

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA

PARÂMETROS GENÉTICOS, MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÃO
SEGREGANTE E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia,
como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação
em Agronomia – Doutorado, área de concentração em
Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutor”.

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Coorientadora

Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2018

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

R672p
2018 Rocha, Makyslano Rezende da, 1989
 Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja [recurso eletrônico] / Makyslano Rezende da Rocha. - 2018.

 Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
 Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
 Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
 Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.te.2018.499>
 Inclui bibliografia.
 Inclui ilustrações.

 1. Agronomia. 2. Soja - Melhoramento genético. 3. Grãos. 4. . I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki, (Orient.). II. Nogueira, Ana Paula Oliveira, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU: 631

MAKYSLANO REZENDE DA ROCHA

PARÂMETROS GENÉTICOS, MÉTODOS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÃO
SEGREGANTE E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA

Tese apresentada à Universidade Federal de Uberlândia,
como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação
em Agronomia – Doutorado, área de concentração em
Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutor”.

APROVADA em 10 de outubro de 2018.

Prof.^a. Dr.^a. Ana Paula Oliveira Nogueira
(Coorientadora)

UFU

Prof.^a. Dr.^a. Larissa Barbosa de Sousa

UFU

Dr.^a. Flávia Aparecida Amorim

AGRICERT

Dr. Paulo Henrique Nardon Felici

BAYER



Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki
ICIAG – UFU
(Orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2018

*Dedico
aos meus pais, Ilza e Demóstenes.*

*“A mente que se abre a uma nova ideia jamais
voltará ao seu tamanho original.”*

(Albert Einstein)

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus pela vida e por todas as bênçãos e oportunidades concedidas.

À Universidade Federal de Uberlândia pela infraestrutura disponibilizada.

Ao professor Dr. Osvaldo T. Hamawaki pelo apoio, confiança e incentivo para realizar o meu Doutorado em Agronomia, na área de Produção e Melhoramento Genético de Soja.

À Professora Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira pela co-orientação, pelo apoio e pelas fundamentais sugestões que, certamente, contribuíram para realizar este trabalho. Agradeço-lhe a paciência, o tempo disponibilizado e as valiosas discussões que culminaram na produção de conhecimento.

Aos alunos dos cursos de graduação em Agronomia e Biotecnologia da UFU e da pós-graduação em Agronomia, membros do Programa de Melhoramento Genético de Soja, pela colaboração na condução dos experimentos e nas jornadas de estádio aos sábados na Fazenda Capim Branco.

Ao meu amigo Carlos Sebastião, pela companhia e enorme ajuda ao longo desses anos de doutorado, sempre se mostrando companheiro e solícito. Obrigado por todo apoio e força nos momentos difíceis.

Ao Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU pela oportunidade e disponibilidade da infraestrutura para realizar os experimentos.

Aos membros da Banca Examinadora por aceitarem o convite de avaliar esta tese.

Aos meus pais, pela base e cuidados para a minha formação, bem como todo o afeto e incondicional confiança.

Meu agradecimento mais profundo e sincero a minha noiva Laís, pelo amor, carinho, companheirismo, motivação, suporte e paciência. Obrigado por toda dedicação, por ser essa pessoa maravilhosa, por compreender os estresses e as ausências dessa jornada.

A Fundação de Amparo a Pesquisa do Estado de Minas Gerais pela concessão da bolsa de estudos durante a realização do curso de Doutorado em Agronomia.

Por fim, a todos aqueles que contribuíram de uma forma ou de outra para a conclusão desta importante etapa. Durante todo esse período, o apoio de cada um foi fundamental para a minha formação pessoal e profissional.

SÚMARIO

RESUMO	i
ABSTRACT	iii
CAPÍTULO I.....	1
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1. Origem e introdução da soja no Brasil	3
2.2. A expansão da cultura da soja no Brasil.....	4
2.3. Melhoramento genético da soja.....	5
2.4. Estudo de herança.....	8
2.4.1. Análise de gerações	9
2.4.2. Análise dialélica	10
2.5. Métodos de condução de populações segregantes.....	12
2.6. Panorama da soja convencional.....	14
REFERÊNCIAS	16
CAPÍTULO II.....	24
ANÁLISE COMBINATÓRIA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM SOJA	24
RESUMO	24
ABSTRACT	25
1. INTRODUÇÃO.....	26
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	28
2.1. Local de instalação do experimento	28
2.2. Seleção dos parentais.....	28
2.3. Hibridação	28
2.4. Avaliação do dialelo parcial com genitores e com F ₁ 's.....	29
2.5. Análise estatística	30
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4. CONCLUSÕES	37
REFERÊNCIAS	38
CAPÍTULO III	40
ESTUDO DE HERANÇA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM SOJA.....	40
RESUMO	40
ABSTRACT	41
1. INTRODUÇÃO.....	42
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	43
2.1. Local de instalação do experimento	43

2.2.	Seleção dos parentais.....	43
2.3.	Obtenção da geração F1	44
2.4.	Obtenção da geração F ₂	45
2.5.	Preparo do solo e semeadura	45
2.6.	Avaliação das gerações (P ₁ , P ₂ e F ₂)	46
2.7.	Análise estatística	47
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	49
4.	CONCLUSÕES	57
	REFERÊNCIAS	58
	CAPÍTULO IV	61
	DESEMPENHO AGRONÔMICO DE PROGÊNIES DE SOJA DESENVOLVIDAS POR MEIO DO MÉTODO GENEALÓGICO MODIFICADO	61
	RESUMO	61
	ABSTRACT	62
1.	INTRODUÇÃO.....	63
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	65
2.1.	Local de instalação do experimento	65
2.2.	Seleção dos parentais.....	65
2.3.	Hibridação	66
2.4.	Preparo do solo e dos tratos culturais durante avanço de gerações	67
2.5.	Método genealógico modificado	67
2.6.	Preparo do solo e da semeadura do ensaio preliminar	69
2.7.	Avaliação das progênies	69
2.8.	Análise estatística	70
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	72
4.	CONCLUSÕES	76
	REFERÊNCIAS	77
	CAPÍTULO V	80
	COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO MODIFICADOS <i>BULK</i> , DESCENDENTE DE UMA ÚNICA VAGEM E GENEALÓGICO EM SOJA.....	80
	RESUMO	80
	ABSTRACT	81
1.	INTRODUÇÃO.....	82
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	84
2.1.	Local de instalação do experimento	84
2.2.	Seleção dos parentais e hibridação	84
2.3.	Preparo do solo e dos tratos culturais durante o avanço de gerações.....	85

2.4.	Obtenção das progênies	86
2.4.1.	Método descendente de única vagem modificado	86
2.4.2.	Método <i>bulk</i> modificado.....	87
2.4.3.	Método genealógico modificado	89
2.5.	Preparo do solo e semeadura das progênies	90
2.6.	Avaliação das progênies	91
2.7.	Análise estatística	92
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	94
4.	CONCLUSÕES	103
	REFERÊNCIAS	104
	CAPÍTULO VI.....	106
	ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIAS DE SOJA.....	106
	RESUMO	106
	ABSTRACT	107
1.	INTRODUÇÃO.....	108
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	109
2.1.	Local de instalação do experimento	109
2.2.	Seleção dos parentais.....	109
2.3.	Hibridação	110
2.4.	Preparo do solo e tratos culturais durante avanço de gerações.....	111
2.5.	Método descendente de uma única vagem modificado.....	111
2.6.	Semeadura das progênies.....	112
2.7.	Avaliação das progênies	113
2.8.	Análise estatística	114
3.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	115
4.	CONCLUSÕES	119
	REFERÊNCIAS	120

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

TABELA 1. Descrição dos genótipos de soja utilizados nos cruzamentos para obtenção de um dialelo parcial sem recíprocos.	28
TABELA 2. Combinações híbridas do dialelo parcial, adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).	29
TABELA 3. Resumo da análise de variância em esquema de dialelo parcial envolvendo dois grupos de genitores e suas respectivas combinações híbridas.	32
TABELA 4. Estimativa dos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e médias dos caracteres agrônômicos avaliados em um dialelo parcial com genitores e com F_1 's.	34

CAPÍTULO III

TABELA 1. Descrição das cultivares utilizadas nos cruzamentos e na análise de gerações.	44
TABELA 2. Genealogia dos cruzamentos e quantidade de sementes F_1	45
TABELA 3. Estimativas de variâncias, de parâmetros genéticos e de médias de caracteres agrônômicos para as populações 1, 2, 3 e 4 obtidos a partir da F_2 e de seus genitores.	50
TABELA 4. Valores máximos e mínimos para parentais e F_2 , além da presença de segregantes transgressivos.	55
TABELA 5. Indivíduos selecionados nas populações F_2 de soja para produção de grãos.	56

CAPÍTULO IV

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais nos cruzamentos.	66
TABELA 2. Resumo da análise de variância para os caracteres agrônômicos de 19 progênies $F_{3;5}$ e quatro testemunhas de soja.	72
TABELA 3. Médias das progênies $F_{3;5}$ e das testemunhas de soja convencional para caracteres agrônômicos.	73

CAPÍTULO V

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais nos cruzamentos.	85
TABELA 2. Quantidade de progênies selecionadas nas populações segregantes para cada método de condução.	91
TABELA 3. Resumo da análise de variância das progênies de soja do cruzamento entre UFUS 6901 x UFUS Tikuna.	94
TABELA 4. Resumo da análise de variância das progênies de soja do cruzamento entre UFUS 7415 x UFUS Xavante.	95
TABELA 5. Análise de variância das progênies e dos genitores de soja do cruzamento entre UFUS Tupi x UFUS Xavante.	96
TABELA 6. Estimativas de variância genética herdabilidade (h^2), do coeficiente de variação experimental CV (%) e da média para o caráter produtividade de grãos ($kg\ ha^{-1}$)	

para progênies de soja, desenvolvidas pelos métodos *bulk*, genealógico e SPD (*single seed descent*). 97

TABELA 7. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênies de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS 6901 e UFUS Tikuna..... 98

TABELA 8. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênies de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS 7415 e UFUS Xavante..... 100

TABELA 9. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênies de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS Tupi e UFUS Xavante. 101

CAPÍTULO VI

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais. 110

TABELA 2. Resumo da análise de variância, da estimativa de média, dos coeficientes de variação e da herdabilidade para caracteres agronômicos de progênies de soja convencionais. 115

TABELA 3. Estimativa de ganhos por meio da seleção direta (SD), do índice de soma de ranks (ISR), da distância genótipo-ideótipo (IDGI) e do multiplicativo (IM) em caracteres agronômicos. 117

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO III

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de janeiro de 2017 a junho de 2017 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC). 43

CAPÍTULO VI

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC). 65

FIGURA 2. Esquema do método genealógico modificado. 68

CAPÍTULO V

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC). 84

FIGURA 2. Esquema do método descendente de uma única viagem modificado. 87

FIGURA 3. Esquema do método *bulk* modificado. 88

FIGURA 4. Esquema do método genealógico modificado. 90

CAPÍTULO VI

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC). 109

FIGURA 2. Esquema do método descendente de uma única viagem modificado. 112

ROCHA, MAKYSLANO REZENDE DA. Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja. **2018. Tese (Doutorado em Agronomia/ Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia – MG¹**

RESUMO

O estudo de herança para caracteres agronômicos e a seleção de métodos mais eficazes são fundamentais nos programas de melhoramento para o desenvolvimento de progênies de soja. Esta tese foi subdividida em seis capítulos, sendo que o primeiro traz o referencial teórico relacionado à cultura, à importância econômica e ao melhoramento da soja. O segundo capítulo teve como objetivo obter estimativas das capacidades geral e específica de combinação de cinco genitores de soja por meio do dialelo parcial, visando identificar os genótipos mais promissores para caracteres agronômicos e as melhores combinações para o desenvolvimento de linhagens superiores. Foram analisadas seis combinações híbridas, sem recíprocos, e cinco parentais (BRSGO Chapadões, TMG 4185, TMG 4182, BR/MG 46 Conquista e UFUS 7910) por meio do dialelo parcial proposto por Geraldi e Miranda Filho (1988). Por meio da análise dialélica, pode-se concluir que os genitores BRSGO Chapadões e UFUS 7910 foram considerados geneticamente superiores e indicados para participar de cruzamentos. O cruzamento BRSGO Chapadões x UFUS 7910 foi considerado a melhor combinação. O terceiro capítulo objetivou analisar a herança de caracteres agronômicos, em quatro populações segregantes de soja. As populações segregantes F_2 e os seus respectivos parentais foram analisados por meio das gerações em condições de campo. Os caracteres agronômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, número de nós totais na maturidade, número de nós produtivos, número de vagens totais e produção de grãos por planta. A estimativa da herdabilidade e do número mínimo de genes evidenciaram a natureza quantitativa dos caracteres agronômicos, principalmente para número de vagens totais e produção de grãos. Além disso, foi constatada a presença de indivíduos transgressivos para todos os caracteres avaliados, possibilitando a seleção em condições de semeadura fora da época convencional. O quarto capítulo teve como finalidade avaliar o desempenho agronômico de progênies de soja desenvolvidas por meio do método genealógico modificado. Neste estudo, foram avaliadas 19 progênies $F_{3;5}$, desenvolvidas pelo método genealógico modificado, e quatro testemunhas em um delineamento de blocos casualizados, com três repetições. De acordo com os resultados, o método genealógico modificado possibilitou o desenvolvimento de progênies com alto potencial produtivo, com produtividade de grãos acima de 4000 kg ha^{-1} . As progênies UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 e UFUSL19 foram consideradas superiores aos demais genótipos e indicadas para ensaios de desempenho produtivo. No quinto capítulo, objetivou-se comparar os métodos de condução modificados *bulk*, descendentes de uma única vagem e genealógico no desenvolvimento de progênies de soja para produtividade de grãos. Neste trabalho, foram avaliadas 45 progênies $F_{4;5}$ de soja em um delineamento hierárquico, com três repetições. O progresso genético foi calculado, almejando identificar o melhor método de condução de populações segregantes para o caráter produtividade de grãos. O desenvolvimento de progênies de soja para produtividade foi influenciado pelo método de condução adotado, apresentando capacidade de produzir genótipos com diferentes potenciais produtivos. O método *bulk* e o descendente de uma

única vagem apresentaram o mesmo potencial no desenvolvimento de linhagens de soja ao ser comparado com o genealógico, por apresentarem maior número de linhagens produtivas em relação aos parentais. O sexto capítulo foi feito a fim de identificar a melhor estratégia para seleção de genótipos de soja. Foram avaliadas 33 progênies F_{4:5} em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. A seleção e a predição de ganhos foram realizadas por meio da seleção direta e dos índices de seleção: soma de ranks, multiplicativo e distância do genótipo-ideótipo. Neste estudo, a seleção direta para produtividade e o índice de seleção da distância genótipo-ideótipo apresentaram os maiores ganhos de seleção para produtividade de grãos.

Palavras-chave: *Glycine max*; herança; produtividade de grãos; melhoramento genético.

¹ Comitê Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Orientador) e Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU.

ROCHA, MAKYSLANO REZENDE DA. Genetic parameters, methods of segregating population management and strategies for the selection of soybean genotypes. **2018.** Thesis (Ph.D. in Agronomy/ Fitotecnia) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia – MG¹

ABSTRACT

The study of inheritance for agronomic characters and the selection of more effective methods are fundamental in breeding programs for the development of soybean progenies. This thesis was subdivided into six chapters, the first of which brings the theoretical reference related to culture, economic importance and soybean breeding. The second chapter aimed to obtain estimates of the general and specific combining abilities of five soybean parents through the partial diallel, in order to identify the most promising genotypes for agronomic traits and the best combinations for the development of superior strains. Six hybrid, non-reciprocal and five parent combinations (BRSGO Chapadões, TMG 4185, TMG 4182, BR/MG 46 Conquista and UFUS 7910) were analyzed using the partial diallel proposed by Geraldi and Miranda Filho (1988). Through diallel analysis, it can be concluded that the BRSGO Chapadões and UFUS 7910 parents were considered genetically superior and indicated to participate in crosses. The BRSGO Chapadões x UFUS 7910 cross was considered the best combination. The third chapter aimed to analyze the inheritance of agronomic traits in four soybean segregating populations. F₂ segregating populations and their respective parents were analyzed from generations under field conditions. The evaluated agronomic characteristics were: number of days for flowering, height of the plant at flowering, number of nodes at flowering, number of days at maturity, plant height at maturity, number of total nodes at maturity, number of productive nodes, total pods and grain yield per plant. The estimated heritability and the minimum number of genes evidenced the quantitative nature of the agronomic traits, mainly for the number of total pods and for the production of grains. In addition, it was verified the presence of transgressive individuals for all characters evaluated, making possible the selection in sowing conditions outside the conventional period. The fourth chapter aimed to evaluate the agronomic performance of soybean progenies developed using the modified genealogical method. In this study, 19 F_{3:5} progenies, developed using the modified pedigree method, and four controls were evaluated in a randomized complete block design with three replicates. According to the results, the modified pedigree method allowed the development of progenies with high productive potential, with grain productivity above 4000 kg ha⁻¹. The progenies UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 and UFUSL19 were considered superior to the other genotypes and indicated for productive performance assays. In the fifth chapter, the objective was to compare the modified *bulk* conduction methods, descendants of a single pod and pedigree in the development of soybean progenies for grain yield. In this work, 45 soybeanF_{4:5} progenies were evaluated in a hierarchical design, with three replicates. Genetic progress was calculated aiming to identify the best method of conducting segregant populations for the grain yield character. The development of soybean progenies for productivity was influenced by the adopted method of conduction, presenting the capacity to produce genotypes with different productive potentials. The bulk and descendant methods of a single pod presented the same potential in the development of soybean strains compared to the pedigree, because they present a greater number of productive lines in relation to the parental ones. The sixth chapter was made in order to identify the best strategy for the

selection of soybean genotypes. A total of 33 F_{4:5} progenies were evaluated in a randomized complete block design with three replicates. The selection and prediction of gains were made through direct selection and through the following selection indices: sum of ranks, multiplicative and distance of the genotype-ideotype. In this study, direct selection for productivity and genotype-ideotype distance selection index presented the highest selection gains for grain productivity.

Keywords: *Glycine max*; inheritance; grain productivity; breeding.

¹Supervising Committee: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Advisor) and Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU.

CAPÍTULO I

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* [L] (Merrill)) é uma das culturas mais importantes para o Brasil e possui enorme potencial de crescimento da produção devido à disponibilidade de áreas para cultivo, ao aumento da demanda por proteína e às cultivares adaptadas às diferentes condições brasileiras. Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento do Brasil – CONAB (2018), na safra de 2017/2018, a área cultivada foi de 35,2 milhões de hectares, resultando na produção total de 119,3 milhões de hectares.

Dada à importância econômica da soja, os programas de melhoramento têm voltado seus esforços para superar o potencial produtivo das cultivares existentes e para melhorar outros caracteres de interesse agrônômico, como a resistência às pragas, às doenças e aos estresses abióticos. Outros caracteres, como altura de planta, número de nós, número de vagens e produção de grãos por planta, são alvos importantes no melhoramento da soja, pois contribuem para obtenção de genótipos mais produtivos.

A maioria destes caracteres agrônômicos da soja é de natureza quantitativa, ou seja, controlados por vários genes e são bastante influenciados pelo ambiente. Dessa forma, os estudos sobre a herança genética e a estimativa de parâmetros genéticos são necessários para compreensão do potencial genético das populações e para direcionar a seleção de genótipos superiores. Entre as metodologias existentes, destacam-se os dialelos, a análise de gerações segregantes e o teste de progênies, usados para obtenção de estimativas, como variâncias genéticas, ganhos de seleção e herdabilidade dos caracteres. No entanto, existem poucos estudos a respeito destas metodologias em soja, principalmente para caracteres agrônômicos e componentes de produção, por exemplo.

O desenvolvimento de uma nova cultivar de soja demanda investimentos e tempo para que seja lançada no mercado. Desse modo, é importante que haja estudos que indiquem a eficiência dos métodos de melhoramento para permitir ao melhorista definir qual é a melhor estratégia a ser adotada e para indicar possíveis modificações a fim de reduzir o tempo necessário para seleção de genótipos promissores e, assim, recuperar os recursos investidos ao longo do processo de melhoramento da espécie. Além disso, a escolha do método deve ser baseada não somente na facilidade de execução, mas no potencial de seleção de genótipos superiores, uma vez que a forma de condução das

populações segregantes pode causar o descarte precoce de indivíduos com caracteres desejáveis.

É importante ressaltar que a seleção é uma etapa fundamental para o desenvolvimento de cultivares, visando à obtenção de indivíduos promissores, com uma combinação desejável de caracteres. Dessa maneira, na seleção de genótipos superiores podem-se empregar diferentes estratégias, como a seleção direta e os índices de seleção.

Portanto, o presente trabalho almejou o estudo de herança dos caracteres agronômicos por meio das análises dialélica e de gerações segregantes. Além disso, visou-se avaliar o desempenho genético de genótipos de soja desenvolvidos por diferentes métodos de condução de populações segregantes e a seleção de progênies por meio de diferentes estratégias.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Origem e introdução da soja no Brasil

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é uma espécie originária do leste da Ásia, mais precisamente no nordeste da China, conhecida como região da Manchúria (HYMOWITZ, 1970). O primeiro relato da soja no Brasil, na época cultivada no estado da Bahia, foi feito por Gustavo D' Utra, em 1882. No entanto, as cultivares introduzidas dos Estados Unidos não tiveram uma boa adaptação em uma latitude em torno de 12° Sul (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Em 1908, a cultura começou a ser cultivada no estado de São Paulo por colonos japoneses, cujas primeiras observações foram feitas no Instituto Agrônômico de Campinas, o qual apresentou melhor desenvolvimento do que na Bahia, devido à latitude de 22° Sul (SEDIYAMA et al., 1985; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

No Rio Grande do Sul, a soja encontrou condições climáticas favoráveis ao seu desenvolvimento, uma vez que era semelhante à da região de origem, de onde estas cultivares foram trazidas. Sua introdução na região Sul do país, localizada entre as latitudes 27° Sul e 34° Sul, é atribuída ao E. C. Craig, então professor da Universidade Federal de Rio Grande do Sul (SANTOS, 1988).

Apesar da cultura ser promissora no Sul do Brasil, não havia pesquisa estruturada com soja nos anos 50, o que motivou a agroindústria gaúcha a unir esforços com o governo do Estado, criando o Instituto Privado de Fomento à Soja (INSTISOJA), o qual se juntou, posteriormente (1960), à Companhia Estadual de Silos e Armazéns (CESA), à Federação das Cooperativas de Trigo (FECOTRIGO), à Ação Moageira, à Associação dos Produtores e Comerciantes de Sementes e Mudanças do Rio Grande do Sul (APASSUL) e ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), via Instituto de Pesquisas Agropecuárias do Sul (IPEAS) (DALL'AGNOL, 2016).

A partir da década de 50, iniciaram-se os programas de introdução e avaliação de cultivares comerciais americanas, os quais resultaram na recomendação para cultivo, no Brasil, das seguintes cultivares: Bragg, Davis, Hill, Hood, Hardee, Bienville, Bossier, entre outras. Além disso, a partir de progênies de soja introduzidas dos Estados Unidos, a pesquisa brasileira selecionou e recomendou as primeiras cultivares adaptadas IAS 1, IAS 4, IAS 5 e Paraná (DALL'AGNOL, 2016). Com o sucesso obtido na região Sul, graças aos

investimentos feitos em pesquisas de fertilidades e à implantação de programas de melhoramento genético, a soja pôde avançar rumo ao Norte do país (BEZERRA et al., 2015).

2.2. A expansão da cultura da soja no Brasil

No Brasil, a produção em escala comercial teve início no Rio Grande do Sul, por volta de 1935 (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Na data de 1941, consta o primeiro registro estatístico nacional de produção de soja: produção de 457 toneladas (Anuário Agrícola do Rio Grande do Sul). Nessa época, ela era cultivada prioritariamente para produzir feno para bovinos de leite. Os poucos grãos produzidos eram usados internamente nas propriedades para engorda de suínos, visto que o comércio dos grãos era precário. Em 1949, com a produção de 25.881 toneladas, o Brasil figurou, pela primeira vez, como produtor de soja nas estatísticas internacionais (DALL'AGNOL, 2016).

É importante salientar que em 1975, ano do estabelecimento da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), a área, a produção e a produtividade da soja no Brasil eram de 5,82 milhões hectares, 9,89 milhões de toneladas e 1.699,0 kg ha⁻¹. Desde então, seu crescimento nas três frentes indicadas foi de 439%, 866% e 79%, respectivamente (DALL'AGNOL, 2016). Na safra de 2016/2017, a produtividade alcançada foi de 3.333,0 kg ha⁻¹ de acordo com a CONAB (2018), um aumento de 151% em relação à produtividade de 1975.

O progresso da sojicultura brasileira se deve aos fatores que contribuíram para a sua expansão no país por meio da demanda dos mercados internacional e interno pelo grão, estabelecimento de parques industriais de processamento de soja, máquinas agrícolas, insumos, desenvolvimento de tecnologias para produção em baixas latitudes nos aspectos genéticos e de fertilidade do solo (BEZERRA et al., 2015). Pelos expressivos aumentos da área e da produção da soja nos anos 70, essa década pode ser definida como a da consolidação da oleaginosa como a principal lavoura do Brasil (DALL'AGNOL, 2016).

O melhoramento genético da soja desempenhou importante papel para a expansão da soja para regiões de baixa latitude, consolidando a cultura no Cerrado e nos estados do Tocantins, Piauí, Pará, Maranhão, Roraima e Rondônia (BEZERRA et al., 2015). Além disso, o pacote tecnológico adotado pelos produtores para a implantação da soja, como a correção do pH do solo por meio da calagem, a adubação com macro e micronutrientes

com base em análise de solos, o emprego de cultivares adaptadas, o controle de plantas infestantes, o tratamento e a inoculação de sementes, o uso de inseticidas, fungicidas, o manejo integrado de pragas e doenças, têm possibilitado o cultivo nestas regiões (BEZERRA et al., 2015; CONAB, 2018).

2.3. Melhoramento genético da soja

A adaptação da soja às condições de latitudes das regiões Centro Oeste, Norte e Nordeste foi um dos grandes desafios enfrentados pelos programas de melhoramento genético no Brasil. Essa expansão só foi possível por meio do desenvolvimento de cultivares com período juvenil longo, possibilitando sua utilização em faixas mais abrangentes de latitudes e de época de semeadura (FARIAS et al., 2007).

As cultivares de soja são altamente sensíveis às mudanças de latitudes ou datas de semeadura devido as suas respostas às variações no fotoperíodo (HARTWIG; KIIHL, 1979). Nas regiões tropicais, fotoperíodos mais curtos durante a estação de crescimento da soja reduzem o período vegetativo (florescimento precoce) e causam diminuições na produtividade e no porte das plantas. O uso da característica do período juvenil longo foi a solução encontrada por alguns melhoristas para retardar o florescimento da soja em condições de dias curtos, observados em regiões de baixas latitudes (HARTWIG; KIIHL, 1979; KIIHL; ALMEIDA; DALL'AGNOL, 1985; HINSON, 1989; KIIHL; GARCIA, 1989). No período juvenil, a planta não é induzida ao florescimento, mesmo se submetida a um fotoperíodo bem curto, permitindo maior crescimento no estágio vegetativo (ALMEIDA et al., 1999).

Os trabalhos de adaptação da soja para os trópicos tiveram início no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e no Centro Nacional de Pesquisa de Soja, na década de 70, com o desenvolvimento de populações entre cruzamentos de cultivares americanas com genótipos, possuindo característica de período juvenil longo, como a PI 159925, a PI 240664 e a seleção de genótipos mutantes em IAC73-2736, OCEPAR 9, Paranagoiana, Doko-pjl, Savanão e BR-1-pjl (MIYASAKA et al., 1970, ALMEIDA ; KIIHL, 1998, ALMEIDA et al., 1999), usadas como genitores nos cruzamentos para geração de populações segregantes com diferentes grupos de maturidade, a partir disso, houve a possibilidade do cultivo da soja nas diferentes regiões brasileiras.

Para que os programas de melhoramento possam disponibilizar uma cultivar no mercado, essa deve ter alta produtividade de grãos, estabilidade de produção e adaptabilidade ampla aos diferentes ambientes. Atualmente, o mercado brasileiro tem demandado cultivares precoces (ciclo inferior a 120 dias) para atender às exigências dos produtores, como minimizar as perdas devidas à ferrugem asiática, permitir o cultivo de segunda safra e realizar a rotação de culturas (SEDIYAMA et al., 2015).

A cultura da soja pode ser infectada por, aproximadamente, 40 patógenos (fungos, bactérias, nematoides e vírus) e as perdas são estimadas em cerca de 14% a 20%. Entretanto, algumas doenças podem ocasionar perdas de quase 100%, dentre as quais destacam-se a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*), a podridão branca da haste (*Sclerotinia sclerotiorum*), a mancha olho de rã (*Cercospora sojina* Hara), o nematoide de cisto (*Heterodera glycines*), o nematoide de galha (*Meloidogyne incognita* e *M. javanica*), o crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*), o fogo selvagem (*Pseudomonas syringae* pv. *Tabaci*), a pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycinea*), o mosaico cálico (*Alfalfa Mosaic Virus* – AMV), o mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* – SMV) e a necrose da haste (*Cowpea mild mild mottle vírus* – CPMMV) (ALMEIDA et al., 2005).

O principal método de controle das doenças é a resistência genética, sendo esta a forma mais eficaz e econômica. No entanto, muitos patógenos apresentam grande variabilidade genética e têm dificultado o desenvolvimento de cultivares com resistência ampla, como o nematoide de cisto que possui 11 raças (1, 2, 3, 4, 4⁺, 5, 6, 9, 10, 14 e 14⁺) (MATSUO et al., 2015b). Para ferrugem asiática, por exemplo, foram identificados cinco genes que conferem resistência ao patógeno (*Rpp1/rpp1*, *Rpp2/rpp2*, *Rpp3/rpp3*, *Rpp4/rpp4* e *Rpp5/rpp5*), no entanto, devido à variabilidade do patógeno, é recomendada a utilização de fungicidas para o controle do fungo (MATSUO et al., 2015a).

No controle de pragas, o desenvolvimento de cultivares resistentes tem sido uma das principais alternativas de manejo. Dentre as espécies que causam maiores prejuízos econômicos estão os percevejos (*Piezodorus guildinii*, *Nezara viridula* e *Euschistus heros*). Segundo Silva et al. (2013) foram identificados nos genótipos PI 229358, PI 274454, L1-1-01, “IAC 19”, PI 171451, PI 227687, “IAC 100,” IAC 78-2318, PI 274453 e IAC 74-2832 o mecanismo de resistência antibiose que causa alta mortalidade ninfal de *Piezodorus guildinii* (90% de mortalidade), o que demonstra a existência de resistência a este percevejo.

Para o complexo de lagartas (*Anticarsia gemmatalis*, *Chrysodeixis includens*, *Crociosema aporema*, *Heliothis virescens*, *Elasmopalpus lignosell* e *Helicoverpa* spp.), a transgenia por meio da introdução do gene *Bt* tem sido utilizada como uma das principais ferramentas para a obtenção de genótipos com resistência para o controle destas pragas (COMISSÃO TÉCNICA NACIONAL DE BIOSSEGURANÇA – CTNBIO, 2018).

Atualmente, a maioria das cultivares possuem algum tipo de resistência a herbicidas, como o glifosato, o grupo químico das imidazolinonas, o glufosinato de amônia e o 2,4 diclorofenoxy-acético (2,4-D). O desenvolvimento de cultivares com resistência a estes herbicidas só foi possível por meio de transgenia com a introdução de genes de outros organismos doadores, principalmente de bactérias de solo, por exemplo, a *Agrobacterium tumefaciens*, *Streptomyces viridochromogenes* e a *Delftia acidovorans* (CTNBIO, 2018).

Observa-se que os programas de melhoramento de soja têm procurado desenvolver cultivares altamente produtivas e com altos teores de proteína e óleo que variam entre 30% a 53% e de 13% a 28%, respectivamente (BEZERRA et al., 2015). No entanto, tem-se verificado que os teores de proteína e de óleo apresentam correlação negativa, ou seja, a seleção para um determinado fator provoca a redução do outro, dificultando a obtenção de genótipos com altos teores para ambos os caracteres. Enquanto isso, a produtividade de grãos, em geral é inversamente correlacionada ao teor de proteína (HYMOWITZ et al., 1972; VOLDENG et al., 1997; WILCOX; GUODONG, 1997). Estudos têm demonstrado que a correlação produtividade de grãos e teor de óleo, dependendo dos genótipos avaliados, pode ser elevada, positiva (JOHNSON; ROBSON; COMSTOCK, 1955), pequena, com variação positiva a negativa (SIMPSON JUNIOR; WILCOX, 1983) ou ser ausente (KWON; TORRIE, 1964)

Os programas de melhoramento genético de soja tem se preocupado com a qualidade do grão, referente à composição nutricional (perfil aminoacídico da proteína), aos fatores antinutricionais (inibidores de proteases, lectinas e carboidratos não amiláceos), aos fatores alergênicos (glicinina e β -conglucina – proteínas alergênicas), à soja para alimentação humana (ausência de lipoxigenases) e à produção de forragem (cultivares com resistência ao acamamento, às doenças e à altura de plantas) (EVANGELISTA et al., 2015; KIEFER; MIRANDA; DONZELE, 2015; OLIVEIRA; SEDIYAMA; SEDIYAMA; 2015).

Um dos principais problemas para a cultura da soja é a ocorrência de condições ambientais desfavoráveis, como a disponibilidade inadequada de nutrientes, a deficiência hídrica, as temperaturas inapropriadas e a salinidade (GLASENAPP; SEDIYAMA; MATSUO, 2015). As mudanças nas condições climáticas aumentam a frequência de

extremos do tempo, por exemplo, altas temperaturas e chuvas irregulares. A ocorrência de secas durante o período de cultivo da soja tem sido um dos principais fatores de redução da produtividade se tornou um dos principais objetivos dos programas de melhoramento, visando o desenvolvimento de cultivares resistentes à seca. Alguns estudos procuram identificar regiões no genoma da soja responsáveis pela resistência à seca (CHAI et al., 2015; HUSSAIN et al., 2017). A Embrapa Soja e o Instituto de Pesquisa do Governo Japonês – JIRCAS anunciaram, em 2006, a obtenção de uma soja geneticamente modificada para maior tolerância à seca, a qual recebeu o gene DREB (Dehydration Responsive Element Binding Protein), extraído da planta *Arabidopsis thaliana*. Esse codifica uma proteína que aciona os genes de defesa das estruturas celulares da planta (FARIAS et al., 2006).

Outros estudos têm visam identificar cultivares de soja que apresentem melhor eficiência no uso de nutrientes, principalmente para fósforo, como o realizado por Paula (2016). Neste estudo, foram identificadas as cultivares Monarca, UFVS 2002, UFVS Berilo RR e UFVS Turquesa RR, classificadas como eficientes e responsivas, quando cultivadas em ambiente com baixa disponibilidade de fósforo.

Existem outros estudos relacionados ao melhoramento genético da soja, visando a capacidade de nodulação (SANTOS et al., 2006) e a qualidade fisiológica de sementes (HENNING et al., 2009; MARTINS et al., 2016).

2.4. Estudo de herança

O conhecimento da natureza da variabilidade genética disponível e do potencial agrônomico dos genótipos é fundamental para impor um processo de seleção que venha resultar em ganhos genéticos para tornar viável o programa de melhoramento de plantas (ALLARD, 1999; MUNIZ et al., 2002).

No estudo de herança de caracteres quantitativos adota-se o modelo básico: $F = G + A + GA$, que define o valor fenotípico (F), estimado a partir dos dados diretamente mensurados nos indivíduos, como o resultado da ação do genótipo (G) sob a influência do ambiente (A) e a interação genótipo-ambiente (GA). Nesse sentido, procura-se quantificar a magnitude da fração herdável da variância genotípica, a qual é denominada variância aditiva, bem como a fração da variância genotípica devida aos desvios de dominância (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Os delineamentos genéticos são de grande importância, por proverem estimativas dos componentes de variância genotípica, as quais são utilizadas na avaliação da potencialidade genética das populações segregantes, na orientação de esquemas de seleção e na predição de ganhos a serem obtidos com a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Existem diversos delineamentos genéticos que podem ser usados em um programa de melhoramento, como teste de progênies, delineamento I, II, III de Comstock e Robinson (1948; 1952), dialelos e análise de gerações.

Uma das estimativas mais importantes obtidas a partir das variâncias dos delineamentos genético-estatísticos é a herdabilidade. Isso porque ela permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que expressa a variância total a qual é atribuível aos fatores genéticos e determina o grau de confiabilidade do valor fenotípico ((CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Para caracteres agronômicos, são poucos os trabalhos voltados para o estudo de herança em soja. A estimativa de parâmetros genéticos permite ao melhorista analisar melhor a população e obter ganhos maiores com a seleção, principalmente para caracteres que contribuem para o aumento da produtividade, aos números de vagens e de nós, entre outros.

2.4.1. Análise de gerações

A análise de gerações refere-se ao delineamento em que são avaliadas simultaneamente as várias gerações ou populações, incluindo os genitores, híbridos (F_1), e as gerações segregantes, tais como as populações F_2 e as derivadas de retrocruzamentos 1 ($P_1 \times F_1$) e 2 ($P_2 \times F_1$) (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

No modelo aditivo-dominante é possível estimar os efeitos aditivos e os desvios de dominância. Nele, a variância aditiva corresponde aos valores genotípicos, os quais são expressos em função dos efeitos individuais dos alelos e do efeito resultante de suas interações. Ademais, a variância atribuída aos desvios de dominância deve estar relacionada à predição do êxito na geração de híbridos heteróticos e, por ser um efeito perturbador na identificação de genótipos superiores nas populações segregantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Teixeira et al. (2017) realizaram um estudo de herança em soja para precocidade e para caracteres agronômicos, assim verificaram que o número de vagens por planta e a

produtividade de grãos apresentaram alta herdabilidade, herança poligênica com cerca de sete genes envolvidos no caráter, ausência de dominância e presença de segregantes transgressivos envolvidos na precocidade, componentes de produtividade e produção de grãos. A presença desses transgressivos indica a possibilidade de realizar a seleção e a obtenção de genótipos superiores aos parentais para determinado caráter.

Outros estudos têm sido realizados para determinar a herança da resistência da soja a determinadas doenças. Teixeira (2016) verificou que a resistência moderada ao *Heterodera glycines* raça 3 é condicionada por dois genes epistáticos (um dominante e um recessivo) e o acúmulo de um terceiro gene recessivo confere resistência completa ao fitonematoide em estudo. Os resultados evidenciaram que ambos os cruzamentos apresentam acentuada variabilidade genética em F₂ e o modelo aditivo-dominante foi suficiente para explicar o caráter, sendo o efeito genético aditivo o mais importante.

Bizari (2018) confirmou o caráter quantitativo da herança da resistência à *Macrophomina phaseolina*, com estimativa de 5,62 genes envolvidos na resistência e verificou-se que modelo aditivo-dominante foi adequado, assim como a estimativa de parâmetros genéticos, havendo predominância de efeitos gênicos aditivos, tanto nos modelos de médias como nos de variância.

Estudos de herança para avaliar a natureza genética da resistência da soja à *Cercospora sojina* Hara foram realizados por Gravina et al. (2004). Os autores observaram que o efeito genético aditivo foi o mais importante na determinação dos caracteres relacionados à resistência da soja e constataram pelo menos um tipo de epistasia significativo (aa, ad e dd).

A cor do hilo é uma importante característica na classificação e na identificação de cultivares de soja. Carpentieri-Pípolo et al. (2007) verificaram que a expressão do caráter hilo esparramado é dependente do locus T₋, que controla cor de pubescência, pois somente ocorreu em genótipos com pubescência marrom (T₋), caracterizando efeito pleiotrópico deste locus sobre a característica hilo esparramado.

2.4.2. Análise dialélica

No melhoramento genético de plantas é fundamental obter informações sobre o potencial genético das cultivares, bem como sobre sua capacidade de combinação para a geração de populações segregantes promissoras (KUREK et al., 2001).

Os cruzamentos dialélicos são um dos métodos genético-estatísticos mais importantes na estimativa de parâmetros úteis para seleção de genitores, para hibridação e para compreensão dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (KUREK et al., 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Vários métodos de análise e a interpretação de cruzamentos dialélicos foram descritos por Haymann (1954), Griffing (1956) e Gardner e Eberhart (1966).

A metodologia proposta por Griffing (1956) permite a análise das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação, tornando-se mais informativa para o melhorista. As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação proporcionam informações sobre a concentração de genes predominantemente aditivos em seus efeitos e têm sido de grande utilidade na indicação de genitores a serem utilizados em programas de melhoramento intrapopulacional. O efeito da capacidade específica de combinação é atribuído aos efeitos gênicos não aditivos, ou seja, devido aos desvios de dominância (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A análise dialélica descrita por Gardner e Eberhart (1966) se aplica aos dialelos de genitores em equilíbrio de Hardy-Weinberg e se caracteriza por prover informações detalhadas a respeito do potencial *per se* desses genitores e da heterose manifestada em seus híbridos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A metodologia proposta por Hayman (1954) não se baseia em modelos estatísticos previamente estabelecidos, mas no conhecimento de parâmetros de natureza ambiental e genética, como médias, variâncias e covariâncias, obtidas a partir de uma tabela dialélica.

Análises dialélicas têm sido realizadas em soja para avaliar o potencial genético dos cruzamentos para produtividade, para precocidade, para componentes de produção e reação às principais doenças na cultura, como a ferrugem e o mofo branco. Vieira (2009) analisou um dialelo parcial entre genitores de soja resistentes à ferrugem e verificou a existência de genes de resistência que podem garantir o sucesso da seleção. Rocha (2016) também constatou a presença de alelos favoráveis em cruzamentos dialélicos para produtividade de grãos e resistência à ferrugem.

Outras análises dialélicas em soja foram realizadas para a qualidade fisiológica (MENEZES et al., 2009), para a precocidade e a resistência a ferrugem asiática (ASSUNÇÃO FILHO, 2016), para o ciclo e os componentes de produção (COLOMBO, 2016), para a resistência ao mofo branco (PEREIRA, 2016) e para o teor de óleo e de proteína (DEL CONTE, 2017).

2.5. Métodos de condução de populações segregantes

O progresso genético de uma espécie está relacionado à existência de variabilidade genética da população segregante, à seleção natural ou artificial e ao ajustamento dos genótipos aos ambientes existentes para maior adaptabilidade as condições de cultivo. As gerações segregantes de soja podem ser conduzidas por vários métodos: genealógico, *bulk*, descendente de uma única semente (*single seed descendent* – SSD), descendente de uma única vagem (*single pod descendent* – SPD), entre outros métodos (SEDIYAMA et al., 2015).

No método da população, a capacidade de sobrevivência em competição deve estar correlacionada positivamente à adaptabilidade e à produtividade de grãos. Assim, o ambiente deve maximizar essa correlação, de forma que a seleção natural favoreça os indivíduos desejáveis (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). É um procedimento fácil e econômico que pode ser utilizado para obtenção de linhagens homocigóticas a partir das populações F₂. Neste método, as plantas F₂ são debulhadas em conjunto, retirando uma amostra para constituir a população F₃. Nesta geração, as plantas são novamente debulhadas em conjunto e nova amostra é retirada para compor a geração F₄. O procedimento é repetido até F₆, quando se obtém alto nível de homocigose, podendo ou não realizar a seleção de plantas superiores. Nesta geração, cada planta é debulhada separadamente e semeada em linhas individuais. As progênies superiores são selecionadas e avaliadas em testes extensivos de campo, em relação aos caracteres de interesse agrônomico (SEDIYAMA et al., 2015).

O método genealógico foi inicialmente proposto por Hjalman Nilsson. Esse método foi o mais popular para o desenvolvimento de linhagens em espécies autógamas até meados da década de 1970. Em 1985, 18% das linhagens americanas de soja foram desenvolvidas pelo método genealógico, sendo posteriormente superado pelo método SSD (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017).

O método genealógico baseia-se na seleção individual de plantas na população segregante F₂, com a avaliação de cada progênie separadamente. O potencial dos indivíduos selecionados é testado no teste de progênie. O princípio deste método é que a seleção com teste de progênie e o conhecimento da genealogia dos tipos selecionados permitem a maximização da eficiência da seleção (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). A seleção baseada no fenótipo inicia-se na geração F₂ e continua até que

sejam obtidas as linhagens puras. Após a seleção, as plantas F₂ são debulhadas e semeadas em linhas individuais, as quais serão realizadas seleções entre e dentro de progênes. O procedimento continua até a obtenção de linhagens puras e superiores para os caracteres agronômicos desejáveis (SEDIYAMA et al., 2015).

O método SPD é uma variação no SSD, o qual foi implementado por melhoristas ao perceber o dispêndio de mão de obra e de tempo necessário que o SSD exigia para separar apenas uma semente por vagem de cada planta em uma população segregante. No caso da soja, em que a maioria possui três sementes por vagem, a utilização destas vagens acarretaria em economia de tempo e poderia assegurar a manutenção do tamanho da população (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Portanto, este método é mais fácil e menos trabalhoso para o avanço de populações segregantes, objetivando uma rápida homozigose em espécies autógamas. Neste método, uma vagem de cada planta da população F₂ é colhida e trilhada em conjunto para compor a próxima geração. O procedimento é realizado até a geração F₆, em seguida, é realizada a seleção de plantas superiores, as quais são avaliadas extensivamente em ensaios e demais testes comparativos de desempenho agronômico, visando o lançamento de novas cultivares (SEDIYAMA, et al., 2015).

Boerma e Cooper (1975) destacaram que o método SSD demonstrou ser mais eficiente, pois requer menos esforços na seleção comparados aos métodos de genealógico e seleção precoce para produtividade de grãos. Além disso, permitiu um rápido avanço das gerações de populações segregantes, com a realização do teste de produtividade apenas na população final, quando é mais eficiente o processo de seleção.

Destro et al. (2003) compararam os métodos SPD (descendente de uma única vagem) e SPDS (descendente de uma única vagem por planta selecionada) no melhoramento da soja. Os autores concluíram o método SPDS proporcionou as maiores médias para os caracteres agronômicos avaliados e o avanço de gerações com populações de menor tamanho ao ser comparado ao SPD, além de proporcionar maior ganho genético.

Miladinović et al. (2011) compararam três métodos de condução de populações segregantes (*bulk*, genealógico e SSD) em soja, usando o ganho genético como indicador da eficiência do melhoramento. Segundo os autores, o método SSD produziu os melhores resultados para produtividade de grãos comparado aos outros dois métodos.

Outros autores compararam a eficiência dos métodos de condução em outras culturas, como feijão comum (PONTES JUNIOR et al., 2016), feijão-caupi (MILLAWITHANACHCHI et al., 2016), arroz (VALES et al., 2009; KANBAR;

KATSUHIKO; SHASHIDHAR, 2011) e couve-flor (CHIGEZA; MASHINGAIDZE; SHANAHAN, 2013). Muitas destas pesquisas demonstraram a existência de diferenças significativas entre os métodos no desenvolvimento de linhagens superiores.

2.6. Panorama da soja convencional

Apesar do interesse mundial, poucos produtores brasileiros se dedicam a esse tipo de cultivo. Na safra 2016/2017, o país produziu cinco milhões de toneladas de soja convencional em 2,2 milhões de hectares, sendo que o estado de Mato Grosso foi o destaque com 1,2 milhão de toneladas, o equivalente a 13% do total, de acordo com o Instituto Mato-Grossense de Economia Agropecuária – IMEA (2017). Estimativas apontam que, na safra 2016/17, as cultivares convencionais representaram cerca de 13,6% da área cultivada com soja no estado, sendo esta produção destinada a atender a demanda dos mercados Europeu e Asiático (SILVA; BROGIN, 2017).

A soja convencional é considerada um nicho de mercado em expansão, quando se compara os custos de produção e a possibilidade de pagamento de bonificações, as quais variaram entre U\$2 a U\$8 por saca de 60 kg na safra 2016/17. Além disso, outros fatores como a ausência de cobrança de taxa tecnológica, a competitividade das cultivares convencionais disponíveis no mercado e a possibilidade de rotação de princípios ativos herbicidas no controle de plantas invasoras são considerados atrativos e vantajosos no momento da escolha do produtor (SILVA; BROGIN, 2017).

O produtor de grãos não deixará de semear a soja transgênica, enquanto não tiver uma compensação financeira satisfatória para o cultivo da soja convencional. Em estudo realizado nos Estados Unidos por Bonny (2007), verificou-se que a soja transgênica (RR) apresentava vantagens agroeconômicas em comparação com a soja convencional, tais como, fácil gestão e maior flexibilidade de aplicação. Em geral, os estudos realizados no Brasil com soja convencional e transgênica (RR) também apontam maiores benefícios econômicos na adoção da soja transgênica (RR), essa informação é confirmada quando se observa os dados de aumento de área com o cultivo de soja GM (CARVALHO, 2015). Na safra de 2016/2017, foram colhidas 109 milhões de toneladas de soja transgênica cultivadas em 32,4 milhões de hectares, isso evidencia a preferência dos produtores pela escolha de cultivares com algum evento biotecnológico (IMEA, 2017). No entanto, ressalta-se um dos principais problemas causados pelo uso de cultivares de soja com

resistência ao glifosato é o aparecimento de biótipos de plantas infestantes resistentes a este herbicida, em milhões de hectares cultivados no Brasil, nos Estados Unidos e na Argentina (BAIN et al., 2017; SILVA; BROGIN, 2017).

Atualmente, a maioria das cultivares convencionais lançadas no mercado são de origem de instituições públicas como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária e universidades públicas, como a Universidade Federal de Uberlândia e a Universidade Federal de Viçosa, as quais mantêm programas de melhoramento de soja. Das 526 cultivares inscritas no RNC em dezembro de 2012, 261 eram mantidas por empresas públicas, 152 por empresas privadas de capital nacional e 93 por empresas privadas de capital transnacional. Além disso, em junho de 2012, o número de empresas mantenedoras de cultivares de soja convencional eram 33, sendo sete públicas e 26 privadas (LIMA; SILVA FILHO; OLIVEIRA, 2013).

Como exemplo, o Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU (PMOSJA), no período de 20 anos, desenvolveu 12 novas cultivares de soja convencional registradas e protegidas junto ao Registro Nacional de Cultivares no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (RNC-MAPA). As cultivares, em ordem cronológica de registro, são: UFUS IMPACTA; UFUS MILIONÁRIA; UFUS RIQUEZA; UFUS GUARANI; UFUS 7910; UFUS 8710; UFUS XAVANTE; UFUS 7415; UFUS 7401; UFUS 6901; UFUS 8301 e UFUS 7801 (PMSOJA, 2017; FELICI, 2017).

A atuação de instituições públicas em pesquisa e desenvolvimento de cultivares de soja convencional é fundamental para preservar e manter a variabilidade genética da soja livre de eventos transgênicos. Com o aparecimento de plantas infestantes e de pragas aos principais eventos, a manutenção e a disponibilidade de cultivares convencionais constituem alternativas para o cultivo da cultura em áreas infestadas, por meio da rotação de princípios ativos e da redução da pressão de seleção pela presença de áreas de refúgio, evitando, assim, a continuidade da seleção de biótipos resistentes.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Principles of Plant Breeding**. 2nd ed. New York: John Wiley, 1999.
- ALMEIDA, A. M. R.; FERREIRA, L. P.; YORINORI, J. T.; SILVA, J. F. V.; HENNING, A. A.; GODOY, C. V.; COSTAMILAN, L. M.; MEYER, M. C. Doenças da Soja. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. (Ed). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v. 2, p. 569-588.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 1999. Disponível em: <<http://www.cpatsa.embrapa.br>>. Acesso em: jun. 2018.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil: desafios e perspectivas. In: GIL, M. S. C. (Ed.). **Soja: Tecnologia da Produção**. Piracicaba: USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.
- ASSUNÇÃO FILHO, J. R. **Potencial de cruzamentos dialélicos de soja para precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem**. 2016. 91 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.
- BEZERRA, A. R. C.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Importância econômica. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015. p. 9-26.
- BIZARI, E. H. **Estudo de herança genética da resistência à *Macrophominaphaseolina* na cultura da soja**. 2018. 49 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2018.
- BOERMA, H. R.; COOPER, R. L. Comparison of three selection procedures for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 5, p. 225-229, 1975. <https://doi.org/10.2135/cropsci1975.0011183X001500020025x>
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: UFV, 2017.
- CARVALHO, L. C. **Análise econômica da produção de soja RR2 pro e soja RR1: estudo de caso no Estado de Mato Grosso**. 2015. 55 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Unidade Estadual Paulista Júlio De Mesquita Filho” Faculdade de Ciências Agrônomicas, Campus de Botucatu, Botucatu, 2015.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SOUZA, A.; ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S.; PÍPOLO, A.E. Herança de hilo esparramado em sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 127-129, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000100017>

CHAI, C.; WANG, Y.; JOSHI, T.; VALLIYODAN, B.; PRINCE, S.; MICHEL, L.; XU, D.; NGUYEN, H. T. Soybean transcription factor ORFeome associated with drought resistance: a valuable resource to accelerate research on abiotic stress resistance. **BMC Genomics**, v. 16, p. 596-604, 2015. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1743-6>

CHIGEZA, G.; MASHINGAIDZE, K.; SHANAHAN, P. Advanced cycle pedigree breeding in sunflower. I: Genetic variability and testcross hybrid performance for seed yield and other agronomic traits. **Euphytica**, Wageningen, v. 190, p. 425-438, 2013. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0814-x>

COLOMBO, G. A. **Estratégias de seleção em populações segregantes de soja para baixas latitudes no cerrado**. 2016. 58 f. Tese (Doutorado em Produção Vegetal) – Universidade Federal do Tocantins, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, Gurupi, 2016.

COMSTOCK, R. E.; ROBINSON, H. F. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. **Biometrics**, Tucson, v. 4, p. 254-266, 1948. <https://doi.org/10.2307/3001412>

COMSTOCK, R.E.; ROBINSON, H.F. Estimation of average dominance of genes. In: GOWEN, J. W. (Ed). **Heterosis**. Ames: Iowa state college Press, 1952. p. 495-516.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 12 - Safra 2017/18, Décimo segundo levantamento. Brasília, 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/22227_378630c35e68682d6a984ecbd43bfe1d>. Acesso em: 26 out. 2018.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 1. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. Viçosa: UFV, 2014.

COMISSÃO TÉCNICA NACIONAL DE BIOSSEGURANÇA. In: **Tabela de Plantas Aprovadas para Comercialização** [2018]. Disponível em: http://ctnbio.mcti.gov.br/liberacao-comercial/-/document_library_display/SqhWdohU4BvU/view/1684467#/liberacao-comercial/consultar-processo. Acesso em: 28 agos. 2018.

DALL'AGNOL, A. **Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília: Embrapa, 2016.

DEL CONTE, M. V. **Uso de modelos mistos no melhoramento da soja para teores de óleo e proteína nos grãos**. 2017. 60 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 2017.

DESTRO, D.; BIZETI, H. S.; GARCIAL, L. A.; FONSECA, I. C. B.; MONTALVÁN, R.; MIGLIORANZA, É. Comparison between the SPD and the SPDS methods for segregating generation advancement in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 46, n. 4, p. 545-551, 2003. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132003000400008>

EVANGESLISTA, A. R.; RESENDE, P. M.; MACIEL, G. A. Qualidade da soja para forragem. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Editora Mecenas, 2015. p. 272-289.

FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N.; TOBITA, S.; ALMEIDA, I. R. Restrições de disponibilidade hídrica: obtenção de elevados rendimentos de grãos de soja. In: IV CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, Londrina, 2006. **Anais...**Londrina, Embrapa Soja, 2006. p. 32-33.

FELICI, P. H. N. **Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional**. 2017. 92 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2017.

FUNADA, M.; HELMS, T. C.; HAMMOND, J. J.; HOSSAIN, K.; DOETKOTT, C. Single-seed descent, single-pod, and bulk sampling methods for soybean. **Euphytica**, Wageningen, v.192, n. 2, p. 217-226, 2013. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0837-3>

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Tucson, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966. <https://doi.org/10.2307/2528181>

GLASENAPP, J. S.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, É. Estresse hídrico. In: SEDIYAMA, T.; (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Editora Mecenas, 2015. p. 103-126.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-30, 1988.

GRAVINA, G. A.; MARTINS FILHO, S.; SEDIYAMA, C. S.; CRUZ, C. D. Parâmetros genéticos da resistência da soja a *Cercospora sojina*. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 7, p. 653-659, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004000700006>

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

JOHNSON, H. W.; ROBINSON, H. F.; COMSTOCK, R. E. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and these implications in selection. **Agronomy Journal**, Madison, v. 47, p. 477-483, 1955. <https://doi.org/10.2134/agronj1955.00021962004700100008x>

HARTWIG, E. E.; KIIHL, R. A. S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crops Research**, [S.I.], v. 2, p. 145-151, 1979.

HAYMAN, B. I. The theory an analysis of diallel crosses. **Genetics**, Baltimore, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954.

HENNING, F. A.; MAIA, L. C.; MERTZ, L. M.; ZIMMER, P. D.; OLIVEIRA, A. C. Predição in silico de marcadores microssatélites relacionados ao tegumento de sementes de soja. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 31, n. 4, p. 49-56, 2009.
<https://doi.org/10.1590/S0101-31222009000400006>

HINSON, K. The use of long juvenile trait in cultivar development. In: Pascale, A. J. (Ed.). **Conferência Mundial de Investigación en Soja**. Buenos Aires, 1989. Actas. p.983-987.

HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Economic Botany**, v. 24, n. 4, p. 408-421, 1970. <https://doi.org/10.1007/BF02860745>

HYMOWITZ, T.; COLLINS, F. I.; PANCZNER, J.; WALKER, W. M. Relationship between the content of oil, protein, and sugar in soybean seed. **Agronomy Journal**, Madison, v. 64, n. 5, p. 613-616, 1972.
<https://doi.org/10.2134/agronj1972.00021962006400050019x>

HUSSAIN, R. M.; ALI, M.; FENG, X.; LI, X. The essence of NAC gene family to the cultivation of drought-resistant soybean (*Glycine max* L. Merr.) cultivars. **BMC Plant Biology** [S.I], v. 17, n. 55, p. 1-11, 2017.

INSTITUTO MATO-GROSSENSE DE ECONOMIA AGROPECUÁRIA. **Boletim semanal da soja**. [S.I.: s.n.], 2017. 12 p. (Boletim Informativo, n° 450)

KANBAR, A.; KATSUHIKO, K.; SHASHIDHAR, H. E. Comparative efficiency of pedigree, modified bulk and single seed descent breeding methods of selection for developing high yielding lines in rice (*Oryza sativa* L.) under aerobic condition. **Electronic Journal of Plant Breeding**, [S.I], v. 2, n. 2, p. 184-193, 2011.

KIIHL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A.; DALL'AGNOL, A. Strategies for cultivar development in the tropics. In: World Soybean Research Conference III., Ames: **Proceedings**. 1985. p. 301-304.

KIIHL, R. A. S.; GARCIA, A. The use of the long juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: Pascale, A. J. (Ed.). **Conferencia Mundial de Investigación en Soja IV**. Buenos Aires, 1989. Actas. p. 994-1000.

KIEFER, C.; MIRANDA, R. F.; DONZELE, J. L. Qualidade da soja para aves e suínos. In: SEDIYAMA, T.; (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Editora Mecnas, 2015. p. 250-271.

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645-651, 2001.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000400007>

KWON, S. H.; TORRIE, J. H. Heritability and interrelationship among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 4, p. 196- 198, 1964.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400020023x>

- LIMA, D.; SILVA FILHO, P. M.; OLIVEIRA, A. Histórico das Cultivares de Soja Convencional no Brasil. In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 2013, Londrina, 2013. **Anais...**Brasília, Embrapa, 2013. p. 17-18.
- MAREGA FILHO, M.; DESTRO, D.; MIRANDA, L. A.; SPINOSA, W. A.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; MONTALVÁN, R. Relationships among oil content, protein content and seed size in soybeans. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 44, n. 1, p. 23-32, 2001. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132001000100004>
- MARTINS, C. C.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MÔRO, G. V.; VIEIRA, R. D. Metodologia para seleção de linhagens de soja visando germinação, vigor e emergência em campo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 47, n. 3, p. 455-461, 2016. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20160055>
- MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; DIAS, W. P.; GLASENAPP, J. S. Resistência aos nematoides. In: SEDIYAMA, T.; (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015b. p. 211-237.
- MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; GLASENAPP, J. S. Resistência aos fungos. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015a. p. 149-180.
- MENEZES, M.; PINHO, E. V. R. von.; JOSÉ, S. C. B. R.; BALDONI, A.; MENDES, F. F. Aspectos químicos e estruturais da qualidade fisiológica de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1716-1723, 2009. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009001200022>
- MILADINOVÍČ, J.; BURTON, J. W.; BALESEVIC TUBIC, S.; MILADINOVIC, D.; DJORDJEVIC, V.; DJUKIC, V. Soybean breeding: comparison of the efficiency of different selection methods. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, Izmir, v. 35, p. 469-480, 2011.
- MILLAWITHANACHCHI, M. C.; SUMANASINGHE, V. A.; BENTOTA, A. P.; SAMARANAYAKE, B. N.; PRATHAPASINGHE, N. T. A comparison between farmers' and breeders' varietal selection for cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) improvement. **Tropical Agricultural Research** [S.l.], v. 27, n. 3, p. 229-240, 2016.
- MIYASAKA, S.; GUIMARAES, G.; KIIHL, R. A. S.; LOVADINE, L. A. C.; DEMATTE, J. D. Variedades de soja indiferentes ao fotoperiodismo e tolerantes a baixas temperaturas. **Bragantia**, Campinas, v. 29, n. 15, p. 169-174, 1970. <https://doi.org/10.1590/S0006-87051970000100015>
- MUNIZ, F. R. S.; 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 Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v. 6, n. 3, p. 615-622, 2002.

OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A.; SEDIYAMA, T. Alimentação humana. In: SEDIYAMA, T.; (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015. p. 239-249.

PAULA, G. S. **Responsividade e eficiência do uso do fósforo de cultivares de soja**. 2016. 33 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Campus Viçosa. Viçosa, 2016.

PEREIRA, F. A. C. **Potencial de cruzamentos de soja para resistência ao mofo branco, tolerância à ferrugem e produtividade de grãos**. 2016. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

PONTES JÚNIOR, V. A.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic potential of common bean progenies obtained by different breeding methods evaluated in various environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 3, p. 1-12, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038622>

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. Cultivares de soja. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782004000300006>

ROCHA, R. S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100019>

ROCHA, G. A. F. **Potencial de cruzamentos de soja em gerações iniciais de endogamia para produtividade de grãos e reação à ferrugem**. 2016. 145 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

SANTOS, M. A.; NICOLAS, M. F.; HUNGRIA, M. Identificação de QTL associados à simbiose entre *Bradyrhizobium japonicum*, *B. elkanii* e soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 67-75, 2006. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2006000100010>

SANTOS, O. S. **A cultura da soja: 1: Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná**. Rio de Janeiro: Globo, 1988.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Desenvolvimento de cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenias, 2015. p. 83-102.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da soja: Parte I**. Viçosa: UFV, 1985.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina, Mecenas. 2009. p. 1-5.

SILVA, J. P. G. F.; BALDIN, E. L. L.; SOUZA, E. S., CANASSA, V. F.; LOURENÇÃO, A. L. Characterization of antibiosis to the redbanded stink bug *Piezodorus guildinii* (Hemiptera: *Pentatomidae*) in soybean entries. **Journal of Pest Science** [S.I], v. 86, n. 4 p. 649–657, 2013.

SILVA, W. M.; BROGIN, R. L. Soja convencional versus transgênica: custo de produção e estimativas de receitas para o estado de Mato Grosso. In: XXXVI REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA, Londrina, 2017. **Anais...**Londrina: Embrapa, 2017. p. 286-289.

SIMPSON JUNIOR, A. M.; WILCOX, J. R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 23, p. 1077-1081, 1983.

<https://doi.org/10.2135/cropsci1983.0011183X002300060013x>

SINCLAIR, T. R.; NEUMAIER, N.; FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO; A. L. Comparison of vegetative development in soybean cultivars for low-latitude environments, **Field Crops Research** [S.I], v. 92, n. 1, p. 53-59, 2005.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, p. 01, 2017

TEIXEIRA, L. C. A. A. **Estudo genético de populações de soja com fonte de resistência à *Heterodera glycines* (raça 3) oriundas de topocruzamentos tipo alimento x tipo grão**. 2016. 120 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016.

TOLEDO, J. F. F.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; KASTER, M.; MIRANDA, L. C.; MENOSSO, O. G. Genetics and breeding. In: **Tropical Soybean: Improvement and Production**. Rome: Food Agriculture Organization of the United Nations, 1994. p. 19-36.

VALES, M.; SÉGUY, L.; BOUZINAC, S.; TAILLEBOIS, J. Improvement of cropping systems by integration of rice breeding a novel genetic improvement strategy. **Euphytica**, Wageningen, v. 167, n. 2, p. 161-164, 2009. <https://doi.org/10.1007/s10681-008-9819-x>

VIEIRA, P. F.M. J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. 2009. 85 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

VOLDENG, H. D.; COBER, E. R.; HUME, D. J.; GILLARD, C.; MORRISON, M. J. Fifty-eight years of genetic improvement of short-season soybean cultivars in Canada. **CropScience**, Madison, v. 37, p. 428-431, 1997.

<https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020020x>

WILCOX, J. R.; GUODONG, Z. Relationship between seed yield and seed protein in determinate and indeterminate soybean populations. **Crop Science**, Madison, v. 37, p. 361-364, 1997. <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700020009x>

CAPÍTULO II

ANÁLISE COMBINATÓRIA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM SOJA

RESUMO

O melhoramento genético de soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novos genótipos. Assim, o primeiro passo para sua realização é a seleção de parentais com características desejáveis para a realização de cruzamentos e geração de variabilidade genética. O objetivo desse trabalho foi obter estimativas das capacidades geral e específica de combinação de cinco genitores de soja, por meio do dialelo parcial, a fim de identificar os genótipos e as combinações mais promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores para caracteres agronômicos. O experimento foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliados cinco parentais (TMG 4182, TMG 4185, BRSGO Chapadões, UFUS 7910, BR/MG 46 Conquista) e seus seis híbridos F_1 em blocos casualizados, com quatro repetições e cada parcela consistiu de um vaso com três plantas. Foram avaliados os caracteres: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, número de nós totais na maturidade, número de vagens totais e produção de grãos por planta. Os dados foram analisados em um esquema de dialelo parcial baseado no modelo Pais e F_{1s} de Griffing (1956) e adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988). De acordo com os resultados, concluiu-se que os genitores BRSGO Chapadões e UFUS 7910 foram considerados geneticamente superiores e indicados para participar de cruzamentos, uma vez que as estimativas da capacidade geral de combinação foram positivas e de alta magnitude. A melhor combinação foi a BRSGO Chapadões x UFUS 7910, a qual apresentou o maior número de vagens totais e produção de grãos, indicando potencial para o desenvolvimento de uma população produtiva.

Palavras-chave: dialelo parcial; capacidade de combinação; variabilidade genética.

COMBINATORIAL ANALYSIS OF AGRONOMIC CHARACTERS IN SOYBEAN

ABSTRACT

Genetic improvement of soybean is a continuous process of development of new genotypes. Thus, the first step to its accomplishment is the selection of parental with characteristics desirable for the accomplishment of crosses and generation of genetic variability. The objective of this work was to obtain estimates of the general and specific combining capacity of five soybean parents through the partial diallel, in order to identify the most promising genotypes and combinations for the development of superior strains. The experiment was carried out in a greenhouse of the Soybean Breeding Program, at Fazenda Capim Branco of the Universidade Federal de Uberlândia. Five parental (TMG 4182, TMG 4185, BRSGO Chapadões, UFUS 7910, BR/MG 46 Conquista) and six F₁ hybrids were evaluated in randomized blocks, with four replicates and each plot consisted of one pot with three plants. The following characters were evaluated: number of days for flowering, height of the plant in flowering, number of nodes in flowering, number of days to maturity, height of the plant at maturity, number of total nodes at maturity, number of total pods and grain productivity per plant. The data were analyzed in a partial diallel scheme based on Griffing's (1956) Parents and F_{1s} model and adapted by Geraldi and Miranda Filho (1988). According to the results, BRSGO Chapadões and UFUS 7910 were found to be genetically superior and indicated to participate in crosses, since estimates of the overall combining ability were positive and of high magnitude. The best combination was BRSGO Chapadões x UFUS 7910, which presented the highest number of total pods and grain production, indicating potential for the development of a productive population.

Keywords: partial diallel; combining ability; genetic variability.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novos genótipos. De maneira geral, o primeiro passo para que ele ocorra é a seleção de parentais com características desejáveis para a realização de cruzamentos, visando à ampliação da variabilidade genética. Logo, a avaliação do potencial genético dos genitores é fundamental a fim de obter populações superiores para os principais caracteres agronômicos.

No início do melhoramento, a obtenção das melhores combinações híbridas pode determinar o grau de sucesso alcançado pelo programa, uma vez que a variabilidade genética existente na população segregante deve ser alta, principalmente para caracteres quantitativos, como a produtividade de grãos (AKRAM et al., 2016). Várias técnicas têm sido propostas com o intuito de aumentar a probabilidade de obtenção de populações segregantes superiores e, dentre essas, o cruzamento dialélico tem sido amplamente utilizado (DARONCH et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2014; BI et al., 2015).

A partir dos cruzamentos dialélicos, é possível estimar a capacidade geral (CGC) e a específica (CEC) de combinação. A estimativa destes parâmetros genéticos permite o entendimento da natureza e da magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres, além disso, contribui para o estabelecimento de estratégias de seleção de genitores, os quais resultarão em populações segregantes com melhor potencial genético (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Entre as análises dialélicas que podem ser utilizadas estão as metodologias propostas por Griffing (1956), Gardner e Eberhart (1966), Hayman (1954) e os dialelos parciais.

Os dialelos parciais têm sido utilizados devido à limitação proporcionada pelo estudo com grande número de genitores e suas combinações híbridas em relação aos dialelos completos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esse método envolve a avaliação de genitores dispostos em dois grupos, pertencentes ou não a um conjunto comum, e fornece informações sobre as capacidades geral e específica de combinação (GERALDI; MIRANDA FILHO, 1988). Em soja, a dificuldade para obtenção de um grande número de sementes F_1 torna esse método ainda mais vantajoso para a estimativa de parâmetros genéticos na avaliação de genitores cruzamentos.

Análises dialélicas têm sido realizadas em soja para o estudo do teor de óleo e de proteína (OLIVERIA et al., 2014; NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017; PAINKRA; NAG; KHUTE, 2017), dos caracteres agronômicos e da produtividade de

grãos (ROCHA, PEREIRA; VELLO, 2018). No entanto, ainda são escassas as informações sobre o comportamento da soja para caracteres agronômicos nas gerações iniciais, como altura de planta e componentes de produção que possuem efeitos sobre a produtividade de grãos. A estimativa de parâmetros genéticos para estes caracteres são importantes para direcionar os cruzamentos e para maximizar a variabilidade genética das populações segregantes nos programas de melhoramento.

Desta forma, este trabalho teve como objetivo obter as estimativas de CGC e CEC de cinco genitores de soja por meio do dialelo parcial, a fim de identificar os genótipos e as combinações consideradas promissoras para o desenvolvimento de linhagens superiores.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG.

2.2. Seleção dos parentais

Nesse estudo, foram selecionados dois grupos de cultivares de soja, um com resistência a diferentes raças do nematoide de cisto (*Heterodera glycines*) e outro ao nematoide das galhas (*Meloidogyne incognita* e *Meloidogyne javanica*), tendo em vista o desenvolvimento de populações segregantes para seleção de genótipos superiores (Tabela 1).

TABELA 1. Descrição dos genótipos de soja utilizados nos cruzamentos para obtenção de um dialelo parcial sem recíprocos.

Grupos	Genótipos	Resistência	GM	Cor de flor
Grupo I	UFUS 7910	R – <i>M.incognita</i> , <i>M.javanica</i>	8.4	Roxa
	BR/MG 46 Conquista	R – <i>M.incognita</i> , <i>M.javanica</i>	8.2	Roxa
Grupo II	TMG 4182	R – 1, 2, 3, 4, 5, 6, 9, 10 e 14	8.2	Branca
	TMG 4185	R – 1, 3, 4, 6, 9, 10 e 14; MR- 2 e 5	8.5	Branca
	BRSGO Chapadões	R – 1, 3, 4, 5 e 14	8.6	Branca

R: Resistente; MR: Moderadamente resistente; GM: Grupo de maturação.

Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; Tropical Melhoramento Genético – TMG.

2.3. Híbridação

Os blocos de cruzamentos foram semeados no período de dezembro de 2015 a março de 2016, de forma escalonada a cada quatro dias, com o objetivo de viabilizar a sincronia do florescimento entre os genitores. As sementes foram semeadas em vasos plásticos de 3,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica), e a adubação de semeadura foi realizada aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹

NPK da formulação 4-30-16. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes para cada cultivar e, de acordo com a escala de desenvolvimento proposto por Fehr e Caviness (1977), foi realizado o desbaste no estágio V1 (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas), mantendo-se duas plantas por vaso. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual e o controle de doenças e de pragas foi feito semanalmente com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

As combinações híbridas foram realizadas em um esquema de dialelo parcial, sem os recíprocos, usando os dois grupos de genitores, de acordo com a Tabela 2.

TABELA 2. Combinações híbridas do dialelo parcial, adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988).

Parental masculino (Grupo I)	Parental feminino (Grupo II)		
	TMG 4182	TMG 4185	BRSO Chapadões
UFUS 7910	C1	C2	C3
BR/MG 46 Conquista	C4	C5	C6

C1: TMG 4182 x BR/MG 46 Conquista; C2: TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista; C3: BRSO Chapadões x BR/MG 46 Conquista; C4: TMG 4182 x UFUS 7910; C5: TMG 4182 x UFUS 7910; C6: BRSO Chapadões x UFUS 7910.

As cultivares TMG 4182, TMG 4185 e BRSO Chapadões foram utilizadas como genitores femininos por possuírem cor de flor branca, enquanto a UFUS 7910 e a BR/MG 46 Conquista, com flor roxa, foram utilizadas como genitores masculinos. Para cada combinação, puderam ser obtidas 18 sementes F₁.

2.4. Avaliação do dialelo parcial com genitores e com F₁'s

O dialelo parcial foi semeado no dia 16 de agosto de 2016, em vasos com capacidade de 4,5 L, preenchidos com substrato composto pela mistura de solo, areia e esterco, na proporção 3:1:1. A adubação de semeadura foi realizada aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16. As sementes de soja foram inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080, em um copo descartável, aplicando-se 1,0 mL do inoculante. Em cada vaso, foram semeadas três sementes para cada combinação híbrida e parental. Após a emergência das sementes F₁, o sucesso da hibridação foi verificado por meio da presença de pigmentação

antociânica no hipocótilo das plântulas e aquelas resultantes de autofecundação (ausência de pigmentação) foram eliminadas, restando 12 plantas F₁ para cada cruzamento.

O delineamento adotado foi em blocos casualizados, com quatro repetições e 11 tratamentos (seis combinações híbridas e cinco parentais) e cada parcela foi constituída por um vaso com três plantas. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual e o controle de doenças e de pragas foi realizado semanalmente com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

Em cada planta, foram analisados os seguintes caracteres nos estádios vegetativos R1 e R8, de acordo com a escala de desenvolvimento proposta por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio R1);
- Altura da planta no florescimento (APF): altura mensurada no início do florescimento (estádio R1) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;
- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós na haste principal até o início do florescimento (estádio R1);
- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8;
- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a partir do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;
- Número de nós totais na maturidade (NNT): número de nós na haste principal até a data da maturidade no estágio R8;
- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;
- Produção de grãos por planta (PG): peso total de grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas.

2.5. Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância e, após a obtenção das médias dos cruzamentos para os caracteres avaliados, foi realizada uma análise dialélica parcial de

acordo com o método 2 (genitores e F_1 's, sem recíprocos) de Griffing (1956) e adaptado por Geraldi e Miranda Filho (1988). O efeito dos tratamentos (médias das seis populações F_1 e dos cinco genitores) foi estimado por meio do modelo matemático dado a seguir:

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2} (d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \bar{\varepsilon}_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : média do cruzamento envolvendo o i -ésimo genitor do grupo 1 e o j -ésimo genitor do grupo 2;

Y_{i0} : média do i -ésimo genitor do grupo 1 ($i = 0, 1, \dots, p$);

Y_{0j} : média do j -ésimo genitor do grupo 2 ($j = 0, 1, \dots, p$);

μ : média geral do dialelo;

d_1, d_2 : contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2, e a média geral;

g_i : efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo 1;

g'_j : da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo 2;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação;

$\bar{\varepsilon}_{ij}$: erro experimental médio.

As análises de variância e dialélica foram realizadas por meio do Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise dialélica, foi constatado que houve efeitos significativos para as capacidades geral e específica de combinação para os caracteres avaliados (Tabela 3). A significância desses parâmetros evidencia a existência de variabilidade dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos entre os genótipos. Ademais, a capacidade geral de combinação (CGC) ocorre principalmente devido à variância aditiva e à epistática (aditiva-aditiva), enquanto a capacidade específica de combinação (CEC) depende da presença de variância de dominância (OLIVEIRA et al., 2014).

TABELA 3. Resumo da análise de variância em esquema de dialelo parcial envolvendo dois grupos de genitores e suas respectivas combinações híbridas.

FV	GL	QM							
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNT	NVT	PG
Genótipo	10	84,87**	783,86**	7,86**	381,46**	952,65**	6,47**	513,46**	20,00 ^{ns}
G ₁ x G ₂	1	14,88*	49,81 ^{ns}	0,55 ^{ns}	3,88 ^{ns}	400,91 ^{ns}	0,43 ^{ns}	3,88 ^{ns}	203,70 ^{ns}
CGC I	1	82,57**	412,57 ^{ns}	7,14**	658,29**	257,14 ^{ns}	4,57*	658,29 ^{ns}	7,14 ^{ns}
CGC II	2	128,22**	1800,22**	14,00**	642,67**	2248,22**	8,22**	1820,67**	66,89**
CEC	6	82,47**	4,95**	7,14**	311,18**	728,27**	7,21**	138,51 ^{ns}	6,45 ^{ns}
Resíduo	30	3,14	129,03	0,89	26,20	162,54	1,00	162,53	18,29

** , * : significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}: não significativo pelo teste F; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNT: número de nós totais na maturidade; NVT: número de vagens totais; PG: produção de grãos por planta (g); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; G₁ x G₂: interação entre o grupo I e o grupo II; CGC I: capacidade geral de combinação do grupo I; CGC II: capacidade geral de combinação do grupo II; CEC: capacidade específica de combinação.

As CGC e CEC são fundamentais para identificação de genitores, uma vez que estas estimativas associam-se com média alta e variabilidade genética de magnitude expressiva, resultando em combinações ideais para formação de populações segregantes com alto potencial genético para extração de linhagens (PIMENTEL et al., 2013). Em todos os caracteres analisados, exceto para APM e NNT no grupo I, o quadrado médio da CGC foi maior que a CEC, indicando a predominância dos efeitos gênicos aditivos no controle da expressão dos caracteres (Tabela 3). Daronch et al. (2014) e Kurek et al. (2001) concluíram que os efeitos gênicos aditivos foram de maior importância na determinação dos caracteres em relação aos efeitos não-aditivos, principalmente para caracteres

quantitativos, o que possibilita também êxito na seleção em gerações iniciais. Para interação entre grupos de genitores, foi observada significância apenas para número de dias para florescimento.

Nesse estudo, o número de dias para florescimento apresentou efeitos significativos tanto para CGC quanto para CEC (Tabela 3). Bonato e Vello (1999) concluíram que o principal componente na determinação do tempo para florescimento é aditivo. Para número de dias para maturidade, os efeitos de CGC e CEC foram significativos e corroboram com os resultados obtidos por Oliveira et al. (2014).

Para altura de planta no florescimento e na maturidade, houve efeitos significativos para CGC apenas no grupo I (Tabela 3). A altura de planta é um caráter importante para o melhoramento genético da soja, uma vez que plantas muito baixas (inferiores a 60 cm) comprometem a produtividade e plantas muito altas (acima de 90 cm) são mais suscetíveis ao acamamento (SEDIYAMA et al., 2015). Para número de nós no florescimento e na maturidade, observou-se efeitos significativos para CGC e CEC (Tabela 3).

A existência dos efeitos aditivos para número total de vagens foi verificada apenas no grupo II (Tabela 3). Este caráter é considerado um dos componentes de produção mais importantes, porque apresenta efeito direto na produtividade de grãos (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012). Para a produção de grãos, efeitos aditivos foram significativos apenas no grupo II, indicando a existência de variabilidade aditiva para este caráter (Tabela 3). Em relação à CEC, não foi constatada significância, não concordando com os resultados obtidos por Daronch et al. (2014) e Oliveira et al. (2014), os quais relataram efeitos significativos para este caráter.

As estimativas dos efeitos das capacidades geral e específica de combinação dos caracteres avaliados neste trabalho estão apresentadas na Tabela 4. Em relação às estimativas da CGC, a cultivar UFUS 7910, do grupo I, apresentou valores entre 0,29 (NNT) a 3,43 (NDM) e a BRSGO Chapadões, do grupo II, com 0,61 (NNT) a 11,06 (APM), as quais foram positivas e de magnitude superior em relação aos outros genótipos para os caracteres analisados (Tabela 4).

TABELA 4. Estimativa dos efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) de combinação e médias dos caracteres agrônômicos avaliados em um dialelo parcial com genitores e com F₁'s.

Número de dias para florescimento				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-5,62 (34,3)	-5,96 (35,0)	0,88 (44,6)	1,21 (49,2)
BR/MG 46 Conquista	0,81 (38,0)	-1,50 (36,9)	-1,69 (39,9)	-1,21 (40,1)
CGC II	-1,94 (38,3)	-0,61 (41,8)	2,56 (45,3)	
Altura da planta no florescimento				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-16,86 (86,9)	-14,69 (90,5)	7,30 (126,8)	2,71 (122,7)
BR/MG 46 Conquista	0,57 (99,0)	-6,27 (93,7)	-2,27 (112,2)	-2,71 (104,0)
CGC II	-5,89 (104,8)	-4,06 (111,4)	9,94 (126,4)	
Número de nós no florescimento				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-1,86 (10,8)	-1,36 (10,5)	0,64 (14,4)	0,36 (14,2)
BR/MG 46 Conquista	-0,14 (11,5)	-0,64 (11,4)	-0,64 (12,3)	-0,36 (12,0)
CGC II	-0,67 (11,9)	-0,17 (13,0)	0,83 (14,3)	
Número de dias para maturidade				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-9,87 (83,6)	-12,54 (86,5)	2,79 (107,4)	3,43 (111,6)
BR/MG 46 Conquista	0,98 (88,0)	0,31 (93,3)	-6,35 (90,6)	-3,43 (91,1)
CGC II	-5,33 (90,2)	0,33 (103,3)	5,00 (108,3)	
Altura da planta na maturidade				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-19,61(104,6)	-16,44(110,6)	10,39 (153,2)	2,14 (141,5)
BR/MG 46 Conquista	3,68 (123,5)	1,85 (124,6)	-0,32 (137,8)	-2,14 (118,4)
CGC II	-6,94 (128,4)	-4,11 (132,7)	11,06 (150,7)	
Número de nós totais na maturidade				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-1,99 (11,8)	-1,49 (12,7)	0,84 (16,0)	0,29 (16,5)
BR/MG 46	0,58 (13,6)	0,08 (14,4)	0,42 (14,9)	-0,29 (13,3)
CGC II	-0,56 (14,0)	-0,06 (14,6)	0,61 (15,4)	
Número de vagens totais				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-10,48 (23,0)	-2,65 (37,5)	0,18 (51,0) ¹	3,43 (51,8)
BR/MG 46 Conquista	3,37 (30,2)	-3,79 (30,4)	0,40 (43,8)	-3,43 (32,0)
CGC II	-8,17 (25,2)	-1,00 (38,8)	9,17 (56,0)	
Produção de grãos por planta (g)				
GRUPO I e II	CEC			
	TMG 4182	TMG 4185	BRS GO Chapadões	CGC I
UFUS 7910	-1,94 (6,7)	1,56 (11,8)	0,72 (13,2)	-0,35 (9,03)
BR/MG 46 Conquista	1,35 (10,6)	-0,15 (11,0)	0,13 (13,5)	0,35 (9,77)
CGC II	-1,61 (8,8)	-0,11 (11,1)	1,72 (14,6)	

Estimativas de capacidade geral de combinação positiva e de magnitude superior foram observadas nos genitores com maiores médias para os caracteres avaliados. Dessa foram, no grupo I, observou-se que o genitor UFUS 7910 apresentou maiores médias em todos os caracteres, exceto para produção de grãos, no qual a cultivar BR/MG 46 Conquista resultou em 9,77 g e CGC de 0,35 g (Tabela 4). Enquanto no grupo II, verificou-se que a BRSGO Chapadões possui as maiores médias e, conseqüentemente, estimativas superiores de CGC (Tabela 4). Em todos os genitores, do grupo I e II, com médias inferiores em relação ao melhor genitor, as estimativas de CGC apresentadas foram negativas.

A escolha dos melhores genitores para a formação das populações segregantes é crucial para o sucesso do programa de melhoramento. Assim, altas estimativas de CGC, positivas ou negativas, demonstram que o genitor em questão é superior ou inferior aos demais genitores em relação ao comportamento médio dos cruzamentos do dialelo e indica a predominância de genes com efeitos aditivos e, desse modo, pode ser incluídos nos programas de melhoramento para a obtenção de genótipos superiores em gerações avançadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; DARONCH et al., 2014). Dessa forma, as cultivares BRSGO Chapadões e UFUS 7910 foram consideradas superiores geneticamente em relação às demais avaliadas neste trabalho, principalmente para os componentes de produção, para o número total de vagens e para a produção de grãos por planta, considerando as estimativas de CGC (Tabela 4).

A formação de populações-base, a partir dos destes genitores UFUS 7910 e BRSGO Chapadões, demonstra viabilidade para gerar populações segregantes superiores, principalmente para os caracteres número de vagens e produção de grãos por planta (Tabela 4). Portanto, a combinação de genótipos com estimativas de capacidade geral de combinação com magnitudes positivas e elevadas contribuem para a formação de populações geneticamente superiores, devido à maior presença de genes com efeitos aditivos, o que é fundamental para espécies autógamas como a soja, a qual se deseja obter linhagens com alto desempenho para caracteres quantitativos.

Quando se deseja reduzir a expressão de uma característica, pelo menos um dos genitores deve apresentar valores negativos na CGC (KRAUSE; RODRIGUES; LEAL, 2012). As cultivares TMG 4182 e BR/MG 46 Conquista apresentaram estimativas de CGC de -1,94 e -0,67 para NDF e de -5,33 e -3,43 para NDM, respectivamente (Tabela 4), indicando que estes genótipos contribuíram para redução do ciclo em relação à UFUS 7910 e à BRSGO Chapadões.

Em relação aos outros caracteres analisados, as cultivares BR/MG 46 Conquista, TMG 4182 e TMG 4185 apresentaram estimativas de CGC negativas, principalmente para altura de planta, número de nós, número de vagens e produção de grãos, indicando que o uso destes genótipos em cruzamentos leva ao desenvolvimento de populações pouco produtivas (Tabela 4).

As estimativas dos efeitos da CEC para determinação das melhores combinações híbridas demonstraram valores negativos e de alta magnitude, principalmente, entre os cruzamentos TMG 4182 x UFUS 7910 e TMG 4185 x UFUS 7910 (Tabela 4). As estimativas negativas encontradas nos caracteres avaliados indicam que o desempenho das combinações híbridas são inferiores aos dos parentais, principalmente para número de vagens e produção de grãos por planta. Ao passo que estimativas positivas de CEC foram observadas nas combinações TMG 4182 x BR/MG 46 Conquista, BRSGO Chapadões x UFUS 7910 e BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista. Na soja, altas estimativas de CEC não apresentam muita importância para o melhoramento, uma vez que não se espera a obtenção de híbridos, mas é um indicativo da heterose causada pelos efeitos da combinação.

4. CONCLUSÕES

Os genitores BRSGO Chapadões e UFUS 7910 foram considerados geneticamente superiores e indicados para participar de cruzamentos, uma vez que as estimativas da capacidade geral de combinação foram positivas e de alta magnitude, indicando predominância de efeitos aditivos na expressão dos caracteres avaliados.

A melhor combinação foi a BRSGO Chapadões x UFUS 7910, a qual apresentou o maior número de vagens totais e de produção de grãos, indicando potencial para o desenvolvimento de uma população com alto potencial produtivo.

REFERÊNCIAS

- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. M. N.; BARI, M. A. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN M. A. genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. **Plant Gene and Trait** [S.I.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 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**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- BI, Y.; L, W.; XIAO, J.; LIN, H.; LIU, M.; LIU, M.; LUAN, X.; ZHANG, B.; XIE, X.; GUO, D.; LAI, Y. Heterosis and combining ability estimates in isoflavone content using different parental soybean accessions: wild soybean, a valuable germplasm for soybean breeding. **Plos One** [S.I.], v. 10, n. 1, p. 1-13, 2015.
- BONATO, E. R.; VELLO, N. A. Aspectos genéticos do tempo para o florescimento em variantes naturais de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 6, p. 989-993, 1999. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X1999000600009>
- CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2012.
- DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivares de soja da Embrapa**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/produtos-e-mercado/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. (Special Report, 80).
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, Tucson, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966. <https://doi.org/10.2307/2528181>
- GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-30, 1988.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

HAYMAN, B. I. The theory an analysis of diallel crosses. **Genetics**, Baltimore, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para caracteres em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300015>

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília v. 36, p. 645-651, 2001.

NAGARAJAN, D.; KALAIMAGAL, T.; MURUGAN, E. Combining Ability Analysis for Yield Component and Biochemical Traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences** [S.I.], v. 6, n. 11, p. 2894-2901, 2017.

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**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, I. J.; VELLO, N. A.; VIEIRA, P. M. J.; WYMINERSKY, P. T. Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 57, n. 2, p. 178-186, 2014. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132014000200004>

PAINKRA, P.; NAG, S. K.; KHUTE, I. Identification of Best Combiners for Soybean Improvement at Chhattisgarh Plains. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences** [S.I.], v. 6, n. 11, p. 478-482, 2017.

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C.; MACHADO, J. C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p. 113-121, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

ROCHA, G. A. F.; PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A. Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 18, n. 3, p. 267-275, 2018.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Características agronômicas de cultivares. In. SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenas, 2015. p.73-82.

TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO. **Soja**: Brasil Central. Disponível em: <<http://www.tmg.agr.br/pt/cultivares/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.

CAPÍTULO III

ESTUDO DE HERANÇA DE CARACTERES AGRONÔMICOS EM SOJA

RESUMO

O estudo de herança é uma importante ferramenta para o melhoramento genético de soja, pois fornece informações essenciais a respeito da natureza genética dos caracteres agronômicos. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi analisar a herança de caracteres agronômicos em quatro populações segregantes de soja, semeadas fora da época convencional de cultivo. O experimento foi realizado na estação experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliadas quatro populações segregantes F_2 (TMG 4185 x UFUS 7910, TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista, BRSGO Chapadões x UFUS 7910, BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista) e seus respectivos genitores, em condições de campo. Os caracteres agronômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, número de nós totais na maturidade, número de nós produtivos, número de vagens totais e produção de grãos por planta. As estimativas médias, variâncias (fenotípica, ambiental e genotípica) e de parâmetros genéticos (herdabilidade e número mínimo de genes) foram obtidas a partir das informações dos genitores e da população segregante F_2 . Também foi realizada uma análise com base nos valores fenotípicos máximos e mínimos das gerações P1, P2 e F_2 para a identificação de segregantes transgressivos em todos os caracteres agronômicos e para seleção de 20% dos indivíduos para produção de grãos, em cada uma das quatro populações segregantes. De acordo com os resultados, a estimativa de herdabilidade e do número mínimo de genes evidenciou a natureza quantitativa dos caracteres agronômicos, principalmente para número de vagens totais e produção de grãos. A ocorrência de transgressivos foi observada em todos os caracteres e populações segregantes, principalmente para os caracteres número de vagens e produção de grãos, indicando a possibilidade de seleção em condições de semeadura fora da época convencional de cultivo. A população do cruzamento BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista foi considerada promissora por apresentar o maior ganho de seleção e produção de grãos superior por planta.

Palavras-chave: análise de geração; populações segregantes; herdabilidade.

HERITAGE STUDY OF AGRONOMIC CHARACTERS IN SOYBEAN

ABSTRACT

Inheritance study is an important tool in the genetic improvement of soybean because it provides essential information about the genetic nature of the agronomic traits. Thus, the objective of this study was to analyze the inheritance of agronomic traits in four soybean segregating populations, sown outside the conventional cropping season. The experiment was carried out at the experimental station of the Soybean Breeding Program, at Fazenda Capim Branco of the Universidade Federal de Uberlândia.. Four F₂(TMG 4185 x UFUS 7910, TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista, BRSGO Chapadões x UFUS 7910, BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista) segregating populations and their respective parents were evaluated under field conditions. The agronomic characters evaluated were: number of days for flowering, height of the plant in flowering, number of nodes in flowering, number of days to maturity, height of the plant at maturity, number of total nodes at maturity, number of productive nodes, number of total pods and grain productivity per plant. The mean estimates, variances (phenotypic, environmental and genotypic) and genetic parameters (heritability and minimum number of genes) were obtained from the information of the parents and the segregating population F₂. An analysis was also made based on the maximum and minimum phenotypic values of the P₁, P₂ and F₂ generations for the identification of transgressivesegregants in all agronomic traits and selection of 20% of individuals for grain production in each of the four segregating populations. According to the results, the estimate of heritability and the minimum number of genes evidenced the quantitative nature of the agronomic traits, mainly for number of total pods and grain yield. The occurrence of transgressive was observed in all the characters and segregant populations, especially for the number of pods and grain yield, indicating the possibility of selection under sowing conditions outside the conventional growing season. The population of the BRSGO Chapadões x BR / MG 46 Conquista crossing was considered promising because it presented the highest selection gain and higher grain yield per plant.

Keywords: generation analysis; segregating populations; heritability.

1. INTRODUÇÃO

O estudo de herança é uma importante ferramenta no melhoramento genético de soja, visto que fornece informações essenciais a respeito da natureza genética de caracteres agronômicos e de outras características, como a resistência às doenças e aos fatores abióticos. Assim, a avaliação da natureza e de magnitude dos efeitos gênicos que controlam um determinado caráter é de reconhecida importância para o processo de seleção e de predição do comportamento das gerações híbridas e de segregantes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; BALDISSERA et al., 2014).

A análise de gerações fornece estimativas de parâmetros genéticos importantes, tais como a herdabilidade, o número de genes, os efeitos aditivos e os não-aditivos, os quais são essenciais para o estudo de herança de um determinado caráter (VASCONCELOS et al., 2010; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A herdabilidade é um dos parâmetros de maior utilidade para os melhoristas. Isto porque ela reflete a proporção fenotípica que pode ser herdada e a possibilidade de sucesso para a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Além disso, o conhecimento do número de genes envolvidos em um determinado caráter permite obter informações a respeito da natureza quantitativa e estabelecer critérios de seleção e condução de populações segregantes para a obtenção de genótipos superiores.

Estudos de herança em soja têm sido realizados principalmente para avaliar a natureza genética da resistência à *Heterodera glycines* (TEIXEIRA, 2016), à *Macrophomina phaseolina* (BIZARI, 2018) e aos outros caracteres, como a cor do hilo (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2007). Teixeira et al. (2017) estudaram a herança da precocidade e os caracteres agronômicos em soja, portanto concluíram que existe a atuação de vários genes para número de vagens e para produção de grãos por planta, além da presença de genótipos transgressivos para precocidade. Ademais, os programas de melhoramento devem considerar o número de nós e o comprimento da haste principal, já que estes interagem com a arquitetura da planta, proporcionando maior produção de grãos (MATTOS FILHO et al., 2009).

Informações sobre caracteres agronômicos como altura de planta, número de nós e componentes de produção ainda são escassos, o que evidencia a necessidade de se estudar melhor as bases genéticas da herança na expressão destes caracteres, para a obtenção de genótipos com melhor desempenho produtivo. Desta forma, objetivou-se analisar a herança de caracteres agronômicos em quatro populações segregantes de soja, semeadas fora da época convencional de cultivo.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi conduzido no campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG. Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na Figura 1.

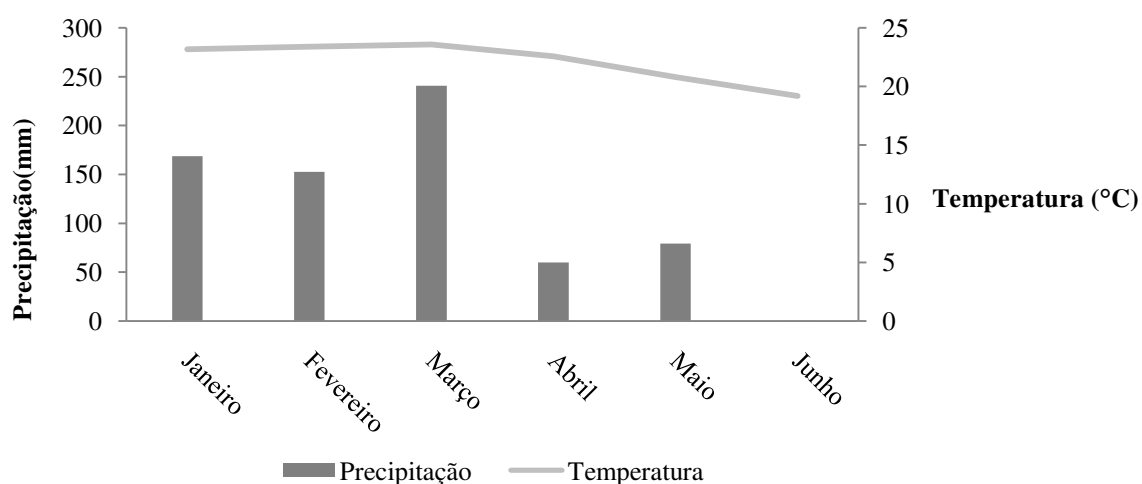


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de janeiro de 2017 a junho de 2017 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

2.2. Seleção dos parentais

Nesse estudo, foram selecionadas cultivares de soja convencional com resistência a diferentes raças de nematoide de cisto (*Heterodera glycines*) e das galhas (*Meloidogyne incognita* e *Meloidogyne javanica*), almejando o desenvolvimento de populações segregantes para seleção futura de genótipos superiores com resistência a esses patógenos (Tabela 1).

TABELA 1. Descrição das cultivares utilizadas nos cruzamentos e na análise de gerações.

Genótipos	Resistência	GM	Cor de flor
TMG 4185	R – 1, 3, 4, 6, 9, 10 e 14; MR – 2 e 5	8.5	Branca
BRSO Chapadões	R – 1, 3, 4, 5 e 14	8.6	Branca
UFUS 7910	R – <i>M.incognita</i> , <i>M.javanica</i>	8.4	Roxa
MG/BR 46 Conquista	R – <i>M.incognita</i> , <i>M.javanica</i>	8.2	Roxa

R: resistente; MR: moderadamente resistente; GM: grupo de maturação.

Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; Tropical Melhoramento Genético – TMG.

Uma amostra de 200 sementes foi obtida de cada parental para ser utilizada na análise de gerações.

2.3. Obtenção da geração F1

Os blocos de cruzamentos foram semeados no período de dezembro de 2015 a março de 2016 de forma escalonada, a cada quatro dias, buscando viabilizar a sincronia do florescimento das cultivares. A semeadura foi realizada em vasos plásticos de 3,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica) e a adubação de semeadura foi realizada aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ NPK da formulação 4-30-16. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes por genitor e, de acordo com a escala de desenvolvimento proposto por Fehr e Caviness (1977), no estágio V1 (Folhas unifolioladas completamente desenvolvidas) foi realizado o desbaste, mantendo-se duas plantas por vaso. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual e o controle de doenças e de pragas foi realizado semanalmente, com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

As cultivares TMG 4185 e BR/SGO Chapadões foram utilizadas como genitores femininos por possuírem cor de flor branca, enquanto a UFUS 7910 e BR/MG 46 Conquista, com flor roxa, foram utilizadas como genitores masculinos. Em cada combinação, foram obtidas 20 sementes F₁, de acordo com a Tabela 2.

TABELA 2. Genealogia dos cruzamentos e quantidade de sementes F₁.

Cruzamento	Quantidade de sementes F ₁
TMG 4185 x UFUS 7910	20
BRSGO Chapadões x UFUS 7910	20
TMG 4185 x MG/BR 46 Conquista	20
BRSGO Chapadões x MG/BR 46 Conquista	20

2.4. Obtenção da geração F₂

As sementes F₂ foram obtidas a partir da colheita das plantas das combinações híbridas TMG 4185 x UFUS 7910, TMG 4185 x MG/BR 46 Conquista, BRSGO Chapadões x UFUS 7910 e BRSGO Chapadões x MG/BR 46 Conquista. Posteriormente, uma amostra de 240 sementes foi obtida para cada cruzamento.

2.5. Preparo do solo e semeadura

O solo foi preparado de maneira convencional, com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. A adubação de semeadura foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo.

As sementes foram previamente tratadas com cobalto, molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Cada geração foi semeada em parcelas de quatro linhas de 1,5 m de comprimento e em uma densidade de semeadura de 10 sementes m⁻¹. Posteriormente, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. A semeadura foi realizada no dia 11 de fevereiro de 2017.

Periodicamente, realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor, a cada três dias durante o ciclo da soja. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias, com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

Após o estágio R1, foi realizada a contagem das plantas sobreviventes para a obtenção dos dados fenotípicos. Foram analisadas 60 plantas para cada um dos parentais (P_1 e P_2), 135 plantas para as populações F_2 dos cruzamentos TMG 4185 x UFUS 7910, TMG 4185 x MG/BR 46 Conquista e BRSGO Chapadões x MG/BR 46 Conquista, para o cruzamento BRSGO Chapadões x UFUS 7910 foram analisadas 125 plantas.

2.6. Avaliação das gerações (P_1 , P_2 e F_2)

Em cada planta foram analisados os seguintes caracteres de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio R1);

- Altura da planta no florescimento (APF): altura mensurada no início de florescimento (estádio R1) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós da haste principal até o início do florescimento (estádio R1);

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8;

- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Altura de inserção da primeira vagem: altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o ponto de inserção da primeira vagem;

- Número de nós totais na maturidade (NNT): número de nós na haste principal até a data da maturidade no estágio R8;

- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;

- Produção de grãos por planta (PG): peso total de grãos de soja produzidos por planta, expressa em gramas.

2.7. Análise estatística

As estimativas, de médias, de variâncias e de parâmetros genéticos foram obtidas a partir das informações de genitores (P_1 e P_2) e da geração F_2 . Por meio da análise de gerações, foram obtidas as seguintes estimativas relativas à população segregante F_2 :

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ – variância fenotípica em F_2 ;

$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$ – variância do meio em F_2 – calculada pela seguinte equação, dada a baixa frequência de plantas da geração F_1 :

$$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2 = \frac{\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2}{2}$$

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ – variância genotípica em F_2 :

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{F(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$$

h_a^2 – herdabilidade no sentido amplo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}$$

η – Número mínimo de genes envolvido no caráter:

$$\eta = \frac{R^2(1 + 0.5k^2)}{8\sigma_g^2}$$

sendo, R calculado por:

$$R = \text{MAX}_{F_2} - \text{MIN}_{F_2}$$

Predição de ganhos de seleção da população F_2 em que:

$$DS = \bar{X}_s - \bar{X}_0$$

Sendo:

DS: diferencial de seleção;

\bar{X}_s : média dos indivíduos selecionados em F_2 ;

\bar{X}_0 : média da população F_2 .

O ganho por seleção, considerando-se os indivíduos da população F_2 é estimado pela expressão:

$$\Delta G = DSh_a^2 \quad \text{e} \quad GS\% = \frac{\Delta G}{\bar{X}_0}$$

ΔG : ganho de seleção predito;

DS: diferencial de seleção;

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_2 ;

GS(%): ganho de seleção em percentagem;

\bar{X}_0 : média da população F_2 .

A média prevista para o primeiro ciclo de seleção dos indivíduos selecionados em F_2 é dada por:

$$\bar{X}_c = \bar{X}_0 + \Delta G$$

\bar{X}_c : média predita para o primeiro ciclo de seleção;

\bar{X}_0 : \bar{X}_0 : média da população F_2 ;

ΔG : ganho de seleção.

As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A obtenção de informações consistentes a respeito da natureza genética de um caráter pode ajudar o melhorista na escolha do melhor método de melhoramento, visando a obtenção de maiores ganhos com a seleção. Dessa forma, as estimativas de variâncias, os parâmetros genéticos e as médias de quatro populações segregantes F_2 estão apresentados na Tabela 3.

TABELA 3. Estimativas de variâncias, de parâmetros genéticos e de médias de caracteres agrônômicos para as populações 1, 2, 3 e 4 obtidos a partir da F₂ e de seus genitores.

	Parâmetro	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNT	AIPV	NVT	PG
População 1	$\hat{\sigma}_f^2$	44,0	22,1	75,0	109,0	3,6	4,2	25,5	477,5	11,1
	$\hat{\sigma}_m^2$	0,2	1,0	39,9	45,76	2,3	1,5	15,3	303,6	8,2
	$\hat{\sigma}_g^2$	43,8	21,1	35,1	63,3	1,4	2,7	10,2	173,9	2,8
	h_a^2	99,5	95,5	46,8	58,0	38,2	64,4	40,1	36,4	25,6
	Π	5,0	1,2	8,5	5,8	9,0	6,7	8,3	8,5	14,9
	\bar{X}_o	39,1	93,1	32,0	40,9	10,6	12,3	9,4	36,4	5,6
	\bar{X}_s	48,0	88,0	43,5	54,3	12,9	14,9	16,3	68,0	10,2
	GS(%)	22,8	-5,2	16,7	19,4	8,5	13,3	29,3	28,0	21,3
População 2	Parâmetro	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNT	AIPV	NVT	PG
	$\hat{\sigma}_f^2$	19,0	19,1	66,6	121,3	2,7	3,2	34,8	275,9	10,7
	$\hat{\sigma}_m^2$	0,4	1,0	35,2	51,5	1,3	1,2	21,4	138,1	5,2
	$\hat{\sigma}_g^2$	18,7	18,1	31,4	69,8	1,3	1,9	13,3	137,8	5,5
	h_a^2	98,1	95,0	47,1	57,6	50,5	60,7	38,4	49,9	51,2
	Π	4,2	5,4	9,6	7,6	7,5	7,8	5,4	4,4	4,6
	\bar{X}_o	42,8	99,3	40,7	54,1	11,9	14,0	15,6	41,1	7,5
	\bar{X}_s	48,5	95,1	51,2	68,5	13,7	16,2	23,3	64,8	12,2
GS(%)	11,7	-4,0	12,1	15,3	7,7	9,7	18,7	28,7	32,4	
População 3	Parâmetro	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNT	AIPV	NVT	PG
	$\hat{\sigma}_f^2$	25,5	25,1	64,6	132,7	3,2	4,6	28,5	474,7	15,5
	$\hat{\sigma}_m^2$	0,3	0,4	26,6	50,6	1,8	1,3	18,7	284,0	7,1
	$\hat{\sigma}_g^2$	25,2	24,7	38,0	82,1	1,4	3,3	9,8	190,7	8,5
	h_a^2	98,8	98,3	58,8	61,9	42,8	72,5	34,5	40,2	54,6
	Π	6,8	4,0	5,8	4,0	9,1	3,7	9,3	7,4	4,0
	\bar{X}_o	42,9	97,8	37,3	50,8	11,6	13,8	15,3	48,2	8,4
	\bar{X}_s	48,9	92,4	47,7	65,4	13,7	16,5	22,5	77,9	14,1
GS(%)	13,1	-5,5	16,6	17,7	7,9	14,4	16,1	24,8	37,2	
População 4	Parâmetro	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNT	AIPV	NVT	PG
	$\hat{\sigma}_f^2$	13,8	15,4	46,1	69,9	3,1	3,7	20,4	835,4	20,3
	$\hat{\sigma}_m^2$	0,2	0,5	30,3	45,2	1,9	1,5	12,3	424,2	10,1
	$\hat{\sigma}_g^2$	13,6	14,9	15,8	24,7	1,2	2,2	8,1	411,2	10,2
	h_a^2	98,8	97,1	34,3	57,6	39,5	59,0	39,9	49,2	50,2
	Π	3,7	2,7	10,8	9,4	6,6	5,7	10,4	5,0	5,1
	\bar{X}_o	47,6	100,1	41,1	53,5	13,0	15,2	17,1	60,0	9,5
	\bar{X}_s	52,8	96,2	50,0	64,3	15,0	17,5	22,9	100,3	15,9
GS(%)	10,9	-3,8	7,5	7,2	6,2	9,1	13,7	33,0	33,4	

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade (cm); NNF e NNT: número de nós no florescimento e na maturidade; (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); NVT: número de vagens totais; PG: produção de grãos por planta (g); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_m^2$: variância do meio; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo (%); Π : número mínimo de genes; \bar{X}_o : média original; \bar{X}_s : média dos indivíduos selecionados; GS(%) ganho por seleção. População 1: TMG 4185 x UFUS 7910; População 2: TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista; População 3: BRSGO Chapadões x UFUS 7910; População 4: BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista.

Nesse estudo, as variâncias genóticas apresentaram magnitudes similares entre as populações para os caracteres agronômicos avaliados. A maior estimativa foi observada para número vagens totais variando de 137,8 a 411,2 (Tabela 3), indicando potencial para seleção nesse caráter. Dessa forma, o conhecimento sobre a variação genética de um caráter é essencial para definir o método de seleção mais adequado para desenvolvimento de linhagens superiores (BALDISSERA et al., 2014).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo para NDF variou de 98,1% a 99,5%) e para NDM oscilou de 95,0 % a 98,3%, respectivamente, e foram de alta magnitude e similares nas populações 1, 2, 3 e 4 (Tabela 3). Para os demais caracteres, a herdabilidade foi de baixa a média magnitude. A herdabilidade é um importante parâmetro genético, a qual indica a proporção da variância genotípica na expressão do fenótipo e permite antever a possibilidade de ganhos com a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A herdabilidade para altura de planta no florescimento variou de 34,3% a 58,8% e para altura de planta na maturidade oscilou de 57,6 a 61,9 (Tabela 3). No entanto, Santos et al. (2017) encontraram estimativas de herdabilidades mais altas para APF (84,85%) e para APM (91,99%) em plantas de soja F_{2:3} de soja e Teixeira et al. (2017) obtiveram resultados superiores para APM (45,36%) em populações segregantes de soja na geração F₂. As estimativas de herdabilidade para APF e para APM observadas neste trabalho indicam que a avaliação das populações fora da época de semeadura convencional influenciou na expressão do caráter. Desta forma, o cultivo da soja na época com fotoperíodo curto induziu o florescimento precoce e consequente redução da altura da planta.

Em todas as populações avaliadas, a herdabilidade para os caracteres NVT e PG, apresentaram magnitude média, exceto para a população 1, com estimativa de 25,6 % (Tabela 3). Estimativas de herdabilidade baixas indicam que a maior proporção da variância fenotípica foi devida a influência do ambiente na expressão do caráter, o que dificulta o processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A variabilidade genética observada entre as populações segregantes F₂ apresentou magnitudes similares, considerando as estimativas de variância genotípica e herdabilidade para os caracteres avaliados (Tabela 3).

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; GIORDANO; LOPES, 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 (BALDISSERA et al., 2014). É importante ressaltar que a estimativa do número de genes é difícil de ser obtida quando há influência do ambiente na manifestação do caráter e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito (BALDISSERA et al., 2014).

O número mínimo de genes para NDF variou de 3,7 a 6,8 genes e para NDM de 1,2 a 5,4 entre as populações analisadas (Tabela 3). Teixeira et al. (2017) observaram que o número de dias para florescimento e para a maturidade foram influenciados por apenas dois genes, no cruzamento UFUS 6901 x BR/MG 46 Conquista. Na soja, foram identificados dez locos com dois alelos e cada alelo foi reportado para o controle do tempo de florescimento e maturidade, são os genes: E1/e1, E2/e2, E3/e3, E4/e4, E5/e5, E6/e6, E7/e7, E8/e8, E9/e9 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; ABE, 2012

Para altura de planta no florescimento e na maturidade, o número mínimo de genes observado variou de 5,8 a 10,8 para APF e 4,0 a 9,4 para altura de planta na maturidade (Tabela 3). Teixeira et al. (2017) encontraram estimativas para altura da planta e para o número de nós foram governados por 12 e 18 genes, respectivamente.

Para os caracteres número de vagens totais e produção de grãos, a população 1 apresentou maior número de genes, controlando-as em relação às outras três populações, com 8,5 e 14,9 genes, respectivamente (Tabela 3). No entanto, Teixeira et al. (2017) observaram a influencia de 160 genes para produção de grãos. Nos demais caracteres avaliados, as estimativas de número mínimo genes foram similares entre as populações avaliadas neste trabalho.

O número de dias até a maturidade para a média da população F₂ e para os indivíduos selecionados foram menores que 100 dias (Tabela 3). O cultivo das populações fora da época convencional de semeadura influenciou a duração do ciclo e o desenvolvimento das plantas, os quais foram afetados diretamente pela redução do fotoperíodo. Entretanto, foi possível realizar a seleção de indivíduos para NDM, inclusive com ganhos negativos em todas as populações avaliadas.

A altura da planta no florescimento variou de 32,0 e 41,1cm e a altura da planta na maturidade variou de 40,9 a 53,5 cm (Tabela 3). A altura no florescimento é uma

importante característica no desenvolvimento de cultivares de soja, porque plantas muito baixas podem comprometer a produção de grãos, resultante do menor número de nós e altura de inserção de primeira vagem. Segundo Sedyama et al. (2015), a altura ideal de planta da soja está entre 50 cm a 90 cm, para facilitar a colheita e evitar o acamamento. Nesse trabalho, foram observados ganhos de seleção positivos para altura de planta em todas as populações, variando de 7,5% a 16,7% para APF e 7,2% a 19,4% para APM, indicando que é possível selecionar plantas mais altas, mesmo em condições fora da época convencional de semeadura. Logo, um genótipo selecionado em uma condição desfavorável e/ou fora de época e que apresenta um ótimo desempenho pode vir a ser superior em um ambiente favorável, diminuindo, assim, o tempo requerido para seleção e avanço de gerações.

A altura de inserção da primeira vagem variou de 9,4 cm a 15,6 cm e ganhos positivos foram observados, oscilando de 13,7% a 29,3% (Tabela 3), próximo ao que é exigido para o desenvolvimento de cultivares (SEDIYAMA et al., 2015). Outra característica importante é o número de nós totais que apresentou ganhos positivos em todas as populações avaliadas. Segundo Sedyama (2016), uma planta de soja com alto potencial produtivo deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal. Nesse estudo, a média do número de nós nas populações avaliadas variou de 12,3 a 15,6 e, para os indivíduos selecionados, a média oscilou de 14,9 a 17,5 nós (Tabela 3). A condição de menor fotoperíodo durante a época de cultivo influenciou a expressão desses caracteres, resultando em genótipos com menor altura de planta e, conseqüentemente, menor número de nós na haste principal.

Para número de vagens totais, as populações 3 e 4 apresentaram as maiores médias dos indivíduos selecionados na F_2 , os seguintes valores de 77,9 e 100,3 (Tabela 3). Neste caso, as médias destas populações para NVT foram superiores às populações 1 e 2 (Tabela 3), indicando que o genitor BRSGO Chapadões, nos cruzamentos entre UFUS 7910 e BR/MG 46 Conquista, resultaram em populações mais produtivas. Além disso, Sedyama (2016) afirma que as cultivares nacionais de soja apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta, inferiores aos resultados obtidos neste estudo. Costa et al. (2004) e Teixeira et al. (2017) observaram ganhos de 24,86% e 31,99%, respectivamente, em população segregantes F_2 para número de vagens, indicando a possibilidade de obter ganhos com a seleção em gerações iniciais.

A produção de grãos tanto para a média original quanto para os indivíduos selecionados variou de 5,6 g e 10,2 g na população 1 (TMG 4185 X UFUS 7910) e 9,5 g e 15,9 g na população 4 (BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista) (Tabela 3). Além disso, foram observados ganhos positivos em todas as populações segregantes oscilando de 21,3% TMG 4185 x UFUS 7910 a 37,4 % (BRSGO Chapadões x UFUS 7910), indicando a possibilidade de ganhos com a seleção. Costa et al. (2004) e Teixeira et al. (2017) também observaram ganhos de 55,11% e 29,54% para produção de grãos, respectivamente, em uma população segregante F_2 de soja, o que corrobora com resultados obtidos nesse estudo.

No melhoramento de plantas, o objetivo de realizar cruzamentos, além da ampliação da variabilidade genética é a obtenção de genótipos superiores (transgressivos) em populações avançadas. A segregação transgressiva é observada na fração de indivíduos que excedem os valores fenotípicos dos pais, tanto no sentido positivo quanto negativo, em gerações iniciais e avançadas (BALDISSERA et al., 2014). A ocorrência de segregantes transgressivos acontece quando a maior segregação em recombinações, obtidas a partir de cruzamentos entre genitores para a obtenção de híbridos com maior efeito heterótico, possibilitando o surgimento de indivíduos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). No presente estudo, segregantes transgressivos foram identificados em todos os cruzamentos e caracteres agrônômicos avaliados (Tabela 4).

TABELA 4. Valores máximos e mínimos para parentais e F₂, além da presença de segregantes transgressivos.

População 1 (TMG 4185 x UFUS 7910)									
Parâmetros	NDF	NDM	APF	NNF	APM	AIPV	NNT	NVT	PG
Máximo nos pais	46	101	56	15	77	18	15	98	14
Mínimo nos pais	40	98	23	7	34	10	6	12	4
Máximo na F ₂	66	102	59	14	68	19	15	111	11
Mínimo na F ₂	24	88	10	4	14	7	3	2	2
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
População 2 (TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista)									
Parâmetros	NDF	NDM	APF	NNF	APM	AIPV	NNT	NVT	PG
Máximo nos pais	41	101	56	14	77	16	14	69	10
Mínimo nos pais	39	97	26	8	37	10	6	12	4
Máximo na F ₂	59	116	69	15	87	20	15	83	17
Mínimo na F ₂	34	88	20	6	22	9	4	13	4
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
População 3 (BRSGO Chapadões x UFUS 7910)									
Parâmetros	NDF	NDM	APF	NNF	APM	AIPV	NNT	NVT	PG
Máximo nos pais	47	99	56	16	74	16	15	101	11
Mínimo nos pais	39	97	29	8	35	10	7	14	4
Máximo na F ₂	70	116	60	17	77	20	16	118	19
Mínimo na F ₂	33	88	18	7	26	10	4	12	4
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
População 4 (BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista)									
Parâmetros	NDF	NDM	APF	NNF	APM	AIPV	NNT	NVT	PG
Máximo nos pais	47	101	56	16	65	18	15	98	14
Mínimo nos pais	45	98	23	10	34	12	5	11	4
Máximo na F ₂	59	109	63	17	76	19	17	137	15
Mínimo na F ₂	39	78	26	9	33	9	5	9	3
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim

A ocorrência de transgressivos é importante para a seleção de genótipos superiores, principalmente para os caracteres número de vagens e produção de grãos, uma vez que contribuem diretamente para a produtividade. Segregantes transgressivos também foram observados por Teixeira et al. (2017) para NDF, NV, NGV e PG em soja.

Os valores fenotípicos de 20% dos indivíduos superiores para produção de grãos, nas quatro populações F₂, estão apresentados na Tabela 5. Notou-se que as estimativas de produção de grãos oscilaram de 7,7g a 22,6g, sendo superiores para a população 4 do

cruzamento BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista (Tabela 5). As plantas selecionadas neste cruzamento apresentaram maior produção de grãos em relação as outras populações avaliadas, sendo indicado para o avanço de gerações.

TABELA 5. Indivíduos selecionados nas populações F₂ de soja para produção de grãos.

POPULAÇÃO 1		POPULAÇÃO 2		POPULAÇÃO 3		POPULAÇÃO 4	
Nº.Ind.	PG	Nº.Ind.	PG	Nº.Ind.	PG	Nº.Ind.	PG
82	19,0	96	17,0	20	19,0	40	22,6
35	15,0	97	16,0	8	18,1	12	21,8
18	13,0	68	16,0	31	17,0	129	20,6
116	12,0	28	16,0	57	16,8	7	20,1
1	12,0	135	15,0	112	16,6	121	19,8
17	12,0	69	15,0	79	16,3	120	18,3
39	11,0	94	15,0	109	16,3	119	18,1
59	11,0	67	14,0	90	15,5	55	17,9
135	11,0	81	14,0	6	15,4	100	17,4
27	11,0	53	14,0	78	15,3	124	17,1
30	11,0	44	14,0	61	15,1	30	16,2
89	11,0	80	13,0	54	15,0	46	16,2
93	11,0	5	12,0	23	14,5	50	16,2
75	11,0	54	12,0	17	14,4	1	15,6
29	11,0	92	12,0	10	14,3	9	15,6
2	9,9	118	12,0	106	14,3	38	15,6
60	9,9	25	12,0	35	13,8	116	15,6
36	9,8	57	12,0	56	13,3	66	15,0
94	9,8	26	12,0	125	13,3	110	14,9
55	9,6	48	11,0	86	13,1	125	14,6
4	9,5	91	11,0	9	12,4	88	14,5
58	9,0	65	11,0	66	12,1	37	14,4
91	9,0	111	11,0	42	12,0	105	14,3
20	8,6	56	10,0	123	12,0	127	14,1
65	8,4	51	10,0	95	11,8	86	14,0
72	8,1	32	10,0	88	11,6	15	13,6
5	7,9	100	9,9	100	11,6	73	13,3
25	7,9	46	9,8	107	11,6	104	13,0
80	7,8	121	9,7	25	11,5	75	12,9
96	7,8	23	9,6	27	11,4	135	12,7
110	7,8	37	9,5	105	11,2	21	12,6
106	7,7	103	9,5	-	-	76	12,5
117	7,7	95	9,4	-	-	52	12,5

População 1: TMG 4185 x UFUS 7910; População 2: TMG 4185 x BR/MG 46 Conquista; População 3: BRSGO Chapadões x UFUS 7910; População 4: BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista. N. Ind.: número do indivíduo selecionado; PG: produção de grãos por planta.

4. CONCLUSÕES

A estimativa de herdabilidade e do número mínimo de genes evidenciou a natureza quantitativa dos caracteres agronômicos, principalmente para número de vagens totais e produção de grãos.

A ocorrência de transgressivos foi observada em todos os caracteres e populações segregantes, principalmente para os caracteres número de vagens e produção de grãos, indicando a possibilidade de seleção em condições de semeadura fora da época convencional de cultivo.

A população do cruzamento BRSGO Chapadões x BR/MG 46 Conquista foi considerada promissora por apresentar o maior ganho de seleção e maior produção de grãos por planta.

REFERÊNCIAS

- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Journal of Agroveterinary Sciences** [S.l.], v. 13, n.2, p.181-189, 2014.
- BERNARD, R.L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, Madison. v. 11, p. 242-244, 1971.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>
- BERNARD, R. L.; WEISS, M. G. Qualitative genetics. In: CALDWELL, B. E. (Ed.) **.Soybeans: Improvement, Production and Uses**. Madson: American Society of Agronomy, 1973. p. 117-154.
- BIZARI, E. H. **Estudo de herança genética da resistência à *Macrophomina phaseolina* na cultura da soja**. 2018. 49 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista, Campus de Jaboticabal, Jaboticabal, 2018.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDATREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- BONATO E. R.; VELLO, N. A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetic Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 22, p.229-232, 1999.
<https://doi.org/10.1590/S1415-47571999000200016>
- BUZZELL, R. I. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent-daylength conditions. **Canadian Journal Genetic Cytology** [S.I.], v. 13, p. 703–707, 1971.
- BUZZELL, R. I.; VOLDENG, H. D. Inheritance of insensitivity to long daylength. **Soybean Genetics** [S.I.] v. 7, n. 13, p. 26-29, 1980.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SOUZA, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; PÍPOLO, A. E. Herança de hilo esparramado em sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 1, p. 127-129, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000100017>
- COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, Madison, v. 41, n. 3, p. 698-701, 2001.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2001.413698x>
- 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.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2009.04.0174>
- COSTA, M.M.; MAURO, A. O. D.; 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**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>

CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy*, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivares de soja da Embrapa**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/produtos-e-mercado/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.

FEHR, W. R., CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. (Special Report, 80).

FREITAS, J. A.; MALUF, W. R.; CARDOSO, M. G.; GOMES, L. A. A.; BEARZOTTI, E. Inheritance of foliar zingiberene contents and their relationship to trichome densities and white fly resistance in tomatoes. *Euphytica*, Wageningen, v. 127, p. 275-287, 2002.
<https://doi.org/10.1023/A:1020239512598>

LABORATÓRIO DE CLIMATOLOGIA E METEOROLOGIA AMBIENTAL. **Dados Climatológicos diários**: Fazenda Capim Branco. 2018. Uberlândia: UFU, 2018.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. *Comunicata Scientiae*, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, v. 30, n. 4, p. 343-349, 2005.
<https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002>

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*, Madison, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014.
<https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>

MATOS FILHO, C. H. A.; GOMES, R. L. F.; ROCHA, M. M.; FREIRE FILHO, F. R.; LOPES, A. C. A. Potencial produtivo de progênies de feijão-caupi com arquitetura ereta de planta. *Ciência Rural*, Santa Maria, v. 39, n. 2, p. 348-354, 2009.
<https://doi.org/10.1590/S0103-84782009000200006>

MCBLAIN, B. A.; BERNARD, R. L. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. *Journal Heredity*, Oxford, v. 78, p. 160-162, 1987.
<https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.jhered.a110349>

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. **Cultivares de soja** Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

RIESEBERG, L. H.; ARCHER, M. A.; WAYNE, R. K. Transgressive segregation, adaptation and speciation. **Heredity**, Edinburg. v. 83, p. 363-372, 1999.

<https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6886170>

SANTOS, M. F.; MÖLLER, M.; CLOUGH, S. J.; PINHEIRO, J. B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in an F2:3 soybean population derived from IAC-100. **Journal of Crop Improvement** [S.I.], v. 32, n. 1, p. 1–18, 2017.

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

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Características agronômicas de cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015. p. 73-82.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of precocity and of agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, p. 01, 2017.

TEIXEIRA, L. C. A. A. **Estudo genético de populações de soja com fonte de resistência à *Heterodera glycines* (raça 3) oriundas de topocruzamentos tipo alimento x tipo grão**. 2016. 120 f. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Estadual Paulista, Campus De Jaboticabal, Jaboticabal, 2016.

TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO. **Soja**: Brasil Central. Disponível em: <<http://www.tmg.agr.br/pt/cultivares/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.

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**, Viçosa, v. 57, n. 2, 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.

<https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.531>

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** [S.I.] v. 16, n. 1, p. 217-227, 2015.

CAPÍTULO IV

DESEMPENHO AGRONÔMICO DE PROGÊNIES DE SOJA DESENVOLVIDAS POR MEIO DO MÉTODO GENEALÓGICO MODIFICADO

RESUMO

O desenvolvimento de novas cultivares é fundamental para acompanhar a demanda do mercado, principalmente em relação à necessidade de aumentar a produtividade de grãos. O método genealógico apresenta a vantagem de realizar a seleção nas gerações iniciais com teste de progênie, conduzindo apenas os genótipos mais promissores. No entanto, este método permite a condução de uma população por ano, o que o torna mais demorado em relação aos outros métodos de condução de populações segregantes. Desta forma, objetivou-se avaliar o desempenho agronômico de progênies de soja desenvolvidas por meio do método genealógico modificado. O experimento foi realizado na estação experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliadas 19 progênies F_{3:5}, desenvolvidas pelo método genealógico modificado e quatro testemunhas (TMG 801, BRSGO 8660, UFUS 7910 e TMG 4185) em um delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela consistiu em quatro linhas de cinco metros de comprimento e população final de 200.000 plantas ha⁻¹. Foram avaliados os caracteres agronômicos: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós totais na maturidade, resistência ao acamamento e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos a análise de variância e as médias comparadas pelo teste de Scott Knott. De acordo com os resultados, o método genealógico modificado resultou em progênies com produtividades de grãos acima de 5000,0 kg ha⁻¹, indicando que a modificação possibilitou o desenvolvimento de genótipos com alto potencial produtivo. As progênies UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 e UFUSL19 foram consideradas superiores aos demais genótipos e indicadas para ensaios de desempenho produtivo.

Palavras-chave: população segregante; melhoramento; caracteres agronômicos.

AGRONOMIC PERFORMANCE OF SOYBEAN PROGENIES DEVELOPED BY THE MODIFIED PEDIGREE METHOD

ABSTRACT

The development of new cultivars is essential to keep up with market demand, especially in relation to the need to increase grain productivity. The genealogical method has the advantage of carrying out the selection in the initial generations with progeny test, leading only the most promising genotypes. However, this method allows the conduction of one population per year, which makes it more time-consuming compared to other methods of conducting segregating populations. In this way, the objective was to evaluate the agronomic performance of soybean progenies developed through the modified pedigree method. The experiment was carried out at the experimental station of the Soybean Breeding Program, at Fazenda Capim Branco of the Universidade Federal de Uberlândia.. Nineteen $F_{3:5}$ progenies developed by the modified pedigree method and four controls (TMG 801, BRSGO 8660, UFUS 7910 and TMG 4185) were evaluated in a randomized complete block design with three replicates. Each plot consisted of four rows of five meters in length and a final population of 200,000 ha^{-1} plants. The agronomic characters were evaluated: number of days for flowering, height of the plant in flowering, number of nodes in flowering, number of days to maturity, height of the plant at maturity, height of insertion of the first pod, number of total nodes at maturity, resistance to lodging and grain productivity. The data were submitted to analysis of variance and the means compared by the Scott Knott test. According to the results, the modified pedigree method resulted in progenies with grain productivity above 5000.0 $kg\ ha^{-1}$, indicating that the modification allowed the development of genotypes with high productive potential. The progenies UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 and UFUSL19 were considered superior to the other genotypes and indicated for productive performance assays.

Keywords: segregating population; improvement; agronomic characters.

1. INTRODUÇÃO

A utilização de cultivares mais produtivas e adaptadas às condições ambientais tem possibilitado cada vez mais o aumento da produção de grãos no país. Segundo os dados da Companhia Nacional de Abastecimento – CONAB (2018), a produção brasileira na safra de 2017/2018 foi de 119,3 milhões de toneladas cultivadas em 35,2 milhões de hectares. Desta forma, o desenvolvimento de novas cultivares é fundamental para acompanhar a demanda do mercado, principalmente em relação à necessidade de aumentar a produtividade de grãos.

A seleção de plantas em populações segregantes é uma das fases mais trabalhosas e de custo elevado dentro dos programas de melhoramento (PONTES JUNIOR et al., 2016), principalmente para caracteres quantitativos, como a produtividade de grãos. (PEREIRA et al., 2012). Este caráter, contudo, apresenta certa dificuldade para a seleção em gerações iniciais, devido à maioria dos locos estarem segregando. Assim, os métodos de condução de populações segregantes devem possibilitar o desenvolvimento de linhagens, nas quais o melhorista será capaz de identificar os melhores genótipos nas etapas iniciais do processo de melhoramento.

Na cultura da soja, o método genealógico tem sido utilizado para a obtenção de linhagens, principalmente por causa das vantagens associadas à seleção de plantas em gerações precoces com teste de progênie, conduzindo somente aqueles genótipos considerados superiores, reduzindo o número de linhagens a serem testadas ao final do processo de melhoramento, além de possibilitar a manutenção da genealogia das progênies selecionadas (MILADINOVIĆ et al., 2011; KANBAR; KATSUHIKO; SHASHIDHAR, 2011). No entanto, a sua utilização requer que o teste de progênies seja realizado em condições normais de cultivo, permitindo a condução de uma geração por ano.

Algumas modificações no método genealógico têm sido sugeridas para aumentar a eficiência no avanço de gerações e na seleção de genótipos superiores. Entre as propostas para contornar as limitações, se destacam de Akerman e Mackay (1948) que propuseram modificações visando minimizar os efeitos de dominância nas gerações iniciais por meio da aplicação do método *bulk* dentro de progênies. Outros, como Lupton e Whitehouse (1957) e Valentine (1984) também implementaram modificações neste método para acelerar o avanço de gerações (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2017). Em

feijão, o método genealógico tem sido usado em combinação com os métodos SSD e *bulk* para obtenção de linhagens puras com sucesso (MOREIRA et al., 2010).

A possibilidade de modificações dos métodos de condução permite ao melhorista adaptá-los de acordo com o objetivo do melhoramento, visando reduzir a quantidade de trabalho e tempo para a obtenção de uma nova cultivar. Portanto, o objetivo deste estudo foi avaliar o desempenho agrônômico de progênies desenvolvidas por meio do método genealógico modificado.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi conduzido em campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG. Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na Figura 1.

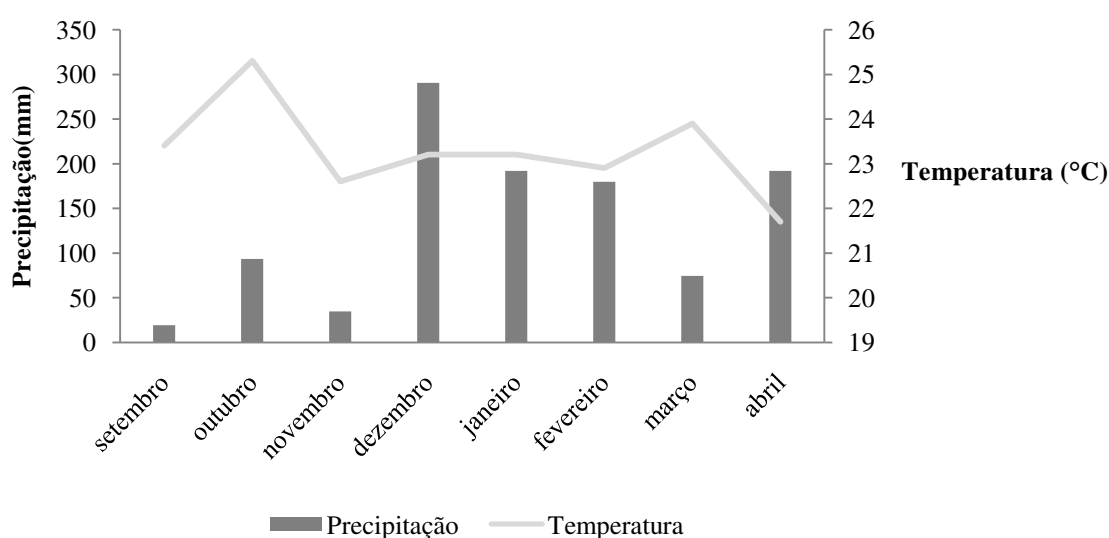


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

2.2. Seleção dos parentais

Nesse estudo, foram utilizados como parentais as cultivares comerciais e as linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia e da Embrapa, de acordo com a descrição da Tabela 1.

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais nos cruzamentos.

Genótipos	Instituição	GM	Cor de flor	Tipo de crescimento
UFUS 7910	UFU	8.1	Roxa	Determinado
UFUS 7415	UFU	7.4	Roxa	Semideterminado
UFUS Xavante	UFU	8.0	Roxa	Determinado
UFUS Tikuna	UFU	8.4	Roxa	Determinado
UFUS Mineira	UFU	[S.I.]	Roxa	Determinado
UFUS Tupi	UFU	7.4	Branca	Determinado
UFUS 6901	UFU	7.0	Branca	Indeterminado
BRS 68 Vencedora	EMBRAPA	8.0	Roxa	Determinado

[S.I]: sem informação; GM: grupo de maturação;

Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA.

2.3. Hibridação

Os blocos de cruzamentos foram semeados no período de março de 2015 a abril de 2015 de forma escalonada, em intervalos de quatro dias, visando à sincronia do florescimento entre os genitores. A semeadura foi realizada em vasos plásticos de 3,0 dm⁻³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica) e, em seguida, realizou-se a adubação, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ NPK da formulação 4-30-16. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes para cada cultivar e, de acordo com a escala de desenvolvimento proposto por Fehr e Caviness (1977), no estádio V1 (Folhas unifolioladas completamente desenvolvidas), realizou-se o desbaste e mantidas duas plantas por vaso. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual, além disso, o controle de doenças e de pragas foi realizado semanalmente com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

Foram obtidas seis combinações híbridas, com 15 sementes F₁, as quais foram semeadas em casa de vegetação para a obtenção da geração F₂. A semeadura e os tratamentos culturais foram realizados de acordo com o procedimento para implantação dos blocos de cruzamento.

O sucesso da hibridação foi verificado na geração F₁, por meio da presença de pigmentação antociânica no hipocótilo das plântulas e durante a segregação da geração F₂

para altura de planta, da cor de pubescência e do ciclo. As plantas resultantes de autofecundação (hipocótilo verde) foram eliminadas.

2.4. Preparo do solo e dos tratos culturais durante avanço de gerações

Durante o avanço das gerações, o solo foi preparado de maneira convencional com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, realizou-se a abertura de sulcos com um sulcador, com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A adubação de sementeira foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo. As sementes foram previamente tratadas com cobalto e molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Após a sementeira, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-METOLACOLORO, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Após 15 dias da emergência, foi realizado o desbaste para obter a população desejada de 200.000 plantas ha⁻¹. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

2.5. Método genealógico modificado

A condução das populações segregantes foi realizada pelo método genealógico modificado (*bulk* dentro de progênies). Nesse estudo, a proposta de modificação do método genealógico consistiu no avanço de gerações e na seleção fenotípica de plantas fora da época convencional de cultivo com a aplicação de *bulk* dentro de progênies, visando à condução de duas gerações por ano.

A geração F₂ foi semeada no dia 13 de fevereiro de 2016, em linhas individuais, realizou-se a seleção fenotípica de 25 plantas consideradas superiores para produção de vagens em cada população segregante, as quais foram beneficiadas individualmente e identificadas.

As progênies F_{2:3} foram semeadas no dia 27 de agosto de 2016, em linhas individuais. No estágio R8, foi realizada a seleção fenotípica das cinco melhores progênies de cada população e dentro delas foram selecionadas dez plantas consideradas superiores

para altura de planta, para o número de nós e para a produção de vagens. Em seguida, foram trilhadas individualmente e pesadas, sendo selecionados, no total, 19 genótipos que apresentaram maior produção de grãos, para compor a próxima geração $F_{3:4}$.

As 19 progênies $F_{3:4}$ foram semeadas no dia 18 de fevereiro de 2017 para multiplicação. Cada progênie foi colhida em massa, sem seleção, para serem avaliadas no ensaio preliminar. O esquema com as informações sobre o genealógico modificado está apresentado na Figura 2.

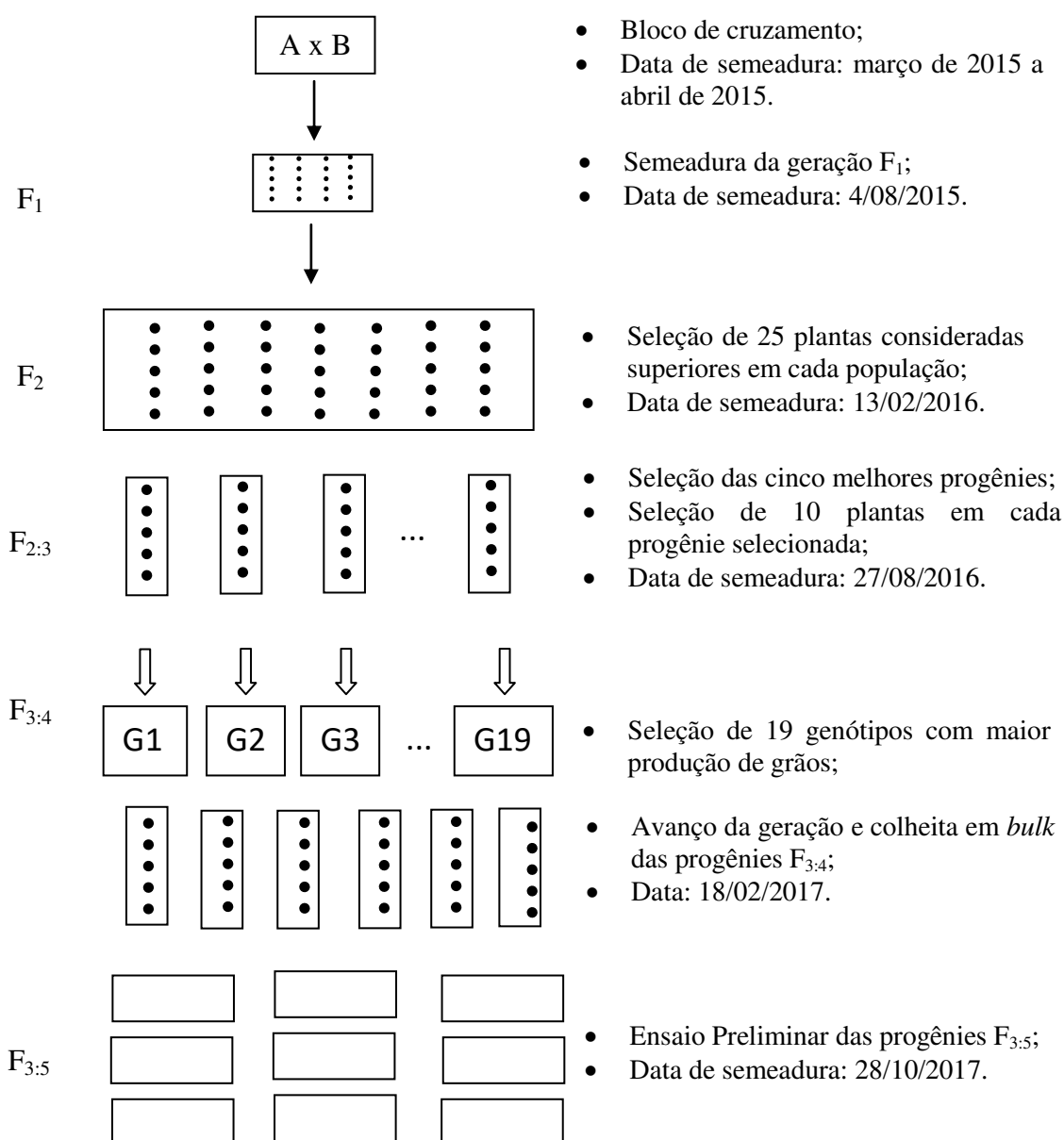


FIGURA 2. Esquema do método genealógico modificado.

2.6. Preparo do solo e da sementeira do ensaio preliminar

O solo foi preparado de maneira convencional com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, realizou-se a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. A adubação de sementeira foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo.

No ensaio preliminar, foram avaliadas 19 progênies de soja na geração F_{3,5} e quatro testemunhas (TMG 4185, UFUS 7910, BRSGO 8660 e TMG 801), semeadas em 28 de outubro de 2017. O delineamento adotado foi em blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela foi composta por quatro linhas de cinco metros e espaçamento de 0,5 m entrelinhas, além disso a densidade de sementeira foi de 15 sementes por metro linear.

As sementes foram previamente tratadas com cobalto, molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Após a sementeira, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. O desbaste foi realizado após 15 dias à emergência, para obter a população desejada de 200.000 plantas ha⁻¹. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias, com aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

2.7. Avaliação das progênies

Em cada parcela, foram analisadas aleatoriamente cinco plantas para os seguintes caracteres, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio R1);

- Altura da planta no florescimento (APF): altura mensurada no início de florescimento (estádio R1) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós da haste principal até o início do florescimento (estádio R1);

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade (estádio R8);

- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o ponto de inserção da primeira vagem;

- Número de nós na maturidade (NNT): número de nós na haste principal até a data da maturidade no (estádio R8);

- Índice de acamamento (RA): o acamamento foi avaliado aos 115 dias após semeadura da soja, atribuindo notas de 1 a 5 (1 – todas as plantas eretas; 2 – algumas plantas inclinadas ou ligeiramente acamadas; 3 – todas as plantas moderadamente inclinadas ou 25 a 50% acamadas; 4 – todas as plantas severamente inclinadas ou 50 a 80% acamadas; e 5 – todas as plantas acamadas);

- Produtividade de grãos kg ha^{-1} (PROD): obtida por meio da colheita área útil de cada parcela (duas linhas centrais) e pesagem dos grãos, após o beneficiamento dos feixes de plantas. Os dados em gramas por parcela foram transformados para kg ha^{-1} , sendo essa produtividade corrigida para a umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

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

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

2.8. Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância conforme o modelo abaixo, adotando-se efeitos fixos para genótipos:

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

Em que:

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

μ : média geral;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

ε_{ij} : erro aleatório.

As médias foram comparadas pelo teste Scot-Knott a 5 % de probabilidade e todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variabilidade genética é o requisito fundamental para realizar a seleção e foi constatada a sua existência entre os genótipos para todos os caracteres avaliados (Tabela 2). Os coeficientes de variação mudaram de 1,4 % (NDM) a 25,5% (AIPV), indicando alta precisão e estão de acordo com os resultados obtidos pelos autores Nogueira et al. (2012), Ferreira Junior et al. (2015) e Leite et al. (2016).

TABELA 2. Resumo da análise de variância para os caracteres agrônômicos de 19 progênies F_{3:5} e quatro testemunhas de soja.

FV	QM								
	NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	IA	PROD
Blocos	38,7	799,8	19,2	3,9	972,2	18,8	21,1	3,1	2837526,1
Genótipos	65,4**	268,8**	2,2**	53,8**	1182,5*	33,2**	17,7**	2,3**	2854831,6**
Resíduo	4,9	76,3	0,9	4,1	534,3	10,8	1,9	0,7	537225,9
Média	54,4	70,1	14	143,2	104,3	12,9	15	2,8	4068,0
CV(%)	4,1	12,5	6,6	1,4	22,16	25,5	7,22	29,6	18,0

**,: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; IA: índice de acamamento; PROD: produtividade (kg ha⁻¹); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; CV (%): coeficiente de variação genético.

O agrupamento das médias pelo teste de Scott Knott ao nível de 5% de significância está apresentado na Tabela 3.

TABELA 3. Médias das progênies F_{3;5} e das testemunhas de soja convencional para caracteres agrônômicos.

Genótipo	NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	NA	PROD
UFUSL1	60,7 a	85,7 a	13,9 a	146,0 b	110,0 a	12,5	18,1 b	2,4 b	3212,3 c
UFUSL2	57,0 b	76,3 a	15,0 a	141,3 c	165,5 a	8,7 b	18,6 b	3,1 a	3921,1 c
UFUSL3	45,3 d	51,3 b	13,5 b	150,0 a	120,8 a	4,7 b	25,9 a	4,7 a	6235,6 a
UFUSL4	58,0 a	80,0 a	14,1 a	144,7 b	108,9 a	13,9	17,7 b	2,7 a	3492,0 c
UFUSL5	55,7 b	64,7 b	13,4 b	141,0 c	88,4 a	18,1	18,0 b	2,5 b	3034,2 c
UFUSL6	59,3 a	75,7 a	14,5 a	146,7 a	96,0 a	8,1 b	19,4 b	3,7 a	5496,3 a
UFUSL7	51,0 c	64,9 b	14,9 a	145,3 b	141,3 a	10,1b	26,0 a	3,5 a	2944,5 c
UFUSL8	54,3 b	59,3 b	14,0 a	144,7 b	86,5 a	16,5	18,0 b	2,0 b	3233,0 c
UFUSL9	58,0 a	75,9 a	14,1 a	148,0 a	105,0 a	14,1	19,1 b	2,1 b	4596,5 b
UFUSL10	62,0 a	83,6 a	15,2 a	143,0 c	102,2 a	11,9	19,5 b	3,1 a	3688,3 c
UFUSL11	56,3 b	73,3 a	15,3 a	139,0 c	106,1 a	14,6	18,7 b	2,9 a	3308,3 c
UFUSL12	58,0 a	74,7 a	13,7 b	148,0 a	105,7 a	16,7	18,5 b	3,0 a	4332,8 b
UFUSL13	53,0 c	59,6 b	12,9 b	144,0 b	90,3 a	16,3	18,0 b	2,0 b	4679,5 b
UFUSL14	58,0 a	76,1 a	15,0 a	139,0 c	101,4 a	14,1	19,0 b	2,4 b	3438,3 c
UFUSL15	58,0 a	76,5 a	14,3 a	139,0 c	113,6 a	9,6 b	18,7 b	3,1 a	3487,2 c
UFUSL16	47,3 d	67,4 b	12,7 b	150,0 a	118,8 a	15,9	20,9 b	3,3 a	5551,7 a
UFUSL17	57,7 a	76,8 a	15,1 a	139,0 c	100,4 a	12,9	19,1 b	4,0 a	5606,0 a
UFUSL18	47,3 d	68,2 b	12,4 b	140,7 c	103,9 a	16,8	18,1 b	4,0 a	4588,0 b
UFUSL19	51,7 c	70,5 a	14,1 a	131,7 d	93,5 a	15,1	18,1 b	2,5 b	4799,1 b
UFUS 7910	54,3 b	66,3 b	14,1 a	144,3 b	97,7 a	13,1	17,9 b	1,4 b	3288,4 c
TMG 801	50,0 c	47,5 b	13,3 b	140,7 c	66,8 a	12,9	15,9 b	1,3 b	4049,1 c
BRSGO	49,7 c	66,4 b	14,5 a	144,0 b	89,1 a	11,9	17,9 b	1,8 b	3884,9 c
TMG 4185	49,3 c	73,3 a	13,0 b	143,7 b	86,7 a	8,1 b	16,5 b	1,8 b	2692,9 c

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scot-Knott ($p \leq 0,05$); NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; IA: índice de acamamento; PROD: produtividade (kg ha⁻¹)

O número de dias para florescimento variou de 45,3 (UFUSL3) a 62,0 dias (UFUSL10) com a formação de quatro grupos homogêneos (Tabela 3). As progênies com período vegetativo tardio apresentaram maior crescimento em altura e maior número de nós no início do florescimento, como a progênie UFUSL1 e UFUSL10, apresentando 85,7

cm e 83,6 cm de altura respectivamente (Tabela 3). Nesse estudo, as progênies avaliadas apresentaram número de dias para florescimento superior a 47 dias, sendo consideradas, portanto, de florescimento tardio. A seleção de genótipos de soja com floração mais tardia e inserção de vagens mais altas podem resultar em plantas mais produtivas, ao passo que a seleção de plantas de floração mais precoce pode dificultar o desenvolvimento de genótipos mais produtivos (OLIVEIRA et al., 2000; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERI, 2010).

O número de dias para maturidade variou de 131 (UFUSL19) a 150 (UFUSL16) (Tabela 3). Alliprandini et al. (2009) avaliaram diferentes cultivares para compreensão dos grupos de maturidade cultivados no Centro-Oeste do Brasil e classificaram as cultivares com ciclo entre 132 a 147 dias como pertencentes aos grupos de maturidade 8.5 e 9.4. Dessa forma, as progênies avaliadas nesse estudo foram consideradas tardias.

A altura de planta na maturidade variou entre 66,8 cm (TMG 801) a 165,0 cm (UFUSL2) (Tabela 3). Esse caráter é importante no desenvolvimento de cultivares, devendo-se preferir aquelas que tenham altura média entre 50 cm a 90 cm para não prejudicar a produtividade de grãos, ocasionada pela colheita mecanizada, devido ao acamamento das plantas (SEDIYAMA et al., 2015). Segundo Silva et al. (2010), a altura ideal deve ser no mínimo 65 cm, porque apresenta efeitos diretos e indiretos na produção de grãos, por estar relacionada ao maior número de nós produzidos.

A altura de inserção da primeira vagem variou de 4,5 cm a 18,1 cm, sendo que as progênies UFUSL15, UFUSL2, UFUSL6 e UFUSL3 apresentaram altura inferior a 10,0 cm, enquanto as demais progênies apresentaram alturas médias entre 10,1 cm a 18,1 cm. De acordo com Sedyama et al. (2015), a altura ideal varia de 10 cm a 15 cm, sendo que a mais adequada está em torno de 15 cm para minimizar as perdas de grãos com a colheita mecanizada. Carvalho et al. (2010) avaliaram 24 cultivares de soja em dois locais e encontraram alturas de inserção da primeira vagem que variaram de 13,0 cm a 36,0 cm, valores superiores aos encontrados nesse estudo.

Para resistência ao acamamento, as progênies apresentaram notas maiores que as testemunhas, indicando que foram mais suscetíveis ao acamamento devido a maior altura de planta na maturidade ter sido superior a 90 cm. As progênies UFUSL7, UFUSL9 e UFUSL13 apresentaram as melhores notas de acamamento, variando de 2,0 a 2,5. Esses genótipos apresentaram entrenós mais curtos e crescimento determinado, contribuindo para maior resistência ao acamamento (Tabela 3).

Nesse estudo, foram identificadas as progênies UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 e UFUSL19 com produtividade de grãos acima de 4200,0 kg ha⁻¹, portanto, foram consideradas superiores aos demais genótipos, com desempenho produtivo superior à testemunha TMG 801, indicando alto potencial produtivo (Tabela 3).

4. CONCLUSÕES

O método genealógico modificado resultou em progênes com produtividades de grãos acima de 5000,0 kg ha⁻¹, indicando que a modificação possibilitou o desenvolvimento de genótipos com alto potencial produtivo.

As progênes UFUSL3, UFUSL9, UFUSL12, UFUSL13, UFUSL16, UFUSL17, UFUSL18 e UFUSL19 foram consideradas superiores aos demais genótipos e indicadas para ensaios de desempenho produtivo.

REFERÊNCIAS

- AKERMAN, A.; MACKEY, J. The breeding of self-fertilized plants by crossyng. In: AKERMAN, A.; TEDIN, O.; FRÖIER, K. (Ed). **Svalöf**, Lund: Carl Bloms Boktryckeri, 1948.
- 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**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009. <https://doi.org/10.2135/cropsci2008.07.0390>
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. (Ed.). Viçosa: UFV, 2017.
- CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 892-899, 2010.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 12 - Safra 2017/18, Décimo segundo levantamento. Brasília, 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/22227_378630c35e68682d6a984ecbd43bfe1d>. Acesso em: 26 out. 2018.
- CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivares de soja da Embrapa**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/produtos-e-mercado/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. (Special Report, 80).
- FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; MAURO, A. O. D. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista de Ciências Agrônômicas**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.
- KANBAR, A.; KATSUHIKO, K.; SHASHIDHAR, H. E. Comparative efficiency of pedigree, modified bulk and single seed descent breeding methods of selection for developing highyielding lines in rice (*Oryza sativa* L.) under aerobic condition. **Electronic Journal of Plant Breeding** [S.I.], v. 2, n. 2, p. 184-193, 2011.

LABORATÓRIO DE CLIMATOLOGIA E METEOROLOGIA AMBIENTAL. **Dados Climatológicos diários**: Fazenda Capim Branco. 2018. Uberlândia: UFU, 2018.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LUPTON, F. G. H. W.; WHITEHOUSE, R. N. H. Studies on the breeding of self-pollinating cereals, 1. Selection methods in breeding for yield. **Euphytica**, Wageningen, v. 6, p. 169-185, 1957. <https://doi.org/10.1007/BF00729886>

MOREIRA, S. O.; SILVA, M. G. M.; RODRIGUES, R.; VIANA, A. P.; PEREIRA, M. G. Métodos de melhoramento e histórico de cultivares de feijoeiro lançadas na CBAB. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 10, n. 4, p. 345-350, 2010.

MILADINOVIC, J.; BURTON, J. W.; BALESEVIC, S. T.; MILADINOVIC, D.; DJORDJEVIC, V.; DJUKIC, V. Soybean breeding: comparison of the efficiency of different selection methods. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, Izmir, v. 35, p. 469-480, 2011.

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**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, A. C. B.; VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, C. S. Herdabilidade e correlações em plantas F2 de soja cultivadas em diferentes condições ambientais. **Acta Scientiarum Agromony**, Maringá, v. 22, n. 4, p. 889-893, 2000.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052012005000024>

PIRES, L. P. M.; PELUZIO, J. M.; CANCELLIER, L. L.; RIBEIRO, G. R.; COLOMBO, G. A.; AFFÉRI, F. S. Desempenho de genótipos de soja, cultivados na região Centro-Sul do estado do Tocantins, safra 2009/2010. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 214-223, 2012.

PONTES JÚNIOR, V. A.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic potential of common bean progenies obtained by different breeding methods evaluated in various environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 3, p. 1-12, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038622>

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. **Cultivares de Soja**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

ROCHA, R. S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100019>

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Características agrônômicas de cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecnas, 2015. p. 73-82.

SILVA, J. B.; LAZARINI, E.; SILVA, A. M.; RECO, P. C. Ensaio comparativo de cultivares de soja em época convencional em Selvíria, MS: características agrônômicas e produtividade. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 5, p. 747-754, 2010.

VALENTINE, J. Accelerated pedigree selection: an alternative to individual plant selection in the normal pedigree breeding method in the self-pollinated cereals. **Euphytica**, Wageningen, v. 33, p. 943-951, 1984. <https://doi.org/10.1007/BF00021925>

CAPÍTULO V

COMPARAÇÃO DE MÉTODOS DE CONDUÇÃO MODIFICADOS *BULK*, DESCENDENTE DE UMA ÚNICA VAGEM E GENEALÓGICO EM SOJA

RESUMO

As comparações entre os métodos de condução de populações segregantes são bastante restritas no Brasil, principalmente para a cultura da soja, sendo que a maioria das informações disponíveis é de outras espécies e não contemplam todos os métodos. Portanto, objetivou-se comparar três métodos de condução modificados de populações segregantes: *bulk*, descendente de uma única vagem e genealógico no desenvolvimento de progênies de soja para produtividade de grãos. O experimento foi realizado na estação experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. As progênies foram obtidas de três populações distintas (UFUS 6901 x Tikuna, UFUS 7415 x Xavante e UFUS Tupi x UFUS Xavante) por meio dos métodos de condução modificados *bulk*, genealógico e descendente de uma única vagem. Para cada população foram selecionadas cinco progênies dentro de cada método de condução de populações segregantes, totalizando 15 progênies F_{4.5}. No total, foram avaliados 45 progênies F_{4.5} e os respectivos genitores em um delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres agrônômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós totais na maturidade e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância em um experimento hierarquizado a partir do modelo que considera o efeito principal de grupos (métodos de condução) e o efeito aninhado de genótipo dentro de cada grupo (método de condução), além da média, do bloco e do erro aleatório. A partir da análise de variância, foi obtida a estimativa variância genotípica (σ_g^2), a herdabilidade (h^2), a média e o coeficiente de variação para produtividade de grãos. O teste de Scott Knott ao nível de 5% de significância foi aplicado nos caracteres ciclo e produtividade de grãos. O progresso genético foi calculado, empregando as médias das progênies e dos parentais, visando comparar o ganho de produtividade nos diferentes métodos de condução para o desenvolvimento de progênies de soja. O desenvolvimento de progênies de soja para produtividade foi influenciado pelo método de condução adotado, apresentando capacidade de produzir genótipos com diferentes potenciais produtivos. Os métodos modificados *bulk* e o descendente de uma única vagem apresentaram o mesmo potencial no desenvolvimento de linhagens de soja.

Palavras-chave: *Glycine max*; seleção; produtividade de grãos.

COMPARISON OF BULK MODIFIED CONDUCTING METHODS, DESCENDANTS OF A SINGLE POD AND PEDIGREE IN SOYBEAN

ABSTRACT

The comparisons between the conducting methods are very restricted in Brazil, mainly for the soybean crop, with most of the available information being of other species and not contemplating all the methods. Therefore, it was aimed to compare the bulk methods of conduction of modified segregant populations, descendants of a single pod and pedigree in the development of soybean progenies for grain productivity. The experiment was carried out at the experimental station of the Soybean Breeding Program, at Fazenda Capim Branco of the Universidade Federal de Uberlândia. Progenies were obtained from three distinct populations (UFUS 6901 x Tikuna, UFUS 7415 x Xavante and UFUS Tupi x UFUS Xavante) by means of bulk modified conducting methods, pedigree and descended from a single pod. For each population, five progenies were selected within each method of conducting segregating populations, totaling 15 F_{4.5} progenies. In total, 45 F_{4.5} progenies and their respective parents were evaluated in a randomized complete block design with three replicates. The agronomic characters evaluated were: number of days for flowering, height of the plant in flowering, number of nodes in flowering, number of days to maturity, height of the plant at maturity, height of insertion of the first pod, number of total nodes at maturity and grain productivity. The data were submitted to analysis of variance in a hierarchical experiment from the model that considers the main effect of groups (conduction methods) and the nested effect of genotype within each group (conduction method), besides the average, the block and random error. From the analysis of variance, the genotypic variance (σ_g^2), heritability (h^2), average and coefficient of variation for grain productivity were obtained. The Scott Knott test at the 5% level of significance was applied in the traits cycle and grain productivity. The genetic progress was calculated using the means of the progenies and the parents, aiming to compare the gain of productivity in the different methods of conduction for the development of soybean progenies. The development of soybean progenies for productivity was influenced by the adopted method of conduction, presenting the capacity to produce genotypes with different productive potentials. The bulk method and the descendant of a single pod presented the same potential in the development of soybean strains.

Keywords: segregating populations; selection; grain productivity.

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento genético de plantas tem contribuído para o sucesso da agricultura na produção de alimentos e, no futuro, sua contribuição será ainda maior para atender a demanda de uma população crescente. No desenvolvimento de novas cultivares, vários métodos podem ser utilizados, dependendo do objetivo do programa e da espécie a ser melhorada.

Na soja, têm sido utilizado para o desenvolvimento de cultivares os métodos de condução, tais como *bulk*, descendentes de uma única semente, descendentes de uma única vagem, genealógico, teste de geração precoce, entre outros (SEDIYAMA et al., 2015). Um dos fatores que afetam a eficiência do processo de melhoramento é a escolha do método de condução. Dependendo do método utilizado, esse pode exercer diferentes pressões de seleção, favorecendo ou não um determinado genótipo. Assim, a escolha deve ser baseada em alguns critérios, como a disponibilidade de recursos, a característica alvo, a manutenção da variabilidade genética ao longo das gerações, os efeitos da seleção natural e a amostragem nas populações segregantes (PONTES JUNIOR et al., 2016).

As informações sobre a eficiência dos métodos de condução ainda são bastante restritas no Brasil, principalmente para a cultura da soja, sendo que a maioria das informações disponíveis são de outras espécies e não contempla todos os métodos. No entanto, pesquisas têm apontado a existência de diferenças significativas entre os métodos utilizados para o desenvolvimento de cultivares, as quais são importantes para auxiliar o melhorista na escolha da melhor estratégia (DESTRO et al., 2003).

Entre os estudos de comparação realizados, Miladinović et al. (2011) concluíram que o método descendente de uma única vagem modificado resultou em linhagens de soja com alta produtividade comparada ao *bulk* e ao genealógico. Funada et al. (2013) também constataram diferenças significativas entre os métodos descendente de uma única semente, descendente de uma única vagem e *bulk* para produtividade de grãos em soja. Outros estudos de comparação têm sido feitos para outras culturas, como feijão (PONTES JUNIOR et al., 2016), arroz (KANBAR; KATSUHIKO; SHASHIDHAR, 2011) e feijão-caupi (MILLAWITHANACHCHI et al., 2016), os quais indicaram diferentes potenciais dos métodos de condução de populações segregantes para o desenvolvimento de novas cultivares.

O desenvolvimento de uma nova cultivar de soja demanda investimentos e tempo para que seja lançada no mercado. Desse modo, é importante que haja estudos que

indiquem a eficiência dos métodos de melhoramento para permitir ao melhorista definir qual é a melhor estratégia a ser adotada e indicar possíveis modificações para reduzir o tempo necessário para seleção de genótipos promissores e, assim, recuperar os recursos investidos ao longo do processo de melhoramento das espécies.

O objetivo desse estudo foi comparar os métodos de condução modificados *bulk*, descendentes de uma única vagem e genealógico para o desenvolvimento de progênies de soja com alta a produtividade de grãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi conduzido em campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG. Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na Figura 1.

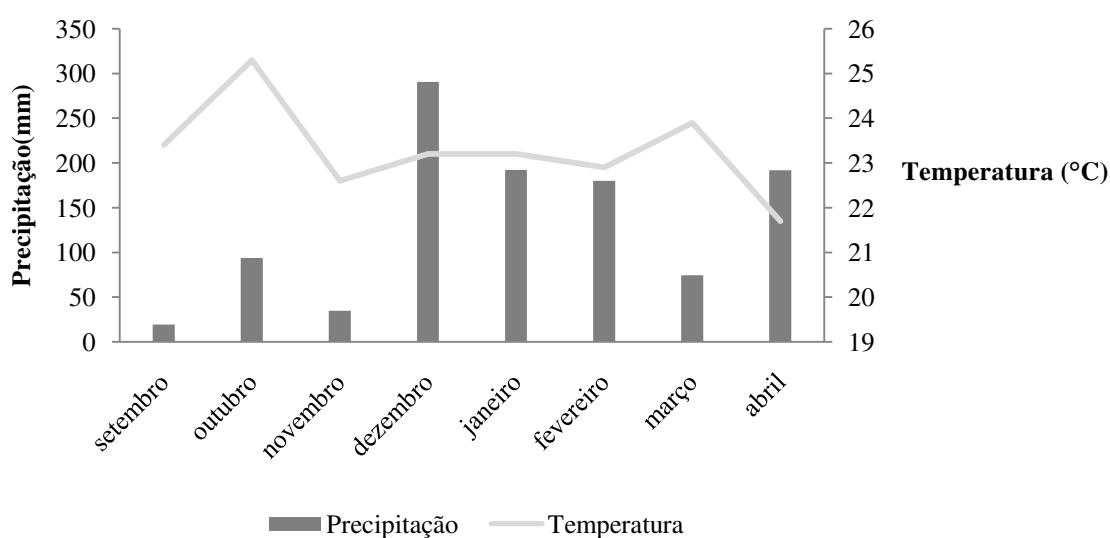


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

2.2. Seleção dos parentais e hibridação

Nesse estudo, foram utilizadas como parentais as cultivares comerciais e as linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, de acordo com a descrição na Tabela 1.

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais nos cruzamentos.

Genótipos	Instituição	GM	Cor de flor	Tipo de crescimento
UFUS Xavante	UFU	8.1	Roxa	Determinado
UFUS 7415	UFU	7.4	Roxa	Semideterminado
UFUS Tikuna	UFU	8.4	Roxa	Determinado
UFUS Tupi	UFU	7.4	Branca	Determinado
UFUS 6901	UFU	6.8	Branca	Indeterminado

GM: grupo de maturação. Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU.

Os blocos de cruzamentos foram semeados no período março de 2015 a abril de 2015 de forma escalonada, em um intervalo de quatro dias, visando viabilizar a sincronia do florescimento das cultivares. A semeadura foi realizada em vasos plásticos de 3,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica) e realizou-se a adubação, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ NPK da formulação 4-30-16. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes para cada genitor e, de acordo com a escala de desenvolvimento proposto por Fehr e Caviness (1977), foi realizado o desbaste no estágio V1 (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas), mantendo-se duas plantas por vaso. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual e o controle de doenças e de pragas foi realizado semanalmente com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹/ volume de calda, 200,0 L ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹/ volume de calda, 200,0 L ha⁻¹).

Nesse estudo, foram obtidas três combinações híbridas (UFUS 7415 x UFUS Xavante, UFUS Tupi x UFUS Xavante e UFUS 6901 x UFUS Tikuna), cada uma com 15 sementes F₁, as quais foram semeadas em casa de vegetação no dia 4 de agosto de 2015, para a obtenção da geração F₂.

O sucesso da hibridação foi verificado, na geração F₁, por meio da presença de pigmentação antociânica no hipocótilo das plântulas e, durante a segregação da geração F₂, pela altura de planta e pela cor de pubescência. As plantas resultantes de autofecundação (hipocótilo verde) e não-segregantes foram eliminadas.

2.3. Preparo do solo e dos tratos culturais durante o avanço de gerações

O solo foi preparado de maneira convencional com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A adubação de semeadura foi

realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16, com o posterior revolvimento do adubo com o solo. As sementes foram previamente tratadas com cobalto, molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080.

Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e o herbicida pré-emergente (S-Metolaclo, 3,0 L ha⁻¹) foi aplicado para controle de plantas infestantes. Periodicamente, realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor, a cada três dias, durante o ciclo da soja. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

2.4. Obtenção das progênies

As populações segregantes (UFUS 7415 x UFUS Xavante, UFUS Tupi x UFUS Xavante e UFUS 6901 x UFUS Tikuna) foram conduzidas pelos métodos modificados *bulk*, genealógico e descendente de uma única vagem (*Single Pod Descent* – SPD) até a geração F₄.

2.4.1. Método descendente de única vagem modificado

No método descendente de uma única vagem modificado foi proposta a semeadura fora da época convencional de cultivo para realizar a seleção fenotípica de plantas como variação do método tradicional, em que a seleção é praticada na época recomendada.

Em cada planta F₂ da população segregante, foi colhida uma vagem, as quais foram agrupadas e trilhadas em conjunto. As sementes, assim obtidas, foram utilizadas para semeadura da geração F₃. O procedimento foi realizado novamente nas plantas F₃ para a obtenção da geração F₄.

Na geração F₄, foi realizada a seleção fenotípica das 50 melhores plantas com maior número de nós e de vagens. Após serem trilhadas e pesadas, cinco plantas, que apresentaram maior produção de grãos, foram selecionadas para serem utilizadas no ensaio de comparação de métodos de condução. O esquema com as informações sobre o método descendente de uma única vagem modificado está apresentado na Figura 2.

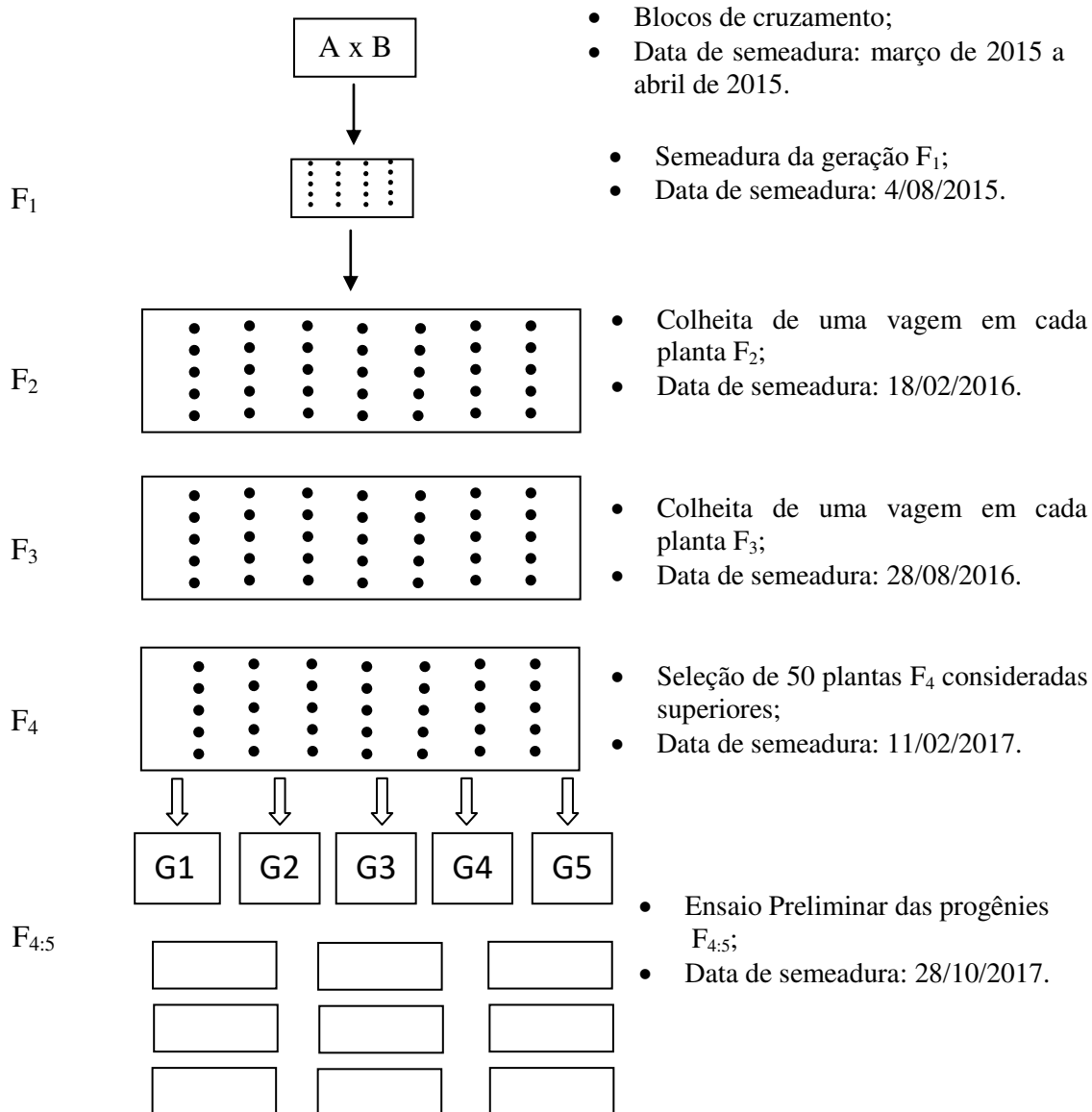


FIGURA 2. Esquema do método descendente de uma única vagem modificado.

2.4.2. Método *bulk* modificado

No método *bulk* modificado, a semeadura fora da época convencional de cultivo para realizar a seleção fenotípica de plantas foi proposta como variação do método tradicional, em que a seleção é praticada na época recomendada.

Na população F₂, as plantas foram colhidas em *bulk* e trilhadas em conjunto. Uma amostra equivalente a 20% da massa total de sementes foi retirada para compor a geração F₃. As sementes foram semeadas e colhidas novamente em massa. Em seguida uma amostra de 10% da massa total de sementes foi retirada para ser semeada.

Na geração F₄, foi adotado o procedimento realizado no método SPD (*Single Pod Descent*), para a seleção de cinco genótipos em cada população, os quais foram utilizados no ensaio de comparação. O esquema com as informações sobre o método *bulk* modificado está apresentado na Figura 3.

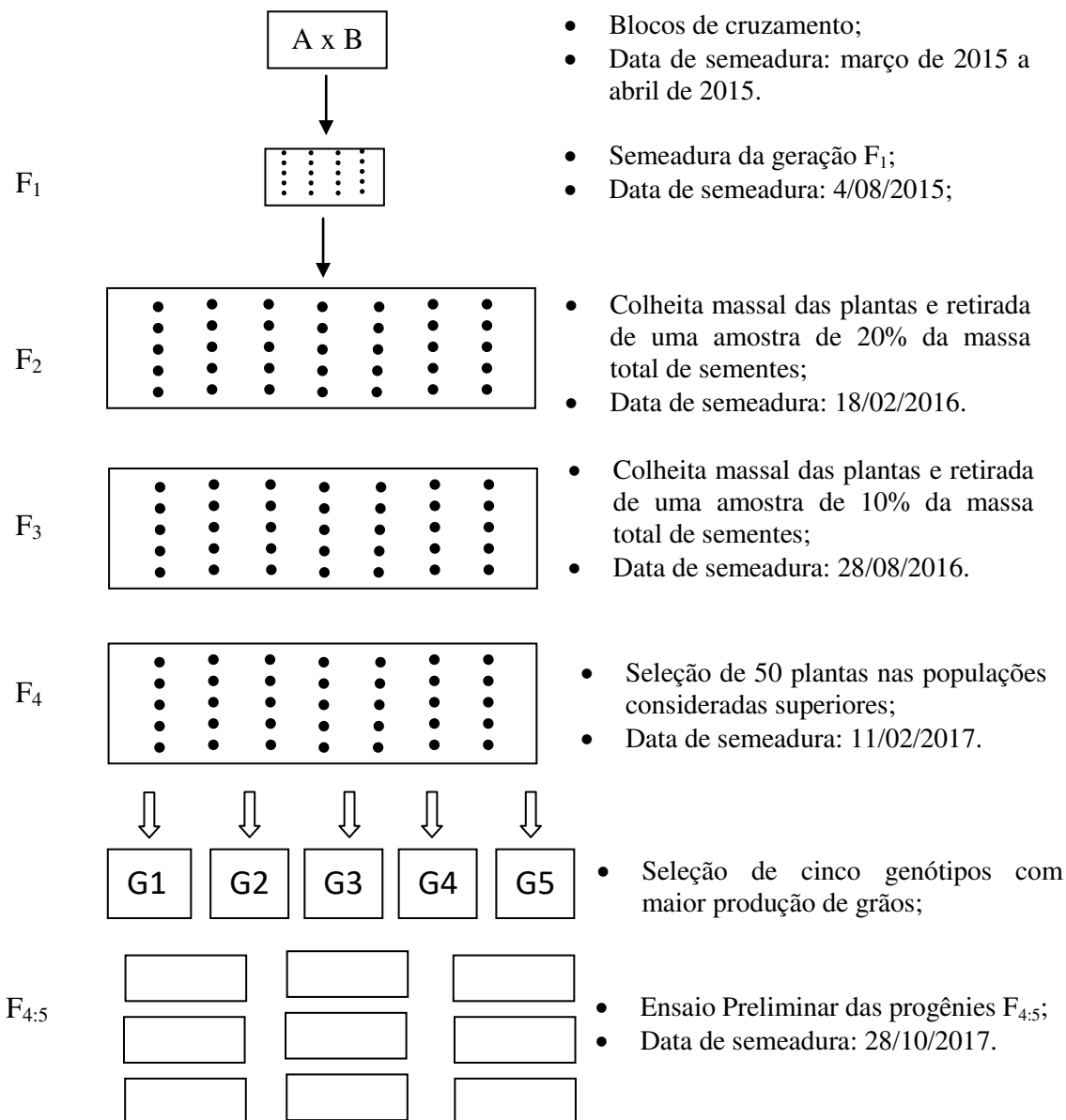


FIGURA 3. Esquema do método *bulk* modificado.

2.4.3. Método genealógico modificado

No método genealógico modificado, a semeadura fora da época convencional de cultivo para realizar o avanço de gerações e seleção fenotípica de plantas foi proposta como variação do método tradicional, em que o cultivo e a seleção são praticados na época recomendada.

Na população F_2 , foi realizada a seleção fenotípica de 25 plantas que apresentaram maior número de nós e de vagens, as quais foram trilhadas individualmente e, posteriormente, semeadas em linhas. Na geração $F_{2:3}$, foram selecionadas as cinco melhores progênies e, dentro delas, as cinco melhores plantas (maior produção de vagens), resultando na seleção de 25 novos genótipos.

As 25 progênies $F_{3:4}$ foram semeadas em linhas individuais, selecionando as cinco melhores e, dentro delas, foi realizada a seleção fenotípica de 10 plantas com maior número de vagens. Essas foram trilhadas e pesadas, selecionando cinco genótipos que apresentaram maior produção de grãos para serem utilizadas no ensaio de comparação de métodos de condução. O esquema com as informações sobre o genealógico modificado está apresentado na Figura 4.

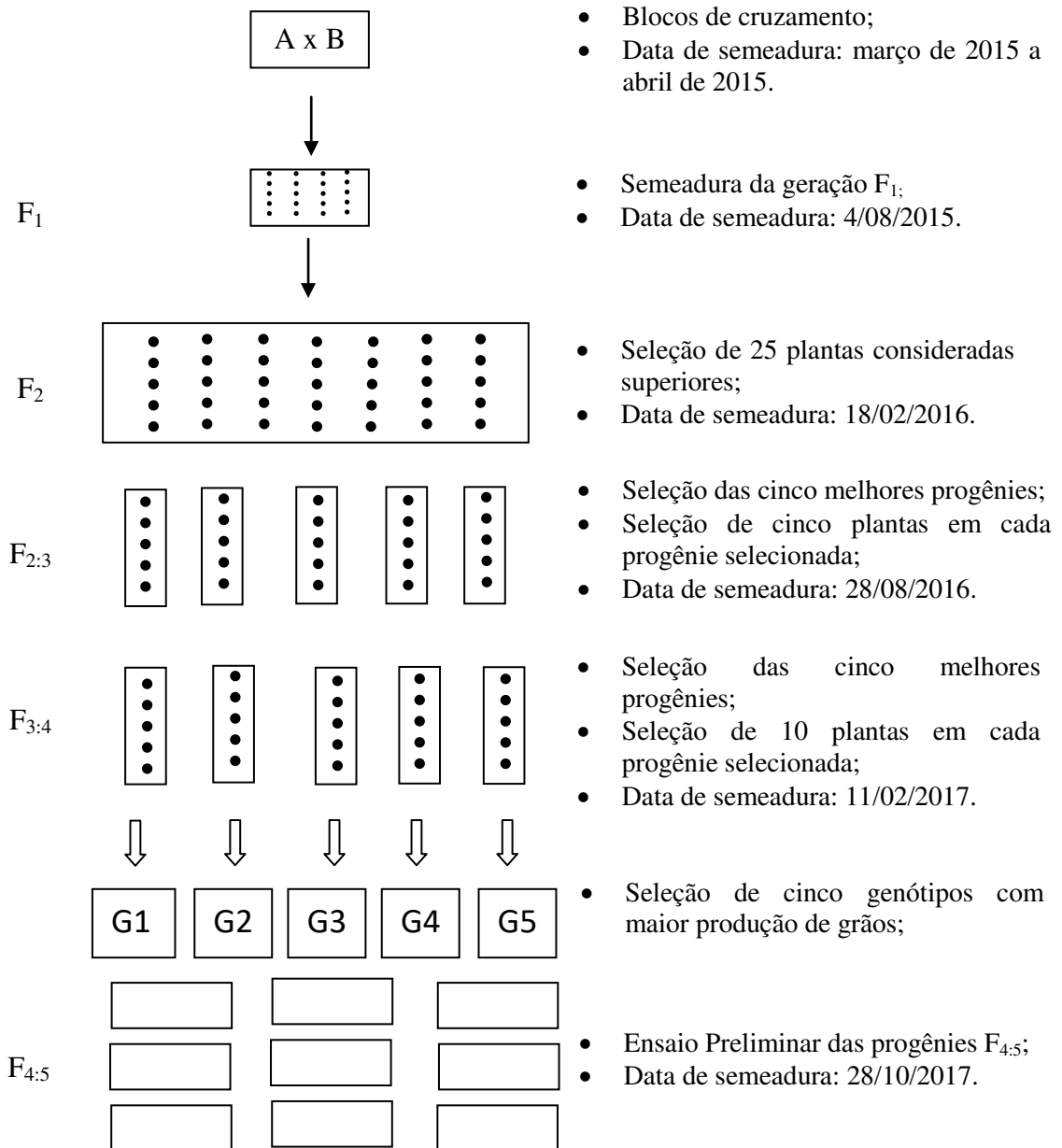


FIGURA 4. Esquema do método genealógico modificado.

2.5. Preparo do solo e semeadura das progênes

O solo foi preparado de maneira convencional com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora), em seguida foi feita a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. A adubação de semeadura foi realizada no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo.

Nesse experimento, foram avaliadas 45 progênies de soja na geração F_{4:5} obtidas em três populações por meio de três métodos de condução (*bulk*, genealógico e SPD) e os respectivos parentais (Tabela 2). O experimento foi realizado em um delineamento hierárquico com blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 1,5 metros e espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A densidade de semeadura foi de 15 sementes por metro linear e as progênies foram semeadas em 26 de outubro de 2017.

TABELA 2. Quantidade de progênies selecionadas nas populações segregantes para cada método de condução.

Cruzamento	<i>Bulk</i>	SPD	Genealógico
UFUS 6901 x UFUS Tikuna	5	5	5
UFUS 7415 X UFUS Xavante	5	5	5
UFUS Tupi x UFUS Xavante	5	5	5

As sementes foram previamente tratadas com cobalto e molibdênio, com fungicida (Carbendazim e Tiram) e, em seguida, inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Após 15 dias da emergência, foi realizado o desbaste para obter a população desejada de 200.000 plantas ha⁻¹.

O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

2.6. Avaliação das progênies

Em cada parcela foram analisadas cinco plantas selecionadas aleatoriamente e analisadas para os seguintes caracteres, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura propostos por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio R1);
- Altura da planta no florescimento (APF): altura mensurada no início de florescimento (estádio R1) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós da haste principal até o início do florescimento (estádio R1);

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade (estádio R8);

- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

- Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o ponto de inserção da primeira vagem;

- Número de nós na maturidade (NNT): número de nós na haste principal até a data da maturidade (estádio R8);

- Produtividade de grãos kg ha^{-1} (PROD): obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos após o beneficiamento dos feixes de plantas. Os dados foram transformados para kg ha^{-1} , sendo essa produtividade corrigida para a umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

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

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

2.7. Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância em um experimento hierarquizado, a partir do modelo que considera o efeito principal de grupos (métodos de condução) e o efeito aninhado de genótipo dentro de cada grupo (método de condução), além da média, bloco e erro aleatório, de acordo com a equação abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + A_i + G/A_{ij} + B_k + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : observação da parcela k-ésimo bloco, referente ao genótipo j-ésimo dentro do i-ésimo grupo;

μ : média geral;

A_i = efeito fixo do i-ésimo grupo ($i = 1, 2, \dots, a$);

G/A_{ij} : efeito fixo do j-ésimo genótipo dentro do i-ésimo grupo ($j = 1, 2, \dots, g_i$);

B_k : efeito aleatório do k-ésimo bloco ($k = 1, 2, \dots, r$);

ε_{ijk} : erro aleatório.

A partir dessa análise, foram obtidas a variância genotípica (σ_g^2), a herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), o coeficiente de variação experimental (CV) e a média para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) para as populações dentro de cada método de condução.

As médias de ciclo e as produtividades das progênies foram comparadas pelo teste de agrupamento de Scott Knott ao nível de 5% de significância. O progresso genético (PG) foi calculado empregando as médias das progênies e dos parentais dado pela seguinte fórmula:

$$\text{PG} = \text{Média da Progênie} - \text{Média do Parental}$$

As análises estatísticas foram realizadas por meio do Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No cruzamento UFUS 6901 x UFUS Tikuna, foi verificada a existência de variabilidade genética entre as progênes para os caracteres avaliados. Observou-se que houve efeitos significativos para grupos em todos os caracteres agronômicos avaliados, ou seja, existem diferenças entre os métodos de condução. Pelo desdobramento da interação genótipo dentro de grupo, verificou-se que existem diferenças significativas para as interações entre genótipos dentro dos métodos de condução *bulk*, genealógico e descendente de uma única vagem (SPD), indicando que o método influencia na obtenção de progênes de soja, principalmente para produtividade de grãos (Tabela 3).

TABELA 3. Resumo da análise de variância das progênes de soja do cruzamento entre UFUS 6901 x UFUS Tikuna.

FV	QM								
	GL	NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	PROD
Blocos	2	0,5	123,3	0,6	12,0	46,1	151,8	8,3	1058217,8
Trat.	14	60,8**	478,6**	4,4*	226,0**	1147,7**	76,4**	30,5**	1668888,1**
Grupos	2	198,5**	2400,1**	9,6*	527,0**	4973,4**	213,4**	87,1**	848216,3**
Gen/Gr	12	37,9**	158,3 ^{ns}	3,5 ^{ns}	175,8**	510,0*	53,5**	21,1*	1805666,8**
Gen/Gr ₁	4	34,2**	181,9 ^{ns}	5,3*	460,4**	237,2 ^{ns}	5,8 ^{ns}	22,8 ^{ns}	1241695,4**
Gen/Gr ₂	4	1,9 ^{ns}	16,4 ^{ns}	0,4 ^{ns}	2,4 ^{ns}	497,4*	59,0*	10,8 ^{ns}	1650159,6**
Gen/Gr ₃	4	77,4**	276,6 ^{ns}	4,7 ^{ns}	1646,9**	795,4**	95,8**	29,8*	2525145,3**
Resíduo	28	7,3	107,3	1,8	8,7	180,7	15,8	9,9	133343,4
Média		52,1	66,8	14,0	141,4	120,1	17,1	24,9	3608,2

** , * : significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}: não significativo; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; Trat: tratamentos; Grupos: métodos de condução; Gen/Gr: interação genótipos dentro de grupos; Gen/Gr₁: interação genótipos dentro do grupo 1 (método *bulk*); Gen/Gr₂: interação genótipos dentro do grupo 2 (método genealógico); Gen/Gr₃: interação genótipos dentro do grupo 3 (método SPD).

No cruzamento UFUS 7415 X UFUS Xavante notou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos, exceto no caráter número de dias para florescimento. Efeitos significativos foram observados para grupos (métodos de condução) em todos os caracteres avaliados. Ademais, interações de genótipos dentro de grupos significativos foram verificadas principalmente para produtividade, indicando que existem

diferenças na seleção de progênes entre os métodos de condução de populações segregantes (Tabela 4).

TABELA 4. Resumo da análise de variância das progênes de soja do cruzamento entre UFUS 7415 x UFUS Xavante.

FV	GL	QM							
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	PROD
Blocos	2	7,8	18,8	22,2	45,4	98,5	24,3	1,1	441541,4
Trat.	14	125,9 ^{**}	442,9 ^{**}	18,1 ^{ns}	290,8 ^{**}	822,4 ^{**}	24,9 [*]	18,5 ^{**}	4266553,8 ^{**}
Grupos	2	84,4 ^{**}	510,7 ^{**}	6,8 ^{ns}	304,4 ^{**}	72,9 ^{ns}	96,2 ^{**}	11,0 ^{**}	7724124,7 ^{**}
Gen/Gr	12	132,8 ^{**}	431,6 ^{**}	20,0 ^{ns}	288,5 ^{**}	947,4 ^{**}	13,0 ^{ns}	19,7 ^{**}	3690292,0 ^{**}
Gen/Gr ₁	1	103,1 ^{**}	264,6 [*]	4,4 ^{ns}	248,2 ^{**}	1364,4 ^{**}	2,9 ^{ns}	29,1 ^{**}	2030125,2 ^{**}
Gen/Gr ₂	2	189,1 ^{**}	442,9 ^{**}	11,6 ^{ns}	460,0 ^{**}	673,9 [*]	25,2 ^{ns}	12,9 ^{**}	5183727,9 ^{**}
Gen/Gr ₃	3	106,1 ^{**}	587,4 ^{**}	43,9 ^{ns}	157,3 ^{**}	803,8 [*]	10,9 ^{ns}	17,1 ^{**}	3857022,8 ^{**}
Resíduo	28	12,1	78,6	16,6	37,3	208,0	11,8	2,0	359206,7
Média		53,5	69,6	14,2	136,0	97,0	15,8	18,1	3887,4

^{**}, ^{*}: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}: não significativo; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; Trat: tratamentos; Grupos: métodos de condução; Gen/Gr: interação genótipos dentro de grupos; Gen/Gr₁: interação genótipos dentro do grupo 1 (método *bulk*); Gen/Gr₂: interação genótipos dentro do grupo 2 (método genealógico); Gen/Gr₃: interação genótipos dentro do grupo 3 (método SPD).

Nas progênes do cruzamento UFUS Tupi x UFUS Xavante, observou-se a existência de variabilidade genética apenas para número de dias para maturidade e para produtividade de grãos. Efeitos de grupos (métodos de condução) foram significativos apenas para altura de planta no florescimento, número de dias para maturidade e produtividade de grãos (Tabela 5).

TABELA 5. Análise de variância das progênies e dos genitores de soja do cruzamento entre UFUS Tupi x UFUS Xavante.

FV	GL	QM							
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	PROD
Blocos	2	7,6	338,8	0,5	5,8	362,9	49,1	29,6	326376,3
Trat.	14	13,8 ^{ns}	68,3 ^{ns}	1,2 ^{ns}	33,3 ^{**}	119,5 ^{ns}	23,0 ^{ns}	25,3 ^{ns}	3744506,3 ^{**}
Grupos	2	5,4 ^{ns}	184,0 [*]	0,8 ^{ns}	131,8 ^{**}	530,6 ^{**}	35,1 ^{ns}	29,6 ^{ns}	3249565,8 ^{**}
Gen/Gr	12	15,2 ^{ns}	49,0 ^{ns}	1,3 ^{ns}	16,8 ^{**}	51,0 ^{ns}	21,0 ^{ns}	24,6 ^{ns}	3826996,4 ^{**}
Gen/Gr1	4	22,4 ^{ns}	63,8 ^{ns}	2,4 ^{ns}	38,8 ^{**}	26,9 ^{ns}	31,2 ^{ns}	70,5 ^{ns}	6505047,1 ^{**}
Gen/Gr2	4	5,6 ^{ns}	38,8 ^{ns}	0,3 ^{ns}	1,7 ^{ns}	96,6 ^{ns}	28,1 ^{ns}	0,6 ^{ns}	3380485,1 ^{**}
Gen/Gr3	4	17,6 ^{ns}	44,4 ^{ns}	1,3 ^{ns}	10,0 ^{ns}	29,6 ^{ns}	3,8 ^{ns}	2,8 ^{ns}	1595457,1 ^{**}
Resíduo	28	9,5	49,8	0,9	4,1	63,3	20,3	27,7	273253,8
Média		58,2	71,7	14,4	145,0	98,6	14,0	19,4	4697,7

^{**}, ^{*}: significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F; ^{ns}: não significativo; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; Trat: tratamentos; Grupos: métodos de condução; Gen/Gr: interação genótipos dentro de grupos; Gen/Gr₁: interação genótipos dentro do grupo 1 (método *bulk*); Gen/Gr₂: interação genótipos dentro do grupo 2 (método genealógico); Gen/Gr₃: interação genótipos dentro do grupo 3 (método SPD).

A interação genótipo dentro de grupos foi significativa apenas para produtividade de grãos, indicando houve influência dos métodos de condução (*bulk*, genealógico e SPD) no desenvolvimento e na seleção das progênies para este caráter. Em relação aos outros caracteres, não se observou interação, exceto para número de dias para maturação no método *bulk* (Tabela 5).

As estimativas dos parâmetros genéticos para produtividade das progênies de soja obtidas pelos métodos *bulk*, genealógico e SPD estão representadas na Tabela 6. Percebeu-se que as estimativas de variância genotípicas para o caráter produtividade não apresentaram concordância entre as populações segregantes, mostrando diferentes magnitudes entre os métodos avaliados.

TABELA 6. Estimativas de variância genética herdabilidade (h^2), do coeficiente de variação experimental CV (%) e da média para o caráter produtividade de grãos (kg ha^{-1}) para progênies de soja, desenvolvidas pelos métodos *bulk*, genealógico e SPD (*single seed descent*).

UFUS 6901 x UFUS Tikuna				
Método	σ^2_g	h^2	Média	CV (%)
<i>Bulk</i>	369450,7	89,3	3860,2	9,5
Genealógico	505605,4	91,9	3387,7	10,8
SPD	797267,3	94,7	3576,8	10,2
UFUS 7415 x UFUS Xavante				
Método	σ^2_g	h^2	Média	CV (%)
<i>Bulk</i>	556972,8	82,3	4571,6	13,1
Genealógico	1608173,7	93,1	3140,5	19,1
SPD	1165938,7	90,7	3950,2	15,2
UFUS Tupi x UFUS Xavante				
Método	σ^2_g	h^2	Média	CV (%)
<i>Bulk</i>	2077264,4	95,8	4286,3	12,2
Genealógico	1035743,7	91,9	5202,9	10,0
SPD	440734,4	82,9	4603,9	11,4

Uma das formas de comparação dos métodos de condução é a conservação da variabilidade genética até o momento em que serão realizadas as avaliações com repetição (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000). Os autores avaliaram diferentes famílias de feijão obtidas pelos métodos *bulk*, genealógico e SSD e concluíram que a variância genética no método SSD foi maior e, conseqüentemente, a herdabilidade. No caso dos métodos *bulk* e genealógico, a variabilidade tende a diminuir devido aos efeitos de amostragem e seleção de plantas.

Neste estudo, identificou-se que a estimativa de variância genética foi maior no método SPD apenas para o cruzamento UFUS 6901 x UFUS Tikuna. Nos demais, as estimativas foram maiores no método *bulk* (UFUS Tupi X UFUS Xavante) e no genealógico (UFUS 7415 x UFUS Xavante) (Tabela 6).

A herdabilidade no sentido amplo para produtividade foi de alta magnitude, variando de 82,3% a 95,8% entre as populações segregantes (Tabela 6). Bizari et al. (2017), avaliando linhagens F_5 de soja, encontraram 71,31% de herdabilidade, indicando que os resultados obtidos neste trabalho corroboram com os dos autores.

As médias de produtividade foram maiores no método *bulk* nos cruzamentos UFUS 6901 x UFUS Tikuna e UFUS 7415 x UFUS Xavante, com médias de 3862,6 kg ha⁻¹ e 4571,6 kg ha⁻¹ respectivamente. O genealógico apresentou a maior média no cruzamento UFUS Tupi x UFUS Xavante (Tabela 6).

O coeficiente de variação variou de 9,5% a 19,1% indicando alta precisão do experimento (Tabela 6). Os resultados obtidos neste trabalho estão de acordo com Cantelli et al. (2016) e Bizari et al. (2017), os quais verificaram estimativas de CV (%) de 21,66% e 21,24%, respectivamente, para o caráter produtividade.

A comparação da produtividade de grãos e o ciclo das progênes de soja entre os métodos *bulk*, genealógico e SPD do cruzamento UFUS 6901 x UFUS Tikuna estão apresentados na Tabela 7.

TABELA 7. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênes de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS 6901 e UFUS Tikuna.

Genótipo	Método	NDM	Prod	PG/UFUS 6901	PG/UFUS Tikuna
UFUS01B1	<i>Bulk</i>	141 b	2729,0 c	-56,0	-2745,0
UFUS01B2	<i>Bulk</i>	143 b	4149,0 b	1364,0	-1325,0
UFUS01B3	<i>Bulk</i>	148 b	3986,0 b	1201,0	-1487,0
UFUS01B4	<i>Bulk</i>	140 b	4314,0 b	1529,0	-1160,0
UFUS01B5	<i>Bulk</i>	131 c	4124,0 b	1339,0	-1350,0
UFUS01G1	Genealógico	148 a	3202,0 c	417,0	-2272,0
UFUS01G2	Genealógico	148 a	4596,0 b	1811,0	-878,0
UFUS01G3	Genealógico	147 a	2707,0 c	-77,0	-2766,0
UFUS01G4	Genealógico	148 a	2913,0 c	129,0	-2560,0
UFUS01G5	Genealógico	148 a	3519,0 c	734,0	-1955,0
UFUS01S1	SPD	141 b	3046,0 c	261,0	-2428,0
UFUS01S2	SPD	124 d	5213,0 a	2428,0	-261,0
UFUS01S3	SPD	123 d	3210,0 c	426,0	-2263,0
UFUS01S4	SPD	144 b	3191,0 c	406,0	-2283,0
UFUS01S5	SPD	148 a	3224,0 c	439,0	-2249,0
	<i>Bulk</i>	140,6 A	3860,2 B		
Média Geral	Genealógico	147,8 A	3387,7 A		
	SPD	136,2 A	3576,8 B		
UFUS 6901	Parental	106	2785,0		
UFUS Tikuna	Parental	148	5474,0		

Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scot-Knott ($p < 0,05$); Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na vertical não diferem estatisticamente pelo teste Tukey ($p < 0,05$); NDM: número de dias para maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha⁻¹); PG: progresso genético; SPD: *Single Pod Descent*.

As progênies com menores ciclos foram observados no método SPD nos genótipos UFUS01S2 e UFUS01S3, com 124 e 123 dias, respectivamente. Os programas de melhoramento têm dado preferência ao desenvolvimento de novas cultivares de soja para aquelas com maior precocidade e produtividade, visando o cultivo de milho ou outra cultura na segunda safra. Desta forma, a progênie UFUS01S2 foi considerada a melhor progênie entre os genótipos selecionados (Tabela 7).

No método *bulk*, observou-se maior número de progênies que apresentaram produtividades superiores a 4000,0 kg ha⁻¹ (Tabela 7). No método genealógico, a produtividade variou 2707,0 kg ha⁻¹ (UFUS01G1) a 4596,0 kg ha⁻¹ (UFUS01G3) e no SPD de 3046,0 kg ha⁻¹ (UFUS01S1) a 5213,0 kg ha⁻¹ (UFUS01S2) (Tabela 7).

O progresso genético das progênies em relação ao parental UFUS 6901 indicou ganhos em produtividade, enquanto para UFUS Tikuna não se verificou ganhos. No entanto, é importante ressaltar que o desempenho de uma progênie está diretamente relacionado à média dos seus genitores, assim, parentais com altas médias de produtividade tendem a produzir genótipos mais produtivos e vice-versa. Portanto, devido à baixa produtividade de grãos apresentada pelo parental UFUS 6901, o cruzamento com UFUS Tikuna não resultou em progênies produtivas que superassem o melhor genitor.

Os métodos *bulk* e SPD não apresentaram diferenças entre si, indicando o mesmo potencial para o desenvolvimento de progênies de soja. Em relação ao método genealógico, esse foi demonstrado ser significativamente diferente dos outros dois métodos de condução.

No cruzamento UFUS 7415 x UFUS Xavante, notou-se a formação de três grupos homogêneos para ciclo e produtividade de grãos. As progênies desenvolvidas pelo método *bulk* apresentaram as maiores produtividades em relação aos outros métodos, variando de 3359,0 a 5546 kg ha⁻¹ (Tabela 8).

TABELA 8. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênies de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS 7415 e UFUS Xavante.

Genótipo	Método	NDM	PROD	PG/UFUS 7415	PG/UFUS Xavante
UFUS02B1	<i>Bulk</i>	141 ^a	3359,0 b	871,0	-287,0
UFUS02B2	<i>Bulk</i>	145 a	5054,0 a	2567,0	1408,0
UFUS02B3	<i>Bulk</i>	124 b	5546,0 a	3058,0	1900,0
UFUS02B4	<i>Bulk</i>	146 a	4340,0 a	1852,0	694,0
UFUS02B5	<i>Bulk</i>	143 a	4559,0 a	2072,0	913,0
UFUS02G1	Genealógico	128 b	2007,0 c	-481,0	-1639,0
UFUS02G2	Genealógico	114 c	5168,0 a	2680,0	1522,0
UFUS02G3	Genealógico	137 a	2146,0 c	-342,0	-1500,0
UFUS02G4	Genealógico	129 b	2680,0 c	192,0	-966,0
UFUS02G5	Genealógico	148 a	3702,0 b	1215,0	56,0
UFUS02S1	SPD	139 a	3860,0 b	1372,0	214,0
UFUS02S2	SPD	130 b	3272,0 b	785,0	-374,0
UFUS02S3	SPD	140 a	4746,0 a	2258,0	1100,0
UFUS02S4	SPD	148 a	2515,0 c	27,0	-1131,0
UFUS02S5	SPD	131 b	5358,0 a	2870,0	1712,0
	<i>Bulk</i>	139,8 A	4571,6 A		
Média Geral	Genealógico	131,2 A	3140,5 B		
	SPD	137,6 A	3950,2 AB		
UFUS 7415	Parental	120	2488,0		
UFUS Xavante	Parental	148	3646,0		

Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scot-Knott ($p < 0,05$); Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na vertical não diferem estatisticamente pelo teste Tukey ($p < 0,05$); NDM: número de dias para maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha^{-1}); PG: progresso genético; SPD: *Single Pod Descent*.

No método genealógico, a progênie UFUS03G3 se destacou com produtividade de $5168,0 \text{ kg ha}^{-1}$ e ciclo de 114 dias, os demais genótipos apresentaram produtividades menores, inclusive com progresso genético negativo. No SPD, a progênie UFUS03S5 se mostrou mais produtivo com produtividade de $5358,0 \text{ kg ha}^{-1}$ e ciclo de 131 dias (Tabela 8).

Todas as progênies avaliadas apresentaram aumentos de produtividade de grãos em relação à média da cultivar UFUS 7415, exceto as progênies UFUS03G1 e UFUS03G3. Considerando o progresso genético em relação ao parental UFUS Xavante, apenas o método *bulk*, apresentou maior ganho em produtividade comparado aos métodos genealógico e SPD (Tabela 8).

Os métodos *bulk* e SPD não apresentaram diferenças entre si, indicando que apresentam o mesmo potencial para o desenvolvimento de progênies de soja. Em relação ao método genealógico, este foi demonstrado ser significativamente diferente ao método *bulk*.

No cruzamento UFUS Tupi x UFUS Xavante, notou-se a formação de dois grupos para número de dias para maturação e três grupos homogêneos para produtividade de grãos (Tabela 9).

TABELA 9. Comparação do ciclo e do progresso genético das progênies de soja para produtividade de grãos em relação aos genitores UFUS Tupi e UFUS Xavante.

Genótipo	Método	NDM	PROD	PG/UFUS Tupi	PG/UFUS Xavante
UFUS03B1	<i>Bulk</i>	151 a	2977,0 c	-1645,0	-669,0
UFUS03B2	<i>Bulk</i>	148 a	5963,0 a	1341,0	2317,0
UFUS03B3	<i>Bulk</i>	143 b	5811,0 a	1189,0	2165,0
UFUS03B4	<i>Bulk</i>	143 b	3461,0 c	-1161,0	-185,0
UFUS03B5	<i>Bulk</i>	149 a	3218,0 c	-1404,0	-428,0
UFUS03G1	Genealógico	141 b	5360,0 a	738,0	1714,0
UFUS03G2	Genealógico	142 b	5697,0 a	1075,0	2051,0
UFUS03G3	Genealógico	142 b	3336,0 c	-1286,0	-310,0
UFUS03G4	Genealógico	141 b	5724,0 a	1102,0	2078,0
UFUS03G5	Genealógico	142 b	5897,0 a	1275,0	2251,0
UFUS03S1	SPD	145 a	3939,0 b	-683,0	293,0
UFUS03S2	SPD	148 a	4290,0 b	-332,0	644,0
UFUS03S3	SPD	145 a	4559,0 b	-64,0	913,0
UFUS03S4	SPD	148 a	4388,0 b	-234,0	742,0
UFUS03S5	SPD	148 a	5844,0 a	1222,0	2198,0
	<i>Bulk</i>	146,8 A	4286,3 C		
Média Geral	Genealógico	141,6 B	5202,9 A		
	SPD	146,8 A	4603,9 B		
UFUS TUPI	Parental	144	4622,0		
UFUS Xavante	Parental	148	3646,0		

Médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scot-Knott ($p < 0,05$); Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na vertical não diferem estatisticamente pelo teste Tukey ($p < 0,05$); NDM: número de dias para maturidade; PROD: produtividade de grãos (kg ha^{-1}); PG: progresso genético; SPD: *Single Pod Descent*.

A produtividade das progênies no método genealógico variou de 3336,0 a 5897,0 kg ha^{-1} e no SPD de 3939,0 a 5844,0 kg ha^{-1} . Estes dois métodos apresentaram o maior número de progênies com produtividades superiores a 4000,0 kg ha^{-1} (Tabela 9).

Neste cruzamento, observou-se que ambos os métodos *bulk*, genealógico e SPD foram significativamente diferentes, indicando que cada método de condução apresenta potenciais diferentes para o desenvolvimento de progênies de soja e apenas o método genealógico apresentou progresso genético positivo e superior para ambos os parentais em relação aos demais métodos de condução (Tabela 9).

As progênies selecionadas pelo método *bulk*, nas populações dos cruzamentos UFUS 6901 x UFUS Tikuna (Tabela 7) e UFUS 7415 x UFUS Xavante apresentaram maior número de progênies produtivas dentre os métodos analisados, com produtividades superiores a 4000 kg ha⁻¹ (Tabela 7, 8 e 9). De acordo com Miladinović et al. (2011), a seleção natural pode favorecer ganhos genéticos para produtividade de grãos dos genótipos nas populações desenvolvidas pelo método *bulk*. Ademais, o princípio deste método de condução baseia-se na associação da capacidade de competição dos indivíduos e na produtividade em uma população heterogênea, assim, indivíduos que produzem mais sementes apresentam maior capacidade de deixarem descendentes (SEDIYAMA et al., 2015).

Funada et al. (2013) afirmaram que os métodos *bulk*, SPD e genealógico apresentaram o mesmo potencial no desenvolvimento de progênies, sendo que o critério de seleção baseia-se na exequibilidade do método. Os resultados dos autores indicaram o uso dos métodos SPD ou *bulk* no desenvolvimento de progênies de soja. Outros, como Miladinović et al. (2011), evidenciaram que os maiores ganhos genéticos para produtividade de grãos foram obtidas nas progênies desenvolvidas pelo método genealógico, enquanto altas médias foram encontradas em populações desenvolvidas pelo método SSD. Segundo os autores, uma das possíveis explicações seria a diferença de variabilidade genética entre as populações desenvolvidas pelos distintos métodos de condução. Nesse estudo, verificou-se que o método *bulk* foi considerado melhor para o desenvolvimento das populações e seleção de genótipos mais produtivos.

4. CONCLUSÕES

O desenvolvimento de progênies de soja para produtividade foi influenciado pelo método de condução adotado, apresentando capacidade de produzir genótipos com diferentes potenciais produtivos.

O método *bulk* e o descendente de uma única vagem apresentaram o mesmo potencial para o desenvolvimento de linhagens de soja, comparados com o genealógico, por apresentarem maior número de linhagens produtivas em relação aos parentais.

REFERÊNCIAS

- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- 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 83 divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, p. 1-12, 2016.
- CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p.547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: UFV, 2012.
- DESTRO, D, BIZETI, H. S.; GARCIAL, L. A.; FONSECA, I. C. B.; MONTALVÁN, R.; MIGLIORANZA, É. Comparison between the SPD and the SPDS methods for segregating generation advancement in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v. 46, n. 4, p. 545-551, 2003. <https://doi.org/10.1590/S1516-89132003000400008>
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. (Special Report, 80).
- FUNADA, M.; HELMS, T. C.; HAMMOND, J. J.; HOSSAIN, K.; DOETKOTT, C. Single-seed descent, single-pod, and bulk sampling methods for soybean. **Euphytica**, Wageningen, v. 192, n. 2, p. 217-226, 2013. <https://doi.org/10.1007/s10681-012-0837-3>
- KANBAR, A.; KATSUHIKO, K.; SHASHIDHAR, H.E. Comparative efficiency of pedigree, modified bulk and single seed descent breeding methods of selection for developing highyielding lines in rice (*Oryza sativa* L.) under aerobic condition. **Electronic Journal of Plant Breeding**, Coimbatore, v. 2, n. 2, p. 184-193, 2011.
- LABORATÓRIO DE CLIMATOLOGIA E METEOROLOGIA AMBIENTAL. **Dados Climatológicos diários**: Fazenda Capim Branco. 2018. Uberlândia: UFU, 2018.
- MILADONOVIC, J.; BURTON, J. W.; BALESEVIC TUBIC, S.; MILADINOVIC, D.; DJORDJEVIC, V.; DJUKIC, V. Soybean breeding: comparison of the efficiency of different selection methods. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, Izmir, v. 35, p. 469-480, 2011.
- MILLAWITHANACHCHI, M. C.; SUMANASINGHE, V. A.; BENTOTA, A. P.; SAMARANAYAKE, B. N.; PRATHAPASINGHE, N. T. A comparison between farmers' and breeders' varietal selection for cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) improvement. **Tropical Agricultural Research [S.I.]**, v. 27, n. 3, p. 229-240, 2016.

PEREIRA, H. S.; ALMEIDA, V. M.; MELO, L. C.; WENDLAND, A.; FARIA, L. C.; DEL PELOSO, M. J.; MAGALDI, M. C. S. Influência do ambiente em cultivares de feijoeiro-comum em cerrado com baixa altitude. **Bragantia**, Campinas, v. 71, n. 2, p. 165-172, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052012005000024>

PONTES JÚNIOR, V. A.; MELO, P. G. S.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. Genetic potential of common bean progenies obtained by different breeding methods evaluated in various environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 3, p.1-12, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038622>

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. **Cultivares de soja**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, 2000. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001000010>

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. In: Desenvolvimento de cultivares. SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015. p. 83-102.

CAPÍTULO VI

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA

RESUMO

O progresso genético obtido ao longo do processo é resultado da seleção de indivíduos considerados superiores para um ou mais caracteres de interesse agrônômico. A possibilidade de se estimar os ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção permite orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento. O objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes estratégias para seleção de progênies de soja para caracteres agrônômicos. O experimento foi realizado na estação experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliadas 33 progênies $F_{4,5}$, obtidas pelo método descendente de uma única vagem, em delineamento de blocos casualizados, com três repetições. Os caracteres agrônômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de nós no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós totais na maturidade e produtividade de grãos. Os dados foram submetidos à análise de variância para verificar a existência de variabilidade genética. A seleção e a predição de ganhos foram realizadas por meio da seleção direta e dos índices de seleção, tais como: soma de ranks, multiplicativo e distância do genótipo-ideótipo. De acordo com os resultados obtidos, a seleção direta para produtividade de grãos foi considerada uma boa estratégia, devido ao alto ganho para este caráter. A melhor estratégia de seleção foi o índice de distância genótipo-ideótipo, o qual apresentou ganhos melhor distribuição de ganhos entre os caracteres.

Palavras-chave: caracteres agrônômicos; índices de seleção; melhoramento.

SELECTION STRATEGIES OF SOYBEANS PROGENIES

ABSTRACT

The genetic progress obtained throughout the process is the result of the selection of individuals considered superior to one or more characters of agronomic interest. The possibility of estimating the gains to be obtained by a selection strategy allows a more effective orientation of the breeding program. The objective of this work was to evaluate different selection strategies of soybean progenies for agronomic traits. The experiment was carried out at the Experimental Station of the Soybean Breeding Program, at Fazenda Capim Branco of the Universidade Federal de Uberlândia. A total of 33 F_{4:5} progenies, obtained by the descendant of a single pod method, in a randomized complete block design with three replicates were evaluated. The agronomic characters evaluated were: number of days for flowering, height of the plant in flowering, number of nodes in flowering, number of days to maturity, height of the plant at maturity, height of insertion of the first pod, number of total nodes at maturity and grain productivity. Data were submitted to analysis of variance to verify the existence of genetic variability. The selection and prediction of gains were made through direct selection and selection indexes, such as: sum of ranks, multiplicative and distance of the genotype-ideotype. According to the results obtained, the direct selection for grain productivity was considered a good strategy, due to the high gain for this character. The best selection strategy was the genotype-ideotype distance index, which presented a better distribution of gains among the characters.

Keywords: agronomic characters; selection indexes; breeding

1. INTRODUÇÃO

O progresso genético obtido ao longo do processo de melhoramento é resultado da seleção de indivíduos considerados superiores para um ou mais caracteres de interesse agrônômico. A possibilidade de se estimar os ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção permite orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, predizendo o sucesso do esquema de seleção adotado e determinando, além de informar quais as estratégias podem ser mais eficazes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Desse modo, os indivíduos selecionados devem reunir, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento e para satisfazer as exigências do mercado (LEITE et al., 2016).

No melhoramento genético da cultura da soja, o processo de seleção é complexo e altamente influenciado pelo ambiente. Um dos principais métodos utilizados tem sido a seleção direta. No entanto, a seleção de genótipos baseada em apenas uma única característica pode resultar em indivíduos superiores para um caráter e com desempenho pouco favorável a outros, diminuindo o sucesso do melhoramento. Uma das alternativas para facilitar esse processo é a utilização de índices de seleção, um caráter adicional estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres, os quais permitem realizar a seleção de genótipos baseados em múltiplos caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os índices de seleção têm sido utilizados com sucesso nos programas de melhoramento para seleção de genótipos em várias culturas, como a soja (SOARES et al., 2015), o feijão (MAZIERO et al., 2015) e a cana-de-açúcar (ALMEIDA et al., 2014). Bizari et al. (2017) compararam diferentes estratégias de seleção na predição de ganhos para progênies F_5 de soja e concluíram que o índice de soma de ranks proporcionou os maiores ganhos para produtividade e para outros caracteres. Segundo Bárbaro et al. (2007), o uso de índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que proporciona ganhos maiores e distribuídos entre os caracteres avaliados, situação mais adequada aos programas de melhoramento.

Portanto, o estudo de estratégias de seleção em soja é importante, visando a obtenção da melhor predição de ganhos e a eficiência no processo de seleção para desenvolvimento de cultivares com alto potencial produtivo e que apresentam um conjunto de caracteres desejáveis. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes métodos de seleção e identificar a estratégia mais eficiente na seleção de progênies de soja.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

O experimento foi conduzido em campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG. Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na Figura 1.

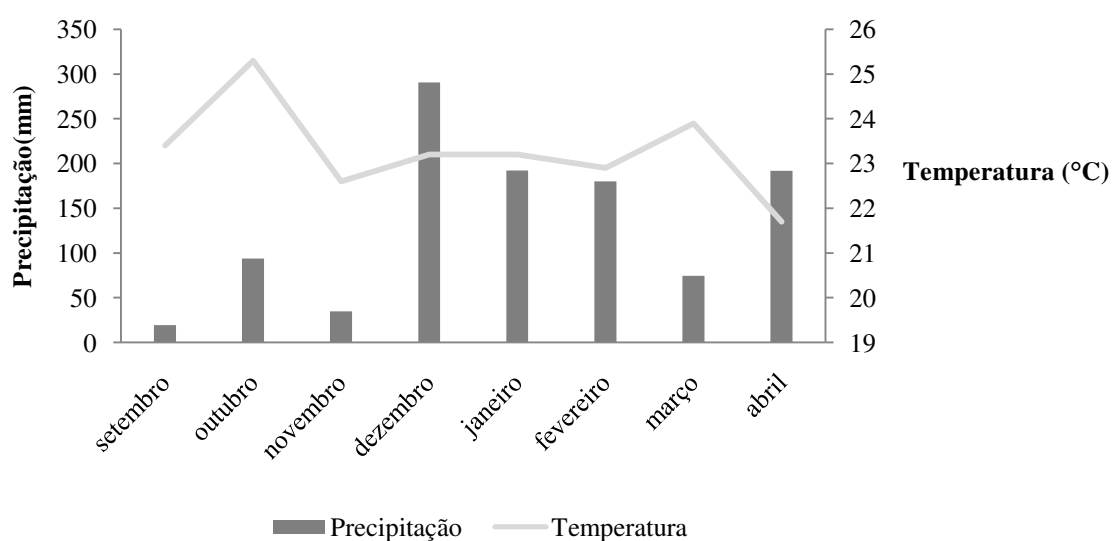


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de setembro de 2017 a abril de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

2.2. Seleção dos parentais

Nesse estudo, foram utilizados como parentais as cultivares comerciais e as linhagens desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia e Embrapa de acordo com a descrição da Tabela 1.

TABELA 1. Descrição dos genótipos utilizados como parentais.

Genótipos	Instituição	GM	Cor de flor	Tipo de crescimento
UFUS 7910	UFU	8.1	Roxa	Determinado
UFUS Tikuna	UFU	8.4	Roxa	Determinado
UFUS Mineira	UFU	[S.I.]	Roxa	Determinado
UFUS Tupi	UFU	7.4	Branca	Determinado
UFUS 6901	UFU	6.8	Branca	Indeterminado
BRS 68 Vencedora	EMBRAPA	8.0	Roxa	Determinado

[S.I]: sem informação; GM: grupo de maturação. Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA.

2.3. Híbridaçã

Os blocos de cruzamento foram semeados no período de março de 2015 a abril de 2015 de forma escalonada, em um intervalo de quatro dias, visando à sincronia do florescimento das cultivares. A semeadura foi realizada em vasos plásticos de 3,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica) e a adubação de semeadura foi realizada aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ NPK da formulação 4-30-16. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes para cada genótipo e, de acordo com a escala de desenvolvimento proposto por Fehr e Caviness (1977), foi realizado o desbaste no estágio V1 (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas), mantendo-se duas plantas. Periodicamente, realizaram-se irrigações duas vezes ao dia de forma manual e o controle de doenças e de pragas foi feito semanalmente com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

Nesse estudo, foram obtidas quatro combinações híbridas e as sementes F₁ foram semeadas em casa de vegetação no dia 4 de agosto de 2015 para a obtenção da geração F₂. A semeadura e os tratos culturais foram realizados de acordo com o procedimento adotado para implantação dos blocos de cruzamento.

O sucesso da hibridação foi verificado, na geração F₁, por meio da presença de pigmentação antociânica no hipocótilo das plântulas e, durante a segregação da geração F₂, para altura de planta, pela cor de pubescência (marrom e cinza) e pelo ciclo. As plantas resultantes de autofecundação (hipocótilo verde) e não-segregantes foram eliminadas.

2.4. Preparo do solo e tratos culturais durante avanço de gerações

O solo foi preparado de maneira convencional, com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após o preparo, foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entrelinhas. A adubação de semeadura foi feita no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo. As sementes foram previamente tratadas com cobalto, molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080.

Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-METOLACLORO, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Periodicamente, realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor durante o ciclo da soja, a cada três dias. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹).

2.5. Método descendente de uma única vagem modificado.

No método descendente de uma única vagem modificado, foi proposta a semeadura fora da época convencional de cultivo para realizar a seleção fenotípica de plantas como variação do método tradicional, em que a seleção é praticada na época recomendada.

As populações segregantes F₂ foram semeadas no campo, no dia 13 de fevereiro de 2016. No final do ciclo (estádio R8), foram colhidas uma vagem de três sementes de cada planta, as quais foram agrupadas e trilhadas em conjunto para constituir a próxima geração. A geração F₃ foi semeada em 28 de agosto de 2016, repedindo-se o procedimento adotado em F₂.

As sementes F₄ foram semeadas em 11 de fevereiro de 2017 e, no estágio R8, foi realizada a seleção fenotípica de 30 plantas com maior número de nós e de vagens em cada população. Após serem trilhadas e pesadas, 33 genótipos que apresentaram maior produção de grãos foram selecionados para serem analisadas na geração F_{4.5}. O esquema com as informações sobre o método descendente de uma única vagem modificado está apresentado na Figura 2.

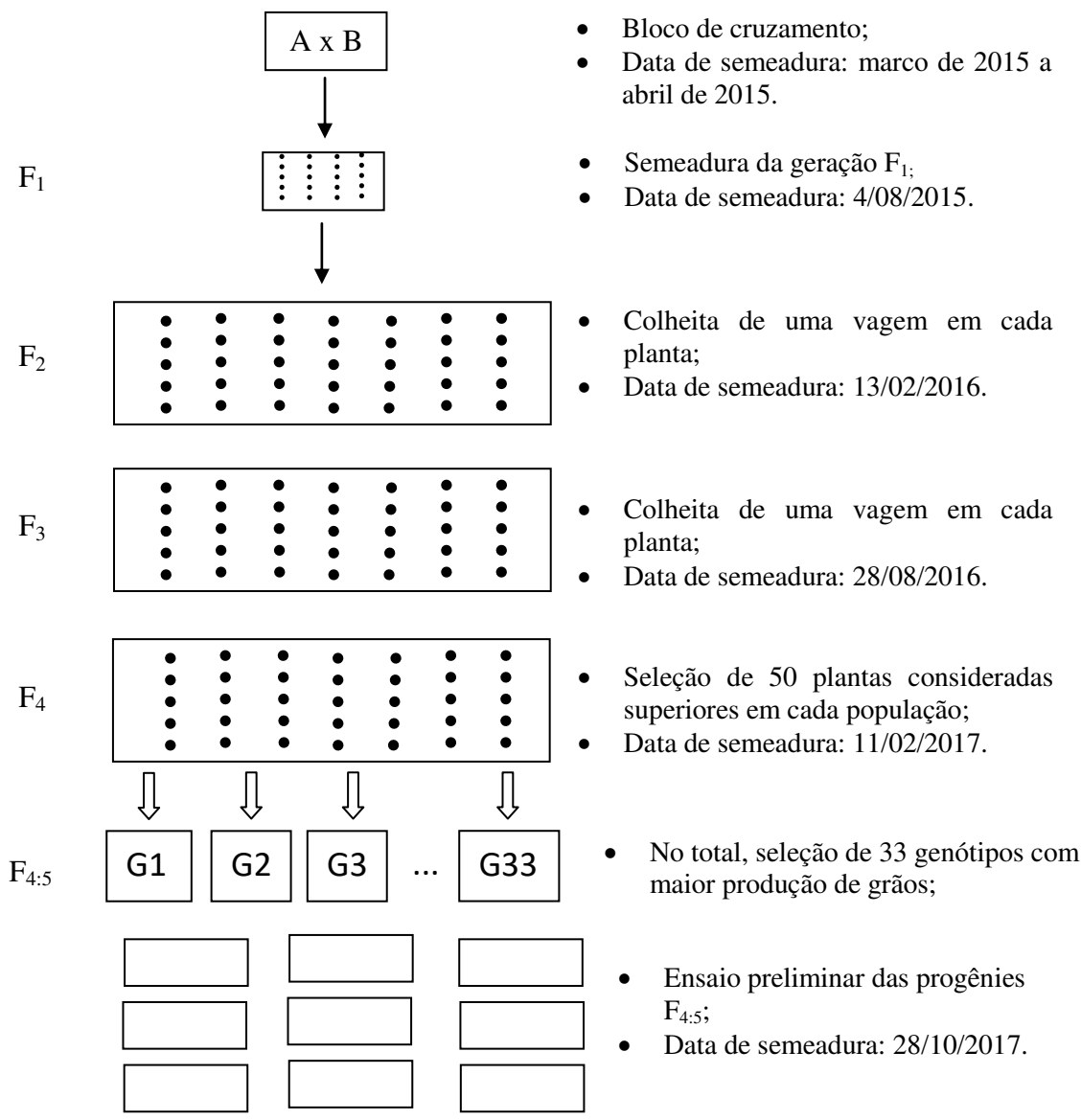


FIGURA 2. Esquema do método descendente de uma única vagem modificado.

2.6. Semeadura das progênies

Foram avaliadas 33 progênies de soja na geração F_{4:5}, semeadas em 28 de outubro de 2017. O delineamento adotado foi em blocos casualizados, com três repetições. Cada parcela consistiu de uma linha de 1,5 metros de comprimento, espaçamento de 0,5 m entrelinhas e densidade de semeadura de 15 sementes por metro linear. A adubação de semeadura foi feita no sulco, aplicando o equivalente a 400,0 kg ha⁻¹ de NPK da formulação 4-30-16 e posterior revolvimento no solo.

As sementes foram previamente tratadas com cobalto e molibdênio, fungicida (Carbendazim e Tiram) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Após 15 dias da emergência, foi realizado o desbaste para obter a população desejada de 200.000 plantas ha⁻¹. O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 15 dias com a aplicação de fungicida (Mancozebe, 3 kg ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200 mL ha⁻¹).

2.7. Avaliação das progênies

Em cada parcela, cinco plantas selecionadas aleatoriamente foram analisadas para os seguintes caracteres, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura propostos por Fehr e Caviness (1977):

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio R1);
- Altura da planta no florescimento (APF): altura mensurada no início de florescimento (estádio R1) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;
- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós da haste principal até o início do florescimento (estádio R1);
- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade (estádio R8);
- Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;
- Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): altura mensurada na maturidade (estádio R8) – medindo-se a distância do colo da planta até o ponto de inserção da primeira vagem em centímetros;
- Número de nós na maturidade (NNT): número de nós na haste principal até a data da maturidade (estádio R8);
- Produtividade de grãos kg ha⁻¹ (PROD): obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e da pesagem dos grãos, após o beneficiamento dos feixes de plantas. Os

dados em gramas por parcela foram transformados para kg ha⁻¹, sendo essa produtividade corrigida para a unidade de 13%, conforme a equação abaixo:

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

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

2.8. Análise estatística

Os dados foram submetidos à análise de variância utilizando o teste F, ao nível de 1% de probabilidade, para verificação de variabilidade genética entre os genótipos.

Para a seleção e a predição dos ganhos, foram utilizadas as seguintes estratégias: seleção direta, índices de soma de ranks (MULAMBA; MOCK 1978), índice da distância do genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006) e índice multiplicativo (SUBANDI et al., 1973). O peso econômico empregado nos índices de seleção foi o coeficiente de variação genético, conforme proposto por Cruz (1990) e estabelecido a partir dos próprios dados experimentais. O sentido de seleção adotado para os caracteres foram no sentido de acréscimo, exceto para NDM e AIPV em sentido de decréscimo.

Todas as análises estatísticas foram realizadas por meio do Programa Genes (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a existência de variabilidade genética para os caracteres avaliados ao nível de 1% de significância pelo teste F, indicando a possibilidade de seleção de progênies superiores (Tabela 2).

TABELA 2. Resumo da análise de variância, da estimativa de média, dos coeficientes de variação e da herdabilidade para caracteres agronômicos de progênies de soja convencionais.

FV	GL	QM							
		NDF	APF	NNF	NDM	APM	AIPV	NNT	PROD
Blocos	2	7,2	231,8	0,3	60,4	218,8	25,0	2,0	648024,9
Genótipo	40	118,7**	338,2**	6,2**	477,5**	390,6**	41,2**	7,0**	4399777,9**
Resíduo	80	5,5	64,4	1,1	14,2	114,8	13,5	1,2	477625,7
Média		53,2	64,9	13,5	135,3	93,3	16,5	18,1	4175,4
CV(%)		4,4	12,4	7,7	2,8	11,5	22,3	6,1	16,5
h ²		95,4	81,0	82,6	97,0	70,6	67,2	82,5	89,1
CV _g		11,5	14,7	9,7	9,2	10,3	18,4	7,6	27,4
CV _g /CV _e		2,6	1,2	1,3	3,3	0,9	0,8	1,3	1,7

** : significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; PROD: produtividade (kg ha⁻¹); FV: fonte de variação; QM: quadrado médio; CV (%): coeficiente de variação experimental; h²: herdabilidade no sentido amplo; CV_g: coeficiente de variação genético; CV_g/CV_e: quociente do coeficiente de variação genético/experimental.

O coeficiente de variação experimental oscilou de 4,4% (NDF) a 22,3% (AIPV), indicando alta precisão experimental (Tabela 2). Cantelli et al. (2016) analisaram a diversidade genética de linhagens de soja e encontraram valores de coeficiente de variação que alteram de 1,35% para número de dias para florescimento a 21,66% para produtividade. Nogueira et al. (2012) avaliaram 90 genótipos de soja em duas épocas de semeadura e encontraram valores entre de 2,51 (NDM) a 29,19 % altura da (AIPV). Ademais, as estimativas de CV (%) observados nesse estudo para altura de inserção de primeira vagem (22,3%) e para produtividade de grãos (16,5%) foram inferiores aos obtidos por esses autores, o qual indica melhor precisão.

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo oscilaram de 67,2% (AIPV) a 97,0 % (NDM) (Tabela 2). Leite et al. (2016) avaliaram linhagens F₈ de soja encontraram estimativas de 94,0%, 85,0%, 84,0% e 81,0% para NDF, APM, AIPV e NNT, respectivamente, e Zhang et al. (2015) verificaram valores de herdabilidade de 95,6%

(NDF) 94,2% (NDM) e 82,8% (APM), corroborando com os resultados obtidos nesse trabalho.

O CV_g é um parâmetro que possibilita analisar a variabilidade genética existente entre os genótipos. Nesse estudo, as estimativas variaram de 7,6% (NNT) a 27,4% (PROD), indicando a existência de variabilidade genética para os caracteres avaliados (Tabela 2). Leite et al. (2016) observaram uma variação de 10,08% para número de nós a 24,76% para número de vagens, corroborando com os valores observados.

A razão de CV_g/CV_e é outro parâmetro indicador de situação favorável para na seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Segundo os autores, quando o quociente estimado for maior ou igual a 1, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais e pode ser empregada como um índice indicativo do grau da facilidade de seleção dos genótipos para cada caráter. Essa condição foi verificada nos caracteres avaliados, exceto para APM e AIPV (Tabela 2).

As estimativas de ganho de seleção para os caracteres agronômicos e produtividade estão apresentadas na Tabela 3. Observou-se, que a seleção direta para número de dias para florescimento proporcionou o maior ganho indireto para produtividade de grãos (21,8%). Em conformidade com Almeida, Peluzio e Afferri (2010), a seleção de plantas com florescimento tardio resultam em genótipos mais produtivos, uma vez que apresentam maiores altura de planta e número de nós, os quais contribuem para a produtividade de grãos.

TABELA 3. Estimativa de ganhos por meio da seleção direta (SD), do índice de soma de ranks (ISR), da distância genótipo-ideótipo (IDGI) e do multiplicativo (IM) em caracteres agronômicos.

GI	SD								ISR	IDGI	IM
	NDF	APF	NNF	NDM	APM	ISPV	NNT	PROD			
NDF	9,8	8,5	7,3	-12,3	0,2	6,3	3,2	6,4	8,0	7,4	5,6
APF	8,6	10,9	7,2	-10,8	5,2	9,0	5,3	6,5	9,7	9,3	5,4
NNF	5,2	5,0	6,8	-5,6	1,0	5,5	3,4	4,1	5,5	5,7	3,4
NDM	7,1	6,4	7,9	-10,8	0,9	5,4	2,9	5,7	6,1	5,2	5,2
APM	1,5	2,9	1,8	-0,8	7,0	1,8	4,1	-0,1	1,5	2,3	-0,7
ISPV	-7,9	-12,7	-12,3	12,5	-5,4	-17,7	-8,3	-12,4	-14,7	-13,9	-11,2
NNT	1,4	1,0	2,5	-0,1	3,0	1,1	4,3	0,2	1,5	2,2	-0,1
PROD	21,8	16,1	12,9	-21,0	2,1	16,0	13,5	34,1	28,7	28,2	30,9
GS (%)	47,5	38,1	34,1	-48,9	14,0	27,5	28,2	44,5	46,5	46,3	38,4

Progênieis selecionadas

SD PROD: UFUSM 4, UFUSM 2, UFUSM 10, UFUSM 32, UFUSM 3, UFUSM 30, UFUSM 12, UFUSM 29, UFUSM 7 e UFUSM 16.

ISR: UFUSM 32, UFUSM 30, UFUSM 10, UFUSM 4, UFUSM 29, UFUSM 3, UFUSM 7, UFUSM 33, UFUSM 2 e UFUSM 9.

IM: UFUSM 32, UFUSM 30, UFUSM 10, UFUSM 4, UFUSM 29, UFUSM 3, UFUSM 2, UFUSM 1, UFUSM 33 e UFUSM 7.

IDGI: UFUSM 2, UFUSM 10, UFUSM 4, UFUSM 3, UFUSM 30, UFUSM 29, UFUSM 7, UFUSM 12, UFUSM 8 e UFUSM 16.

NDF: número de dias para florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; PROD: produtividade (kg ha⁻¹).

A seleção direta sobre número de dias para maturidade resultou em ganho negativo indireto sobre a produtividade de -21,0%, indicando que a seleção de genótipos precoces resulta em genótipos pouco produtivos. Em relação à altura de planta na maturidade, observaram-se menores ganhos indiretos em todos os caracteres avaliados, principalmente para a produtividade com valor de 2,1% (Tabela 3). Bizari et al. (2017) indicaram que a seleção direta sobre NDM e APM resultaram em menores ganhos indiretos entre os caracteres, o que corrobora com os resultados obtidos neste estudo.

Os maiores ganhos de seleção foram observados quando foi praticada diretamente sobre NDF (9,8%), APF (10,9%), NNF (6,8%) e PROD (34,1%) (Tabela 3). Costa et al. (2004) e Bizari et al. (2017) verificaram maiores ganhos na seleção direta para a

produtividade de grãos com 5,54% e 34,58%, respectivamente, em relação a outros caracteres.

O índice de soma de ranks apresentou o maior ganho total (53,5%) comparado as outras estratégias e ganho de 28,7% para produtividade de grãos (Tabela 3). Para o índice multiplicativo, foi observado menor ganho para produtividade com 28,2% e maiores ganhos para os outros caracteres (Tabela 3). Bizari et al. (2017) perceberam que o ganhos de seleção obtidos pelo índice soma de ranks foram superiores aos métodos propostos por Smith (1936) e Hazel (1943), Willians (1962) e Pesek e Beker (1969).

Nesse estudo, o índice de distância do genótipo-ideótipo resultou no maior ganho de seleção para produtividade de grãos com 30,9 % e menores ganhos para os demais caracteres (Tabela 3). No entanto, os ganhos observados nesse método foram melhores distribuídos, indicando ser um bom índice de seleção de progênies de soja.

As progênies UFUSM 2, UFUSM 3, UFUSM 4, UFUSM 7 UFUSM 10, UFUSM 29 e UFUSM 30 foram selecionadas em todas as estratégias, indicando potencial para serem utilizadas no ensaio preliminar de linhagens.

4. CONCLUSÕES

A seleção direta para produtividade de grãos foi considerada uma boa estratégia, devido o alto ganho para este caráter.

A melhor estratégia de seleção foi o índice de distância genótipo-ideótipo, o qual apresentou ganhos melhor distribuição entre os caracteres agronômicos.

REFERÊNCIAS

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**, Uberlândia. v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.

ALMEIDA, L. M.; VIANA, A. P.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; JÚNIOR, C.; BARROS, J. Breeding full-sib families of sugar cane using selection index. **Ciência Rural**, Santa Maria v. 44, n. 4, p. 605-611, 2014. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782014000400005>

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

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

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 83 divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and Molecular Research**, Riberião Preto, v. 15, n. 4, p. 1-12, 2016.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 12 - Safra 2017/18, Décimo segundo levantamento. Brasília, 2018. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos/item/download/22227_378630c35e68682d6a984ecbd43bfe1d>. Acesso em: 26 out. 2018.

COSTA, M. M.; DI 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**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>

CRUZ, C. D. **Aplicações de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura "Luís de Queiroz", Piracicaba, 1990.

CRUZ, C. D. **Programa genes**: biometria. Viçosa: UFV, 2006. v. 1.

CRUZ, C.D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Cultivares de soja da Embrapa**. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/produtos-e-mercado/soja>>. Acesso em: 26 out. 2018.

FEHR, W. R., CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. (Special Report, 80).

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics** [S.I.], v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

LABORATÓRIO DE CLIMATOLOGIA E METEOROLOGIA AMBIENTAL. **Dados Climatológicos diários**: Fazenda Capim Branco. 2018. Uberlândia: UFU, 2018.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LEITE, W. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; SILVA, A. J.; DI MAURO, A. O. D. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>

MAZIERO, S. M.; RIBEIRO, N. D.; STORCK, L. Simultaneous selection in beans for architecture, grain yield and minerals concentration. **Euphytica**, Wageningen, v. 205, n. 2, p. 369-380, 2015. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1392-5>

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 Cytology** [S.I.], v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

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**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science** [S.I.], v. 49, p. 803-804, 1969.

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. **Cultivares de soja** Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 26 out. 2018.

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. **Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annal Eugeny** [S.I.], v. 7, p. 240-250, 1936.

SOARES, I. O.; REZENDE, P. M.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; ZUFFO, A. M.; SILVA K. B.; GWINNER, R. Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 8995-9003, 2015.
<https://doi.org/10.4238/2015.August.7.8>

SUBANDI, W.; COMPTON, A.; EMPIG, L.T. Comparison of the efficiencies of selection indices for three traits in two variety crosses of corn. **Crop Science**, Madison, v.13, p.184-186, 1973.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics** [S.I], 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** [S.I], v. 16, n. 1, p. 217, 2015.