios que no presente estudo.

TABELA 2. Médias dos caracteres número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) em cm, altura da planta na maturidade (APM) em cm, razão entre a altura da planta no florescimento e a altura da planta na maturidade (APF/APM), número de nós no florescimento (NNF) e número de nós na maturidade de 37 genótipos de soja, no município de Uberlândia – MG.

Genótipos	Caracteres						
	NDF**	NDM**	APF**	APM*	APF/APM**	NNF**	NNM*
UFUS FG 01	37,67 a	114,00 c	24,07 b	41,60 b	0,60 b	8,87 b	11,93 a
UFUS FG 02	49,00 d	120,00 d	26,27 b	31,40 b	0,84 a	9,13 b	10,20 a
UFUS FG 03	33,33 a	113,00 c	22,20 b	35,20 b	0,63 b	9,67 a	11,50 a
UFUS FG 04	46,00 c	116,00 c	25,30 b	34,20 b	0,76 a	8,40 b	9,80 a
UFUS FG 05	44,00 c	114,00 c	29,73 b	43,13 b	0,69 b	8,80 b	10,67 a
UFUS FG 06	46,00 c	114,00 c	31,00 b	39,80 b	0,78 a	9,80 a	10,70 a
UFUS FG 07	48,33 d	114,00 c	30,67 b	35,87 b	0,86 a	8,80 b	10,40 a
UFUS FG 08	41,33 b	108,67 b	30,00 b	45,00 a	0,67 b	9,90 a	10,93 a
UFUS FG 09	49,00 d	112,00 c	28,27 b	49,07 a	0,58 b	9,67 a	12,13 a
UFUS FG 10	52,00 e	114,67 c	33,33 a	56,60 a	0,61 b	10,13 a	13,67 a
UFUS FG 11	52,33 e	115,33 c	28,07 b	41,20 b	0,69 b	9,00 b	10,13 a
UFUS FG 12	47,00 d	108,33 b	33,93 a	50,47 a	0,68 b	10,07 a	11,20 a
UFUS FG 13	45,00 c	101,33 a	35,80 a	45,03 a	0,83 a	8,90b b	10,73 a
UFUS FG 14	43,00 c	109,33 b	29,60 b	51,87 a	0,57 b	10,00 a	11,13 a
UFUS FG 15	47,00 d	107,33 b	29,33 b	45,93 a	0,65 b	9,20 b	11,13 a
UFUS FG 16	40,33 b	105,33 a	28,48 b	40,70 b	0,70 b	8,52 b	10,70 a
UFUS FG 17	46,67 d	110,00 b	25,47 b	40,60 b	0,63 b	9,08 b	11,40 a
UFUS FG 18	45,33 c	115,33 c	27,53 b	49,33 a	0,57 b	9,47 b	12,60 a
UFUS FG 19	44,33 c	106,00 a	30,85 b	45,10 a	0,68 b	9,70 a	13,70 a
UFUS FG 20	46,00 c	114,67 c	34,67 a	46,80 a	0,75 a	9,33 b	11,47 a
UFUS FG 21	47,67 d	115,33 c	29,10 b	49,80 a	0,65 b	10,63 a	14,20 a
UFUS FG 22	44,00 c	112,00 c	28,40 b	45,00 a	0,63 b	8,13 b	11,47 a
UFUS FG 23	45,33 c	111,67 c	34,47 a	41,47 b	0,84 a	9,00 b	10,20 a
UFUS FG 24	47,00 d	104,67 a	28,80 b	41,87 b	0,69 b	9,20 b	12,27 a
UFUS FG 25	47,67 d	112,67 c	41,08 a	51,93 a	0,79 a	11,40 a	12,53 a
UFUS FG 26	48,00 d	108,67 b	35,90 a	47,33 a	0,76 a	10,80 a	11,80 a
UFUS FG 27	37,00 a	104,00 a	30,60 b	46,20 a	0,66 b	9,45 b	11,23 a
UFUS FG 28	44,00 c	114,00 c	21,00 b	35,00 b	0,62 b	6,97 b	10,13 a
UFUS FG 29	44,00 c	113,00 c	23,40 b	35,67 b	0,66 b	9,40 b	12,60 a
UFUS FG 30	58,00 f	121,50 d	35,20 a	48,50 a	0,77 a	12,40 a	10,20 a
UFUS FG 31	46,00 c	114,00 c	27,40 b	50,00 a	0,59 b	10,50 a	12,70 a
UFUS FG 32	55,50 f	117,00 c	27,90 b	41,40 b	0,71 b	10,00 a	11,70 a
UFUS FG 33	46,00 c	116,00 c	30,10 b	39,70 b	0,77 a	9,10 b	11,10 a
UFUS FG 34	44,00 d	115,00 c	28,60 b	37,40 b	0,77 a	9,10 b	9,80 a
UFUS FG 35	49,50 d	110,50 b	30,20 b	60,03 a	0,51 b	10,20 a	14,40 a
MSOY 6101	48,33 d	110,00 b	42,73 a	52,00 a	0,82 a	10,00 a	11,13 a
UFUS 7910	46,00 c	102,67 a	36,04 a	43,80 b	0,82 a	8,56 b	9,29 a

Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, \*\* e \* ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Lopes et al. (2002) afirmam que os caracteres relacionados à floração e à maturidade são importantes para melhorar o rendimento, especialmente o valor agrônomo, e existem dificuldades na obtenção de genótipos produtivos e precoces.

Atualmente, o uso de cultivares de ciclo precoce é desejável nos programas de melhoramento, pois permite a utilização do sistema de sucessão de culturas, e instalação de milho segunda safra após a colheita da soja (CRUZ et al., 2010; MEOTTI et al., 2012). Além disso, os genótipos de ciclo precoce permanecem menos tempo no campo, e estão sujeitos a menores efeitos dos fatores bióticos e abióticos, como pressão de doenças e impactos referentes à seca (FINOTO et al., 2011; GATUT WAHYU et al., 2014).

A altura das plantas no florescimento foi de 21 cm a 42 cm, para os genótipos UFUS FG 28 e MSOY 6101, respectivamente. A altura na maturidade, por sua vez, variou de 31 cm a 60 cm para as linhagens UFUS FG 02 e UFUS FG 35, respectivamente (Tabela 2). Estudos sugerem que plantas altas e/ou estioladas tendem ao acamamento com relativa facilidade. Para evitar tais problemas, sabe-se que a altura mínima desejável para colheita mecânica em solo com topografia plana é de cerca de 50 a 60 centímetros. Geralmente, as plantas com 70 a 80 centímetros de altura são adequadas à colheita mecanizada e as plantas com mais de 100 cm de altura tendem a acamar (SEDIYAMA, TEIXEIRA; REIS, 2013; CUNHA et al., 2013).

As linhagens com altura de 45 até 60 cm estão agrupadas juntamente com a cultivar MSOY 6101. Em estudo de Cunha et al. (2013), as progênes que se destacaram quanto à altura da planta na maturidade apresentaram 60 cm e estiveram no mesmo grupo da cultivar MSOY 8001. Unêda –Trevisoli et al. (2010), Dorneles et al. (2011) e Selestino et al. (2014) observaram valores de altura de planta na maturidade superiores a 100 cm.

A razão APF/APM é um caráter importante na verificação do tipo de crescimento na soja, que pode ser determinado, semideterminado e indeterminado. O crescimento determinado é caracterizado por plantas que têm crescimento vegetativo paralisado após o florescimento, ou que estende no máximo 10% de sua altura final. No crescimento semideterminado, as plantas na ocasião do florescimento apresentam 70% da sua altura final, podendo crescer após a floração. E os materiais de crescimento indeterminado mantêm a gema vegetativa após o florescimento, desenvolvendo os nós e alongando o caule (NOGUEIRA et al., 2009; SEDIYAMA, TEIXEIRA e REIS, 2013).



A razão APF/APM variou de 0,51 a 0,86, para os genótipos UFUS FG 35 e UFUS FG 07, respectivamente (Tabela 2). Dessa forma, quanto ao tipo de crescimento, a maioria das progênies avaliadas apresentou crescimento semideterminado e indeterminado. A cultivar MSOY 6101, apresentou razão APF/APM de 0,82, porém foi verificada ausência da inflorescência racemosa terminal, típica de crescimento indeterminado.

Segundo Cunha et al. (2013), genótipos de crescimento indeterminado têm sido uma opção interessante para o produtor, uma vez que cultivares com esse tipo de crescimento têm maior altura de planta e maior número de nós na haste principal. E, por possuírem a característica de crescimento contínuo, as cultivares toleram melhor as condições adversas, como a umidade, estresse ou seca prolongada.

O número de nós no florescimento teve amplitude de 6,97 para a linhagem UFUS FG 28 a 12,40 para linhagem UFUS FG 30, ocorrendo a formação de dois grupos. As progênies com maiores números de nós foram agrupadas juntamente com a cultivar MSOY 6101 e apresentaram valores a cima de 9,67. Não houve formação de grupos para o caráter número de nós na maturidade, com variação de 9,29 e 14,40, para os genótipos UFUS 7910 e UFUS FG 35, respectivamente.

Segundo Sedyama (2015), uma planta de soja com alto potencial produtivo deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal. Martins et al. (2011), ao estudarem 15 cultivares em Santa Maria, observaram uma variação de 16,0 a 20,3 no número de nós na maturidade, enquanto Perini et al. (2012), os quais avaliaram sete cultivares, encontraram valores de 12,03 a 16,61 para o mesmo caráter.

As médias dos valores fenotípicos das linhagens e cultivares em relação aos caracteres de componentes de produtividade, número de nós e produtividade estão apresentadas na Tabela 3. Notou-se a separação dos genótipos de um grupo para NNP em no máximo três grupos para PCG e PROD, respectivamente.

O peso de cem grãos (PCG) é um fator importante para alcançar elevadas produtividades, devido à correlação direta entre esse caráter e rendimento de grãos. Rigon et al. (2012) perceberam que é possível obter ganhos de produtividade ao utilizar o PCG pela seleção indireta.

Verificou-se que o PCG foi de 8,96 a 12,68 gramas, para MSOY 6101 e UFUS FG 11, respectivamente. Houve a formação de três grupos, agrupando 23 linhagens entre os maiores valores para esse caráter, sendo superiores às duas testemunhas (Tabela 3).

TABELA 3. Médias dos caracteres peso de 100 grãos (PCG), número de nós produtivos (NNP), número de nós ramificados (NNR), Número de vagens por planta (NVP) e produtividade de grãos (PROD) em kg ha<sup>-1</sup>, de 37 genótipos de soja, no município de Uberlândia – MG.

Genótipos	Caracteres				
	PCG**	NNP**	NNR**	NVP*	PROD**
UFUS FG 01	11,83 a	6,60 a	1,07 b	17,53 b	2114,80 c
UFUS FG 02	09,87 b	6,40 a	0,13 b	11,00 b	812,00 c
UFUS FG 03	10,51 b	7,00 a	2,10 a	30,80 a	3708,00 a
UFUS FG 04	10,70 a	5,10 a	1,10 b	14,70 b	1909,50 c
UFUS FG 05	10,43 b	6,40 a	0,87 b	23,47 b	3340,20 b
UFUS FG 06	10,86 a	5,10 a	3,40 a	29,70 a	2748,30 b
UFUS FG 07	11,18 a	5,67 a	0,80 b	12,80 b	1570,80 c
UFUS FG 08	11,79 a	6,40 a	1,00 b	26,80 a	3155,40 b
UFUS FG 09	09,00 c	6,47 a	1,00 b	19,43 b	2174,40 c
UFUS FG 10	10,56 b	9,13 a	0,27 b	20,00 b	2624,00 b
UFUS FG 11	12,68 a	5,60 a	0,47 b	11,93 b	1259,40 c
UFUS FG 12	11,38 a	6,47 a	0,67 b	19,40 b	3375,60 b
UFUS FG 13	11,65 a	5,93 a	0,87 b	15,40 b	1506,00 c
UFUS FG 14	11,50 a	6,73 a	1,13 b	26,20 a	2911,20 b
UFUS FG 15	09,12 c	5,20 a	1,87 a	16,60 b	2320,80 c
UFUS FG 16	09,58 c	5,87 a	1,12 b	18,88 b	2696,40 b
UFUS FG 17	11,17 a	6,53 a	0,40 b	18,53 b	2468,80 c
UFUS FG 18	12,24 a	7,07 a	0,67 b	23,08 b	2906,80 b
UFUS FG 19	10,28 b	7,50 a	2,10 a	26,40 a	2196,00 c
UFUS FG 20	10,11 b	6,60 a	1,73 a	27,07 a	4169,40 a
UFUS FG 21	10,50 b	9,07 a	1,47 b	30,73 a	2409,00 c
UFUS FG 22	11,20 a	4,87 a	2,13 a	11,73 b	2091,00 c
UFUS FG 23	09,07 c	4,93 a	1,93 a	20,40 b	1726,00 c
UFUS FG 24	11,93 a	7,93 a	0,65 b	21,47 b	2655,20 b
UFUS FG 25	11,16 a	6,73 a	2,47 a	35,60 a	3155,40 b
UFUS FG 26	11,74 a	6,33 a	1,47 b	23,33 b	2281,20 c
UFUS FG 27	10,91 a	5,73 a	0,58 b	18,57 b	2238,67 c
UFUS FG 28	10,76 a	6,60 a	0,13 b	14,27 b	1740,60 c
UFUS FG 29	11,15 a	6,33 a	3,13 a	30,93 a	2775,00 b
UFUS FG 30	11,82 a	5,20 a	0,40 b	30,80 a	2063,40 c
UFUS FG 31	11,43 a	7,30 a	2,70 a	33,60 a	4608,00 a
UFUS FG 32	11,14 a	7,40 a	0,00 b	18,70 b	2013,00 c
UFUS FG 33	10,81 a	6,70 a	1,50 b	22,10 b	2640,60 b
UFUS FG 34	11,09 a	5,80 a	0,10 b	15,40 b	1655,40 c
UFUS FG 35	10,46 b	10,00 a	1,28 b	19,40 b	2521,50 b
MSOY6101	08,96 c	4,27 a	1,73 a	15,95 b	1714,17 c
UFUS7910	09,85 b	5,07 a	4,57 a	20,07 b	1062,97 c

Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, \*\* e \* ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Avaliando o desempenho agronômico de cultivares de soja na região central do Estado do Tocantins, Ribeiro et al. (2016) verificaram duas cultivares que apresentaram as maiores médias para PCG de 19,88 e 18,58 gramas. Os autores afirmaram que a massa de cem grãos é um atributo determinado geneticamente, mas fortemente influenciado pelo ambiente.

Rigon et al. (2012), com dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja por meio de descritores quantitativos no Rio Grande do Sul, constataram peso de cem grãos oscilando de 13,17 a 22,41 gramas. Esses resultados apresentam valores superiores aos encontrados no presente estudo.

A variação para o número de nós produtivos (NNP) foi de 4,27 para a cultivar MSOY 6101 a 10,00 para linhagem UFUS FG 35. O número de nós ramificados apresentou formação de dois grupos, nos quais as dez linhagens com maiores médias foram agrupadas com as testemunhas, MSOY 6101 e UFUS 7910, com valores de 1,73 (UFUS FG 20) a 4,57 (UFUS 7910). O grupo com menores médias teve amplitude de 0,00 a 1,47, para as linhagens UFUS FG 32 e UFUS FG 26, respectivamente (Tabela 3).

Val et al. (2014) avaliaram o caráter número de ramos e encontraram a formação de dois grupos, variando de 1,13 à 5,30, o que corrobora com o presente estudo para número de nós ramificados. Navarro Junior e Costa (2002), por sua vez, constataram que para algumas das cultivares o número de ramos esteve fortemente correlacionado com a produção de grãos. Segundo esses autores, isso se deve ao fato dessas cultivares apresentarem maior número de nós férteis nos ramos e, conseqüentemente, maior produção de grãos.

O caráter número de vagens por planta (NVP) está correlacionado com a produtividade em soja, e por isso é um dos componentes de produção mais importantes para a cultura (ALCANTARA NETO et al., 2011; LEITE et al., 2016; VIANNA et al., 2013). Peluzio et al. (2010) afirmam que esse é um caráter importante para o rendimento final de grãos.

Ademais, observou-se formação de dois grupos para o caractere NVP. O primeiro grupo foi formado por 11 linhagens que apresentaram valores superiores aos demais genótipos e as testemunhas MSOY 6101 e UFUS 7910, com valores de 26,20 a 35,60, para UFUS FG 14 e UFUS FG 25, respectivamente. As demais progênies tiveram número de vagens variando de 11,00 para linhagem UFUS FG 02, a 23,47 para UFUS FG 05 (Tabela 3).

Val et al. (2014) obtiveram a classificação dos genótipos em dois grupos para o número de vagens, sendo que sete linhagens apresentaram os maiores valores compreendidos entre 129,90 e 165,33, superiores aos encontrados no presente estudo. Segundo Câmara (1998), uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, no entanto as cultivares brasileiras apresentam em média 30 a 80 vagens por planta.

Uma das principais características a ser considerada no melhoramento da soja é a produtividade de grãos. Houve três linhagens que se destacaram quanto à produtividade de grãos: a UFUS FG 03 (3708,00 kg ha<sup>-1</sup>), UFUS FG 20 (4169,40 kg ha<sup>-1</sup>) e UFUS FG 31 (4608,00 kg ha<sup>-1</sup>). Dentre todos os 37 genótipos, a produtividade teve amplitude de 812,00 kg ha<sup>-1</sup> a 4608,00 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 3).

Sete linhagens, UFUS FG 03, UFUS FG 05, UFUS FG 08, UFUS FG 12, UFUS FG 20, UFUS FG 25 e UFUS FG 31, obtiveram valores de produtividade maiores que as cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910 (Tabela 3), nas quais a média de produção nacional de 3.072 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2016/17 (CONAB, 2017). A semeadura fora de época pode ter influenciado a redução da produtividade para todos os genótipos avaliados, podendo apresentar valores superiores na época recomendada de cultivo.

Resultados semelhantes foram encontrados por Rigon et al. (2012), que obteve valor de produtividade de até 3780 kg ha<sup>-1</sup>, e Hamawaki et al. (2010) com valor de produtividade de até 4300,3 kg ha<sup>-1</sup>.

Cavalcante et al. (2010), estudando a variabilidade genética de 28 genótipos de soja de ciclo precoce no município de Uberaba-MG, determinaram que as linhagens apresentaram produtividades entre 1249,3 a 2785,6 kg ha<sup>-1</sup>, com valores inferiores a este estudo.

Em estudo com cultivares de soja em cultivo de verão no sul de Minas Gerais, Carvalho et al. (2010) encontraram variação de produtividade entre 1837 a 3575 kg ha<sup>-1</sup>. Os autores afirmaram que o uso de materiais de soja mal adaptados a determinadas regiões pode prejudicar o bom desenvolvimento da planta, favorecer a ocorrência de plantas daninhas e as perdas na colheita mecanizada.

Na pesquisa de Ribeiro et al. (2016), todos os genótipos apresentaram médias de produtividade acima de 3000 kg ha<sup>-1</sup>, sendo determinadas as cinco melhores cultivares, as quais apresentaram médias de 4236 kg ha<sup>-1</sup>, 3902 kg ha<sup>-1</sup>, 3846 kg ha<sup>-1</sup>, 3834 kg ha<sup>-1</sup> e 3790 kg ha<sup>-1</sup>.

A linhagem UFUS FG 31 destacou-se dentre todos os genótipos avaliados (Tabela 3), com valores superiores na maioria dos caracteres. Sua produtividade foi de

4608,00 kg ha<sup>-1</sup>, superior à média nacional de 3.072 kg.ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2017). Além de encontrar-se entre os maiores valores de número de vagens, número de nós (no florescimento, na maturidade, produtivos e ramificados), peso de cem grãos e altura da planta.

O desempenho agrônomo das linhagens contribui na verificação da variabilidade existente para a seleção de genótipos superiores. Contudo, selecionar indivíduos superiores é um processo complexo, pois os caracteres de importância agrônoma são de natureza quantitativa (BÁRBARO et al., 2009; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016). Nesse contexto, é importante identificar a melhor estratégia de seleção.

A seleção direta é direcionada para apenas um caráter de interesse e consiste na obtenção de ganhos máximos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção. Dependendo da associação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, que não foram considerados no processo seletivo (CRUZ, 2013). No presente estudo, a seleção direta promoveu maiores ganhos individuais (Tabela 4).

TABELA 4. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para os dez caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para as 35 linhagens de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracte- res	GS % <sup>1</sup>									
	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNM	P100G	NNP	PROD	NVP
NDF	<b>-10,27</b>	-3,91	4,08	5,27	7,13	2,69	0,9	0,9	-4,38	-1,0
NDM	-1,09	<b>-4,58</b>	-0,6	1,02	0,88	-0,22	-0,65	-0,09	0,16	0,95
APF	-6,17	3,67	<b>10,75</b>	4,18	5,9	0,81	1,32	-2,0	0,72	1,87
APM	-2,0	1,88	3,19	<b>7,49</b>	6,56	4,77	2,09	3,97	1,87	0,75
NNF	-4,03	0,51	4,87	7,07	<b>8,33</b>	3,94	2,99	3,34	2,61	5,77
NNM	-1,14	-0,07	0,51	4,13	3,61	<b>6,68</b>	-0,24	5,44	0,99	2,34
P100G	0,48	0,64	-0,31	0,77	2,03	-0,25	<b>7,29</b>	1,16	2,03	0,44
NNP	-2,53	-1,12	-1,27	7,95	8,13	10,98	-0,22	<b>12,42</b>	1,52	1,7
PROD	6,76	2,02	3,7	13,31	10,7	10,91	2,43	12,66	<b>31,02</b>	20,71
NVP	0,55	-0,59	5,92	7,8	7,71	8,25	2,59	6,34	11,27	<b>16,0</b>
Total	-19,44	-1,55	30,84	58,99	60,98	48,56	18,5	44,14	49,53	47,81

NDF: Número de dias para florescimento, NDM: número de dias para maturidade, APF: altura da planta no florescimento, APM: altura da planta na maturidade, NNF: número de nós no florescimento, NNM: número de nós na maturidade, PCG: peso de 100 grãos, NNP: número de nós produtivos, PROD: produtividade de grãos e NVP: Número de vagens por planta. <sup>1</sup> Sentido favorável de seleção: redução para NDF e NDM, aumento para APF, APM, NNF, NNM, PCG, NNP, PROD e NVT.

Os maiores ganhos obtidos com a seleção direta foram para os caracteres produtividade (31,02%), número de vagens (16,00%) e número de nós produtivos (12,42%). Já a seleção direta para o caráter número de dias para maturidade retornou o menor ganho individual (4,58%) (Tabela 4), que condiz com o baixo CVg (3,93%) (Tabela 1).

Bizali et al. (2017) encontraram ganhos semelhantes para a seleção direta na soja, com maiores ganhos para produtividade (35,70%). Esse ganho ocorre em virtude da maior variação genética desse caráter. Além disso, encontraram menor ganho de seleção para número de dias para maturidade (3,29%).

A seleção direta para APM, NNF, NNM, NNP e NVP trouxe ganhos de seleção indireta para produtividade, superiores aos dos caracteres selecionados, com valores de 13,31%, 10,70%, 10,91%, 12,66% e 20,71%, respectivamente (Tabela 4). Com destaque para a seleção direta para número de vagens, que trouxe o maior ganho indireto para produtividade.

Alcântara Neto et al. (2011) concluíram que o número de vagens por planta foi o componente de produção que apresentou maior efeito direto sobre a produtividade de grãos, o que corrobora com os resultados encontrados no presente estudo.

Leite et al. (2016), com base nos resultados observados na seleção direta para os caracteres altura da planta no florescimento e na maturidade, verificaram efeito favorável com elevada contribuição na determinação da produtividade de grãos via número de vagens e número de nós, respectivamente.

A seleção direta para número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta no florescimento e peso de cem grãos trouxe respostas desfavoráveis aos caracteres secundários, com valores baixos para os ganhos de seleção indiretos (Tabela 4).

Diferente da seleção direta, os índices de seleção constituem-se de uma alternativa que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, pela combinação de vários caracteres (ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013). Os ganhos de seleção obtidos pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), índice base de Willians (1962), e índice da distância genótipo-ideótipo encontram-se na Tabela 5.

TABELA 5. Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para dez caracteres pela seleção pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), índice base de Willians (1962), e índice da distância genótipo-ideótipo para as 35 linhagens de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	GS % <sup>1</sup>			
	Smith (1936) e Hazel (1943)	Mulamba & Mock (1978)	Willians (1962)	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-5,13	-0,01	-4,38	2,83
NDM	-0,45	-1,82	0,16	-0,6
APF	1,81	4,1	0,72	4,44
APM	2,35	5,11	1,87	6,68
NNF	1,95	4,64	2,61	5,52
NNM	0,19	3,49	0,99	4,86
P100G	0,83	3,71	2,03	2,95
NNP	1,1	6,42	1,52	10,29
PROD	30,76	16,67	31,02	15,62
NVP	9,03	7,25	11,27	6,79
Total	42,44	49,56	47,81	59,38

NDF: Número de dias para florescimento, NDM: número de dias para maturidade, APF: altura da planta no florescimento, APM: altura da planta na maturidade, NNF: número de nós no florescimento, NNM: número de nós na maturidade, PCG: peso de 100 grãos, NNP: número de nós produtivos, PROD: produtividade de grãos e NVP: Número de vagens por planta. <sup>1</sup> Sentido favorável de seleção negativo para NDF e NDM, e positivo para APF, APM, NNF, NNM, PCG, NNP, PROD e NVT.

Em geral, o índice base de Willians (1962) apresentou o maior ganho para produtividade (31,02%) (Tabela 5), com valor igual ao encontrado por meio da seleção direta (Tabela 4). Seguido do índice de Smith (1936) e Hazel (1943), com ganho de produtividade de 30,76%. Porém, esses dois índices apresentaram os menores valores de ganhos de seleção para os demais caracteres (Tabela 5).

Heffner et al. (2011) afirmam que o índice de base de Willians (1962) é teoricamente inferior ao índice Smith-Hazel, porém pode ser favorável quando grandes conjuntos de dados não estão disponíveis para estimativa precisa das correlações fenotípicas.

Estudando linhagens de soja em geração F8 no Piauí, Leite et al. (2016) observaram que o índice clássico de Smith e Hazel e o índice base de Willians apresentaram os maiores ganhos genéticos para a produtividade de grãos em soja, com 16,71% e 21,84%, respectivamente. Os resultados são semelhantes ao presente estudo, porém tiveram valores de ganho de seleção inferiores.

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou o maior valor de ganho total de 59,38%, seguido pelo índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), com 49,56%. Esses índices apresentaram menores valores de ganho de seleção para produtividade, porém maiores valores para os demais caracteres, proporcionando uma distribuição equilibrada dos ganhos de seleção.

No estudo de Leite et al. (2016), o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou maiores valores de ganhos totais em soja, com 36,9% quando considerados a produtividade de grãos, números de nós e número de vagens como caracteres principais, e 58,52% quando considerados todos os caracteres como principais. Porém, o índice base de Williams foi tratado neste trabalho como o critério mais adequado para a situação analisada.

Bizari et al. (2017), ao compararem diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou os ganhos mais favoráveis no estudo. Também foram utilizados os critérios da seleção direta, índice clássico de Smith & Hazel, índice base de Williams, índice baseado nos ganhos desejados de Pesek & Baker e índice da distância genótipo-ideótipo.

Vasconcelos et al. (2010), avaliando diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa, verificaram que os índices de Mulamba & Mock e distância do genótipo ao ideótipo proporcionaram progresso genético superior em alfafa em relação aos índices de Smith & Hazel e Williams. A seleção direta, apesar de obter os maiores ganhos para um determinado caráter, propiciaram efeitos indesejáveis em outras características.

Rosado et al. (2012), por sua vez, verificaram que o índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock foi mais adequado, proporcionando uma distribuição equilibrada de ganhos de seleção para um maior número de progênies de maracujá amarelo avaliadas em Minas Gerais.

Na Tabela 6, encontram-se as dez progênies superiores, selecionadas por intermédio de todos os métodos de seleção utilizados no presente estudo, seus valores de produtividade e das testemunhas MSOY 6101 e UFUS 7910. A seleção direta para produtividade selecionou os mesmos genótipos que o índice clássico de Williams.

Todos os genótipos selecionados são superiores às cultivares MSOY 6101 e UFUS 7910 quanto à produtividade (Tabela 6) e outros caracteres (Tabelas 2 e 3). As linhagens UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 e UFUS FG 31 foram selecionadas em todos os métodos de seleção aplicados neste estudo, verificando a real superioridade destes genótipos.



TABELA 6. Produtividade (PROD) em kg ha<sup>-1</sup> dos dez genótipos superiores selecionados pela seleção direta para produtividade, índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), índice base de Willians (1962) e índice da distância genótipo-ideótipo (DGI), e testemunhas MSOY6101 e UFUS7910, no município de Uberlândia – MG.

Índices de Seleção							
Willians (1962) e Seleção direta produtividade		Smith (1936) e Hazel (1943)		Mulamba & Mock (1978)		Distância genótipo- ideótipo	
Genó-tipos	PROD	Genó- tipos	PROD	Genó- tipos	PROD	Genó- tipos	PROD
3	3708,00	3	3708,00	8	3155,40	10	2624,00
5	3340,20	5	3340,20	12	3375,60	12	3375,60
8	3155,40	8	3155,40	14	2911,20	14	2911,20
12	3375,60	12	3375,60	18	2906,80	18	2906,80
14	2911,20	14	2911,20	19	2196,00	21	2409,00
18	2906,80	16	2696,40	24	2655,20	24	2655,20
20	4169,40	18	2906,80	25	3155,40	25	3155,40
25	3155,40	20	4169,40	26	2281,20	26	2281,20
29	2775,00	25	3155,40	31	4608,00	31	4608,00
31	4608,00	31	4608,00	35	2521,50	35	2521,50
MSOY6101				1714,17			
UFUS7910				1062,97			

#### 4. CONCLUSÕES

O coeficiente de determinação genotípica ( $H^2$ ) dos caracteres relacionados ao ciclo, altura da planta, número de nós, componentes de produção e produtividade foi de médio a alto.

O índice base de Willians (1962) e o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentaram o maior ganho de seleção para o caráter produtividade de grãos.

O índice da distância genótipo-ideótipo e o índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) apresentaram maiores valores de ganho de seleção total.

As linhagens UFUS FG 12, UFUS FG 14, UFUS FG 18, UFUS FG 25 e UFUS FG 31 destacaram-se como genótipos superiores pelos métodos de seleção direta e índices de seleção.

## 5. REFERÊNCIAS

- ALCANTARA NETO, F.; GRAVINA, G. A.; MONTEIRO, M. M. S.; MORAIS, F. B.; PETTER, F. A.; ALBUQUERQUE, J. A. A. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ANDRADE, A. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S. E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- ARSHAD, M.; ALI, N.; GHAFOR, A. Character correlation and path coefficient in soybean *Glycine max* (L.) Merrill. **Pakistan Journal of Botany**, v. 38, n. 1, p. 121, 2006.
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias = Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BÁRBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, v. 5, p. 07-24, 2009.
- BÁRBARO, I. M.; DA CRUZ CENTURION, M. A. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 250-261, 2007.
- BARROS, J. P. A.; SEDIYAMA, T.; SANTOS SILVA, F. C.; DA SILVA, A. F.; BEZERRA, A. R. G.; ROSA, D. P.; OLIVEIRA, D. S. Estimates of genetic parameters and efficiency in selection for branching capacity in soybean genotypes. **Journal of Agronomy**, v. 15, n. 1, p. 39-44, 2016.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P. ; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.
- CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia de produção**. Piracicaba: Publique, 1998. 293 p.
- CANTELLI, D. A. V. ; HAMAWAKI, O. T. ; ROCHA, M. R. ; NOGUEIRA, A. P. O. ; HAMAWAKI, R. L. ; SOUSA, L. B. ; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic

divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 15, n. 4, 2016.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M. D.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, É. P.; ALCANTARA, H. P. D.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciênc. Agrotec.**, v. 34, n. 4, p. 892-899, 2010.

CAVALCANTE, A. K.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; ARAUJO, G. O.; ROMANATO, F. N. Variabilidade genética de genótipos de soja de ciclo precoce no município de Uberaba-MG. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 3, p. 115-119, 2010.

CEAPAR. Soja - Tabela de cultivares. [201?]. Disponível em: <<http://www.ceapar.com.br/soja.html>>. Acesso em: 17 fev. 2017.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos – safra 2016/17 – quarto levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 4, n. 4, p. 1-160, 2017. ISSN: 2318-6852.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, n. 67, p. 101- 108, 2008.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: biometria**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia Agraria**, v. 11, n. 1, p. 033-042, 2010.

CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU-Breeding Program. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, 2013.

DORNELES, L. M. C.; REZENDE, D. F.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T. Diversidade genética entre linhagens de soja semiprecoce no município de Goiatuba - GO, safra 2009/2010. **Revista Verde**, v. 6, n. 1, p. 22-27, 2011.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de Soja Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p.

ESPINDOLA, S.; FINHOLDT, R.; FERREIRA JR, J. A.; KITANO, B.; DI MAURO, A. O. Avaliação da performance produtiva e agrônômica de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP. **FAZU em Revista**, n. 08, p. 20-24, 2012.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

FINOTO, E. L.; CARREGA, W. C.; SEDIYAMA, T.; DE ALBUQUERQUE, J. A. A.; CECON, P. R.; REIS, M. S. Efeito da aplicação de fungicida sobre caracteres agronômicos e severidade das doenças de final de ciclo na cultura da soja. **Revista Agro@mbiente On-line**, v. 5, n. 1, p. 44-49, 2011.

GATUT\_WAHYU, A. S.; MANGOENDIDJOJO, W.; YUDONO, P.; KASNO, A. Mode of inheritance of genes control maturity in soybean. **ARPN Journal of Agricultural and Biological Science**, v. 9, n. 5, p. 178-182, 2014.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; REZENDE, D. F.; HAMAWAKI, C. D. L. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, v. 1, n. 1, p. 43, 2010.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; REZENDE, D. F.; HAMAWAKI, C. D. L. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, v. 1, n. 1, p. 43, 2010.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N. ; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-49, 1943.

HEFFNER, E. L.; JANNINK, J. L.; SORRELLS, M. E. Genomic selection accuracy using multifamily prediction models in a wheat breeding program. **The Plant Genome**, v. 4, n. 1, p. 65-75, 2011.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LIMA, I. P. ; BRUZI, A. T.; BOTELHO, F. B. S.; ZAMBIAZZI, E. V. ; SOARES, I. O.; ZUFFO, A. M. Performance of Conventional and Transgenic Soybean Cultivars in the South and Alto Paranaíba Regions of Minas Gerais, Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 09, p. 1385, 2015.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; MOURA, R. M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002.

MARTINS, J.D.; STRECK, N. A; CARLESSO, A. E. K. R. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em função da época de semeadura. **Ciência Rural**, v. 41, n. 6, p. 954-959, 2011.

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 1, p. 14-21, 2012.

MULAMBA, N. N. ; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays L.*) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Citology**, v. 7, p. 40-51, 1978.

NAVARRO JÚNIOR, H.; COSTA, J. A. Contribuição relativa dos componentes do rendimento para produção de grãos em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 3, p. 269-274, 2002.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009, p. 7-16.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.; MONTEIRO, F. J. F.; MELO, A. V.; PIMENTA, R. S. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em várzea irrigada no Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, p. 427-434, 2010.

PERINI JÚNIOR, L. J.; FONSECA JÚNIOR, N. D. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Components of the production in soybean cultivars with determinate and indeterminate growth. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 33, n. suplemento 1, p. 2531-2544, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, v. 49, p. 803-804, 1969.

Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Variedades de soja da UFU. [201?] Disponível em: < <http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>>. Acesso em: 11 jan. 2017.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. dos; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522 p.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9 p. 347-353, 2014.

RIBEIRO, F. C.; COLOMBO, G. A.; SILVA, P. O. S.; DA SILVA, J. I. C.; ERASMO, E. A. L.; PELUZIO, J. M. Desempenho agrônômico de cultivares de soja na região central do Estado do Tocantins, safra 2014/2015. **Scientia Plena**, v. 12, n. 7, 2016.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; DE BRITO NETO, J. F.; DA ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Ceres**, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, 333 p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2013. p. 553-603.

SELESTINO, P. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; PEREIRA, E. M.; VAL, B. H. P. Performance agrônômica de genótipos precoces de soja destinados a áreas de reforma de canavial. **Ciência e Tecnologia**, v. 6, n. 1, p. 59-71, 2014.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica**, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.

SMITH, H. F. 1936. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; FELISBERTO, G.; ZUFFO, A. M.; (...) GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genet. Mol. Res**, v. 14, n. 3, p. 8995-9003, 2015.

SOUSA, L. B.; CAVALCANTE, A. K.; HAMAWAKI, O. T.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, C. D. L. Avaliação de linhagens de soja em ensaio final do processo de melhoramento. **Nucleus**, v. 7, n. 2, 2010.

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N. ; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 6, 2015.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, v. 70, p. 753-758, 2011.

UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; CARDOSO, G. K. R.; DI MAURO, A. O.; BLAT, S. F.; BÁRBARO, I. M.; PINHEIRO, J. B.; NASCIMENTO, A. F. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e Tecnologia**, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

VAL, B. H. P.; JÚNIOR, J. A. F.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia**, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57 p. 205-210, 2010.

VIANNA, V. F.; DESIDERIOSUP, J. A.; DE SANTIAGOSUP, S.; JUNIORSUP, J. A. F.; FERRAUDOSUP, A. S. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, p. 375-393, 1962.

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC genomics**, v. 16, n. 1, p. 217, 2015.