

FLAVIANI GABRIELA PIERDONÁ

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM LINHAGENS E  
ESTUDO DE GERAÇÕES EM SOJA

UBERLÂNDIA

2018

FLAVIANI GABRIELA PIERDONÁ

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM LINHAGENS E  
ESTUDO DE GERAÇÕES EM SOJA

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

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

UBERLÂNDIA

2018

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

---

P618e  
2018 Pierdoná, Flaviani Gabriela, 1995-  
Estratégias de seleção e divergência genética em linhagens e estudo de gerações em soja [recurso eletrônico] / Flaviani Gabriela Pierdoná. - 2018.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.  
Modo de acesso: Internet.  
Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.347>  
Inclui bibliografia.  
Inclui ilustrações.

1. Biotecnologia. 2. Soja - Melhoramento genético. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981- (Orient.). II. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

---

Maria Salete de Freitas Pinheiro - CRB6/1262

FLAVIANI GABRIELA PIERDONÁ

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM LINHAGENS E  
ESTUDO DE GERAÇÕES EM SOJA

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

APROVADA em 18 de dezembro de 2018.

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

UFU

Dr. Marcos Vieira de Faria

UFU

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

Agricert

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

UBERLÂNDIA

2018

Aos meus pais, Flávio e Vera

Ao meu irmão João Paulo

Ao meu namorado, João Pedro

**DEDICO**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus, por ser a luz do meu caminho.

Aos meus pais, Flávio e Vera, pelo incentivo e apoio nessa jornada.

Ao meu irmão, João Paulo, pela amizade, dedicação e ajuda durante suas férias.

Ao meu namorado, João Pedro, pelo amor, companheirismo, incentivo e compreensão desde o início.

À minha amiga, Fernanda, pela amizade, companheirismo e ajuda durante as aulas e condução do experimento e pelos momentos de descontração, o melhor presente que a UFU me deu.

À minha amiga, Marlize, pela amizade, conselhos e pelas longas conversas no café da tarde.

À professora Dr.<sup>a</sup> Ana Paula, pela confiança, orientação, dedicação e pelos conhecimentos transmitidos, por ser um exemplo de mulher e profissional.

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

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela ajuda e suporte nas atividades experimentais, e pela descontração durante os sábados de trabalho, em especial ao Thiago, Arthur, Diego e Gustavo.

Aos colegas da pós-graduação, Alex, Anna Regina, Carolina, Lorraine, Murilo, Natália e Thúlio, pelas risadas, ajuda e ensinamentos compartilhados.

Aos membros da banca examinadora, Dr. Marcos Vieira de Faria e Dr.<sup>a</sup> Flávia Aparecida Amorim, pela disponibilidade e contribuição na melhoria do trabalho.

Aos funcionários da fazenda Capim Branco, em especial ao Frederico e ao Francisco (Luquinha), pela ajuda e atenção dada durante a condução do experimento.

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

Muito obrigada!

## SUMÁRIO

RESUMO.....	6
ABSTRACT .....	7
1 INTRODUÇÃO GERAL .....	8
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	10
2.1 Origem e expansão da soja .....	10
2.2 Importância econômica e produção da soja.....	11
2.3 Aspectos botânicos, morfológicos e de crescimento da soja.....	12
2.4 Melhoramento genético da soja.....	14
2.5 Diversidade genética em soja.....	16
2.6 Metodologias para avaliação da diversidade genética .....	18
2.7 Parâmetros genéticos e herança de caracteres quantitativos .....	20
2.8 Correlações entre caracteres em soja .....	22
2.9 Estratégias de seleção em soja .....	24
REFERÊNCIAS .....	26
CAPÍTULO 1. Parâmetros genéticos e estratégias de seleção aplicadas em caracteres agronômicos de linhagens de soja .....	33
RESUMO.....	33
ABSTRACT .....	34
1 INTRODUÇÃO .....	35
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	37
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	46
4 CONCLUSÕES.....	64
REFERÊNCIAS .....	65
CAPÍTULO 2. Diversidade genética entre linhagens de soja a partir de caracteres de fase vegetativa e reprodutiva .....	70
RESUMO.....	70

<b>ABSTRACT .....</b>	<b>71</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>72</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>74</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>79</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>92</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>93</b>
<b>CAPÍTULO 3. Parâmetros genéticos e seleção de genótipos em populações segregantes de soja .....</b>	<b>97</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>97</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>98</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>99</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>101</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>108</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>126</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>127</b>



## RESUMO

PIERDONÁ, FLAVIANI GABRIELA, **Estratégias de seleção e divergência genética em linhagens e estudo de gerações em soja**. 2018, Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.<sup>1</sup>

O melhoramento de plantas autógamas é um processo contínuo que inclui etapas importantes para o sucesso no desenvolvimento de novas cultivares. São elas a escolha dos genitores, obtenção das populações segregantes e a condução dessas no avanço de gerações até a seleção de linhagens superiores. A base genética do germoplasma da soja no Brasil é estreita, tornando necessário o conhecimento da diversidade genética entre os genótipos disponíveis, para propor combinações híbridas. As estimativas de parâmetros genéticos também são importantes, pois permitem fazer inferências sobre a variabilidade genética dos genótipos estudados, auxiliando na etapa de seleção de caracteres quantitativos, tanto nas gerações iniciais quanto nas linhagens avançadas. A seleção de genótipos superiores é a fase mais importante do melhoramento e pode ser realizada com base em diferentes estratégias de seleção. O presente trabalho teve como objetivos: avaliar a diversidade genética, as medidas de correlação entre caracteres e avaliar estratégias de seleção, em linhagens de soja; e proceder com o estudo de gerações em duas populações segregantes F2. Foram realizados dois experimentos em campo na fazenda experimental Capim Branco, em Uberlândia – MG. No primeiro experimento foram avaliadas 20 linhagens de soja e duas cultivares testemunhas, em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Inicialmente, foram avaliados os parâmetros genéticos, as correlações entre caracteres e os ganhos genéticos obtidos pela seleção direta, indireta e baseada em índices. Constatou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados para os caracteres relacionados ao ciclo, altura de plantas, número de nós, número de vagens e produtividade de grãos, e ainda que existe correlação entre os caracteres avaliados, em especial uma correlação negativa de alta magnitude entre o caráter relacionado ao ciclo e o caráter produtividade de grãos. A estratégia de seleção que apresentou resultados mais favoráveis à seleção conjunta de caracteres foi o índice de seleção de Mulamba e Mock (1978). Em seguida procedeu-se a estimativa de dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados, e posterior agrupamento por diferentes métodos, de otimização, hierárquicos e baseados em variáveis canônicas, a fim de identificar a diversidade entre os genótipos. Verificou-se uma variação entre os coeficientes de dissimilaridade entre os genótipos, destacando as cultivares NA 5909RG e NS6939RR como as mais divergentes. Os métodos de agrupamento hierárquicos, de otimização e das variáveis canônicas concordaram na divisão dos genótipos em três grupos distintos. No segundo experimento foram avaliadas as gerações de parentais e F2 em duas populações segregantes, originadas dos cruzamentos entre Emgopa-316 com UFUS 6901 e Emgopa-316 com UFUS 7415. As estimativas de variância genética e herdabilidade oscilaram entre as duas populações, mas identificaram a possibilidade de seleção de indivíduos com ganhos genéticos que oscilaram de -6,55% a 24,21% na população FP-A e de -12,41% a 51,06% na população FP-B para os caracteres avaliados.

**Palavras-chave:** *Glycine max*. Índices de seleção. Diversidade genética. População segregante.

<sup>1</sup>Orientadora: Professora Dr.<sup>a</sup> Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU

## ABSTRACT

PIERDONÁ, FLAVIANI GABRIELA, **Strategies of selection and genetic divergence in lineages and study of generations in soybean.** 2018, Dissertation (Master Program Agronomy/Crop Science) – Federal University of Uberlandia, Uberlandia, Minas Gerais, Brazil. <sup>1</sup>

Breeding of autogamous plants is an ongoing process that includes important steps for successful development of new cultivars. They are the choice of the parents, obtaining the segregating populations and conducting them in the generation advance until the selection of superior lineages. The genetic basis of soybean germplasm in Brazil is short, making it necessary to know the genetic diversity among the available genotypes to propose hybrid combinations. Estimates of genetic parameters are also important because they allow to make inferences about the genetic variability of the studied genotypes, assisting in the selection stage of quantitative traits in both the early generations and the advanced lineages. The selection of superior genotypes is the most important phase of breeding and can be performed based on different selection strategies. The objective of the present work is to evaluate the genetic diversity, the measures of correlation between characters and evaluate selection strategies in soybean lineages; and carry out the study of generations in two F<sub>2</sub> segregating populations. Two field experiments were carried out at the Capim Branco experimental farm, in Uberlandia - MG. In the first experiment, 20 soybean strains and two control cultivars were evaluated in a randomized complete block design with three replicates. Initially, the genetic parameters, the correlations between characters and the genetic gains obtained by direct, indirect and index-based selection were evaluated. It was verified the existence of genetic variability among the studied genotypes for characters related with cycle, plant height, number of nodes, number of pods and grain yield, and even though there is correlation between the characters evaluated, especially a negative correlation of high magnitude between the character related to the cycle and the character of grain yield. The selection strategy that presented the most favorable results for the joint selection of characters was the selection index of Mulamba and Mock (1978). Then, genetic dissimilarity was estimated between the evaluated genotypes and subsequent grouping by different hierarchical optimization methods based on canonical variables, in order to identify the diversity among the genotypes. There was a variation between the dissimilarity coefficients among the genotypes, highlighting the control of the experiment as the most divergent. The clustering hierarchical optimization and canonical variables methods agreed on dividing the genotypes into three distinct groups. In the second experiment, parental and F<sub>2</sub> generations were evaluated in two segregating populations, originating from the crosses between Emgopa-316 with UFUS 6901 and Emgopa-316 with UFUS 7415. Estimates of genetic variance and heritability oscillated between the two populations but identified the possibility of selection of individuals with genetic gains oscillating between -6,55% and 24,21% in FP-A population and between -12,41% and 51,06% in FP-B population for the characters evaluated.

**Words-key:** *Glycine max*. Selection index. Genetic diversity. Segregating populations.

<sup>1</sup>Advisor: Professor Dr.<sup>a</sup> Ana Paula Oliveira – UFU

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

A soja cultivada (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma espécie originária da região da Manchúria, no norte da China. Considerada uma das cultivares mais antigas, teve expansão em consumo e cultivo pelo mundo a partir do século XV (BEZERRA *et al.*, 2015). Seus grãos apresentam alto valor nutricional para a alimentação humana e animal, devido a sua composição de óleo e proteína, que podem superar os níveis de 20 e 40% da composição orgânica, respectivamente (BACAXIXI *et al.*, 2011).

No Brasil a produção de soja teve início no Rio Grande do Sul em meados de 1935 (BEZERRA *et al.*, 2015). O progresso da sojicultura para áreas de menor latitude foi possível principalmente devido ao melhoramento genético, com desenvolvimento de cultivares adaptadas. Essas variedades apresentavam como componente genético, o período juvenil longo, que promoveu o alongamento da fase vegetativa em dias curtos (CAPONE *et al.*, 2018).

Ainda hoje o melhoramento genético da soja é responsável pelo aumento da produção, desenvolvendo cultivares que reúnem características que contribuem para a maior produtividade de grãos. O rendimento é resultado de um conjunto de fatores que envolvem tanto as condições ambientais quanto ao potencial genético de cada linhagem. Assim os programas de melhoramento da cultura buscam soluções genéticas para a resistência aos fatores bióticos e abióticos, bem como caracteres agrônômicos favoráveis para produção de grãos. Esses fatores estão relacionados a fenótipos de resistência, altura da planta, número de nós e de vagens, entre outros que podem ser de interesse agrônômico (BACAXIXI *et al.*, 2011; ESPÍNDOLA *et al.*, 2011; VAL *et al.*, 2014).

As etapas de um programa de melhoramento de plantas autógamas incluem a escolha dos genitores, obtenção das populações segregantes e a condução delas no avanço de gerações até a seleção de linhagens superiores, promovendo o desenvolvimento de novas cultivares (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Sabendo que a base genética do germoplasma da soja no Brasil é estreita (PRIOLLI *et al.*, 2013; WYSMIERSKI; VELLO, 2013), os estudos de diversidade genética são uma ferramenta auxiliar aos melhoristas para a escolha de genitores que constituirão blocos de cruzamentos para desenvolvimento de novas cultivares (ODA *et al.*, 2015; FU *et al.*, 2015).

A avaliação da diversidade genética, de forma simultânea para vários caracteres, é possível utilizando as medidas de dissimilaridade genética, que consiste na estimativa da similaridade ou dissimilaridade entre os genótipos par a par. Com base nesses resultados, é possível observar quão distinto são dois ou mais genótipos, por meio dos métodos de agrupamentos, que reúnem os indivíduos em grupos de forma a manter a máxima homogeneidade dos genótipos dentro do mesmo grupo (FARIA *et al.*, 2012).

O alto grau de divergência genética dos parentais contribui para a formação de segregantes transgressivos nas gerações iniciais (HAMAWAKI *et al.*, 2012). A avaliação dos parâmetros genéticos e da herança dos caracteres nessas gerações auxiliam na seleção precoce de genótipos superiores e na definição do melhor método de melhoramento a ser utilizado (MORCELI JÚNIOR, 2008).

As estimativas de parâmetros genéticos são utilizadas a fim de fazer inferências sobre a variabilidade dos genótipos na população em estudo, auxiliando na etapa de seleção de caracteres quantitativos (BALDISSERA *et al.*, 2014). A seleção de genótipos superiores é a fase mais importante do melhoramento, para a qual todas as etapas anteriores convergem. Contudo, a seleção de um caráter principal deve ser realizada de forma a manter ou melhorar outros caracteres de interesse que sejam relacionados (NOGUEIRA *et al.*, 2012).

Conhecer as correlações entre os caracteres de interesse em uma população à qual se aplicará a seleção torna-se fundamental no desenvolvimento de estratégias de seleção (SOUZA *et al.*, 2015). A seleção direta de um caráter implica na seleção indireta dos demais, com isso, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres aumentam as chances de sucesso em programas de melhoramento. A aplicação de índices de seleção tem sido uma ferramenta estatística que auxilia nesse processo de seleção conjunta de caracteres de herança quantitativa (VASCONCELOS *et al.*, 2010; TEIXEIRA *et al.*, 2017).

Considerando a importância das diferentes etapas do melhoramento genético, o presente trabalho apresentou os seguintes objetivos: identificar a divergência genética, as medidas de correlação entre caracteres e avaliar estratégias de seleção em linhagens de soja e proceder com o estudo de gerações em duas populações segregantes F2.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Origem e expansão da soja

A história da soja, com base em relatos antigos da literatura chinesa, mostra que ela pode ser a mais antiga das espécies cultivadas pelo homem. O primeiro registro de descrição da soja data de 2838 a.C. no herbário “PEN TS’ AO KANG UM” (BONATO, 1987). A soja tem sido a base alimentar do povo chinês. Nesse período era considerado como um dos grãos sagrados, juntamente ao arroz, trigo, cevada e milho (BONATI, 1983).

O centro de origem da soja cultivada é determinado como o Norte da China, sendo a região da Manchúria, nordeste do país, o centro de origem secundário (CHUNG; SINGH, 2008). Após seu surgimento nessa região, permaneceu no oriente, sendo levada primeiramente ao Japão, Coréia e sudeste asiático (BEZERRA *et al.*, 2015). No início do século XVIII a soja foi levada à Europa e cultivada pela primeira vez de forma experimental no Jardim Botânico de Paris, e somente em 1790 foi cultivada no Jardim Botânico Real em Kew, na Inglaterra (BONATO, 1987).

Nos Estados Unidos, a exploração da espécie como forrageira começou no século XX e em seguida a produção de grãos. A partir de 1960 a soja como forragem já não era mais utilizada e a produção de grãos cresceu exponencialmente (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA, 2013).

No Brasil, os primeiros relatos indicam que a inserção da soja no país tenha ocorrido no estado da Bahia no ano de 1882, todavia, a espécie não se adaptou a regiões de baixas latitudes e seu cultivo não apresentou sucesso. Em 1908, uma segunda introdução de sementes ocorreu no estado de São Paulo, com latitudes um pouco maiores, e foi possível o cultivo de forma experimental. Porém, foi no Rio Grande do Sul que as condições edafoclimáticas mais semelhantes às dos Estados Unidos permitiram o cultivo para produção de grãos (CUNHA; ESPÍNDOLA, 2015; GAZZONI *et al.*, 2018).

Inicialmente a produção de soja no Brasil era pequena e restrita à utilização dos grãos para nutrição de suínos. A partir da década de 1950 foi instalada a primeira indústria de extração do óleo de soja para fins de alimentação humana, gerando um crescimento da cadeia produtiva. A expansão da sojicultura no Brasil começou pela

região sudeste e em 1970 consolidou-se em regiões do Cerrado brasileiro, atualmente maior produtor da cultura no país (BEZERRA *et al.*, 2015).

Ainda hoje a cultura da soja ganha espaço e avança ao norte brasileiro. A partir de 2010 formou-se uma importante fronteira agrícola chamada MATOPIBA, que envolve os estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia e tem destaque no mercado nacional da leguminosa (FREITAS, 2011).

## **2.2 Importância econômica e produção da soja**

A demanda mundial por alimentos tem crescido exponencialmente, aumentando as importações de produtos agrícolas, e a soja é uma leguminosa de importância nesse quesito, sendo utilizada na alimentação animal e humana, uma vez que, é capaz de produzir mais proteína por hectare do que qualquer outro cultivo (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO AGRONEGÓCIO – ABAG, 2015).

A produção mundial de soja na safra 2017/18 foi de 336,70 M.t, sendo que a produção dos Estados Unidos (120,04 M.t), Brasil (119,80 M.t) e Argentina (37,80 M.t) contribuiu com a maior parte. A estimativa para a safra 2018/19 é de que haja um aumento na produção mundial e essa atinja 354,54 M.t. E que os maiores produtores permaneçam os mesmos, contribuindo com 81,65% da produção mundial (DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA, 2018).

A China é o maior importador de grãos de soja no mundo, cerca de 65% de toda a importação mundial, seguida da União Europeia com aproximadamente 9%. O Brasil é o maior exportador da oleaginosa, responsável por 44,68% de toda a soja exportada (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2018a).

O setor agropecuário tem ganhado cada vez mais importância na balança comercial do país, principalmente devido às expressivas exportações. Em 2015 o Brasil consolidou a soja como principal produto exportado. A soja é um produto de alta liquidez, devido a sua demanda de mercado, e reforça a cada safra o aumento de área destinada para cultura pelos produtores (PEREIRA *et al.*, 2017).

O Brasil é o segundo no *ranking* mundial de produção de soja, precedido apenas pelos Estados Unidos. Com uma área cultivada de 35.149,20 mil hectares e produção de 119.281,70 M.t de grãos na safra 2017/18. A expectativa é de um

aumento de 2,80% na área cultivada, totalizando 36.125,10 mil hectares na próxima safra (CONAB, 2018b).

O Centro-oeste é a maior região produtora de soja no Brasil, com uma área de 15.648,80 mil hectares destinados à cultura na safra 2017/18. Destaca-se o estado do Mato Grosso que apresentou uma área de 9.518,60 mil hectares cultivados com soja, superando as regiões sudeste, norte e nordeste do país. A produção de grãos no Mato Grosso foi de 32.306,10 mil toneladas, aproximadamente 27% da produção nacional na safra 2017/18 (CONAB, 2018a).

O estado de Minas Gerais também apresenta expressiva participação na cadeia produtiva da soja brasileira. Com uma área cultivada de 1.508,50 mil hectares e produção total de 5.545,20 mil toneladas, foi o estado em que as cultivares apresentaram a segunda melhor produtividade de grãos com média de 3.676 kg ha<sup>-1</sup>, sendo superado apenas pela Bahia, que obteve em média 3.960 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2018a).

### **2.3 Aspectos botânicos, morfológicos e de crescimento da soja**

A soja pertence à família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill (JUDD *et al.*, 2009). É uma cultura anual que completa seu ciclo entre 75 e 200 dias contados da emergência até a maturidade (NEPOMUCENO *et al.*, 2008).

A germinação da semente inicia a partir do contato da semente no solo e das condições ideais de temperatura, arejamento e suprimento de água. As primeiras fases da germinação ocorrem pela mobilização das substâncias de reservas, que se transformam nos cotilédones e o alongamento da radícula (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Fatores intrínsecos à semente também afetam seu potencial de germinação: genótipo, vitalidade e longevidade, viabilidade e maturidade, potencial fisiológico e qualidade sanitária (NOGUEIRA *et al.*, 2013).

O sistema radicular é formado por uma raiz principal pivotante e ramificações que formam o conjunto de raízes secundárias. O crescimento da raiz de forma a aprofundar-se no solo permite melhor utilização da água mais profunda (MATSUO *et al.*, 2015). Nas raízes secundárias podem ser encontrados nódulos resultantes da interação de simbiose entre as plantas de soja e bactérias do gênero *Bradyrhizobium* que são fixadoras de nitrogênio (NOGUEIRA *et al.*, 2009).

O crescimento inicial da planta é marcado pela estrutura do hipocótilo, que compreende a porção do caule entre os cotilédones e o primeiro par de folhas. O crescimento continua com o desenvolvimento do epicótilo e posteriores internódios em direção ao ápice, sendo cada nó marcado pela presença de uma folha. O desenvolvimento terminal do caule depende do tipo de crescimento do genótipo (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A soja pode apresentar três diferentes tipos de crescimento: determinado, semideterminado e indeterminado, que é governado por dois genes e torna-se uma forma de diferenciar cultivares. A caracterização dos genótipos de crescimento determinado ou semideterminado ocorre pela presença de uma inflorescência racemosa no ápice caulinar, ao passo que nos genótipos de crescimento indeterminado essa inflorescência é ausente, mantendo a gema apical vegetativa, o que possibilita o desenvolvimento de nós e alongamento do caule após o florescimento. As plantas de crescimento determinado possuem 90% de sua altura e matéria seca final no florescimento, enquanto no tipo de crescimento semideterminado essa proporção é de 70% da altura final (NOGUEIRA *et al.*, 2009).

Durante o desenvolvimento das plantas de soja, são observados quatro tipos de folhas. As cotiledonares contêm reservas nutricionais para o desenvolvimento da plântula, ao esgotarem essas reservas os cotilédones amarelecem e caem. As unifolioladas, que se desenvolvem no nó seguinte aos cotilédones, de forma oposta. As trifolioladas, encontradas nos nós acima sequencialmente e nas ramificações, desenvolvem-se de forma alternada e apresentam três folíolos, um terminal e dois laterais, que possuem estômatos em ambas as faces. E os prófilos que são encontrados em pares na base de cada ramificação (MATSUO *et al.*, 2015).

Os órgãos, tais como, folhas, caules, flores e vagens, são cobertos por tricomas denominados pubescência, que na maturação assumem cores distintas a depender do genótipo, podendo ser classificados como cinza, marrom claro ou marrom médio. A cor da pubescência também é considerada um descritor para cultivares (MATSUO *et al.*, 2015).

A soja desenvolve flores completas, que podem apresentar cor branca ou roxa, um caráter qualitativo que também é utilizado como descritor. São constituídas por órgãos masculinos e femininos, em que a autopolinização do estigma ocorre antes da abertura do botão floral, sendo assim classificada como uma planta autógama, ou seja, a taxa de autofecundação é superior a 95%, favorecida pela cleistogamia (BARROS;



SEDIYAMA, 2009). O florescimento em soja responde ao fator fisiológico relacionado ao fotoperíodo, pois trata-se de uma espécie de dias curtos, ou seja, a indução do florescimento depende, entre outros fatores, de que a duração dos dias seja menor do que das noites (BARROS; SEDIYAMA, 2009).

A semente da soja é constituída por reservas nutricionais, endosperma, e o revestimento do embrião, tegumento. O embrião maduro é formado por um eixo com dois cotilédones, o epicótilo e o hipocótilo-radicular. Quando ocorre a formação da radícula ocorre a distinção das duas estruturas principais: hipocótilo e radícula. A semente possui uma cicatriz chamada hilo, que pode apresentar uma variedade de cores e também constitui um dos descritores em soja. São classificadas ainda quanto à cor do tegumento e forma da semente (MATSUO *et al.*, 2015).

A soja é uma leguminosa, seu fruto do tipo legume é comumente chamado vagem. As vagens são levemente arqueadas e cobertas pela pubescência (NEPOMUCENO *et al.*, 2008). Uma vagem pode conter de um a cinco grãos de soja e uma planta tem potencial para produzir até 400 vagens (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A altura ideal para uma planta de soja varia entre 60 e 100 cm, uma vez que, plantas muito altas, acima do limite estabelecido, têm maiores chances de acamarem. Recomenda-se a inserção da primeira vagem acima dos 10 cm, pois permite a colheita mecanizada sem a perda de grãos. Esses são caracteres altamente influenciados pelas condições ambientais, em especial a época de semeadura, e com o tipo e hábito de crescimento do genótipo (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

## **2.4 Melhoramento genético da soja**

A soja, originada de regiões de clima temperado, atualmente é cultivada de maneira expressiva em regiões subtropicais e tropicais. Essa adaptação da espécie a condições edafoclimáticas distintas é resultado dos avanços obtidos por programas de melhoramento genético da soja (SEDIYAMA *et al.*, 2015).

O melhoramento da soja no Brasil teve início em 1948, no Rio Grande do Sul, com o estudo das cultivares introduzidas, a fim de obter cultivares adaptadas a essa região (SEDIYAMA *et al.*, 2015). A partir de 1970, foram realizadas as primeiras hibridações com a variedade PI240664, a fim de obter cultivares de período juvenil

longo, que possibilitaram o avanço da cultura da soja para regiões de baixas latitudes (GAZZONI *et al.*, 2018).

Atualmente o constante aumento na produção e produtividade de grãos da soja, no Brasil é um reflexo do conjunto de tecnologias de produção e do desenvolvimento de novas cultivares adaptadas às condições de cultivo. Entre essas tecnologias, destaca-se a atuação de programas de melhoramento, que desenvolvem novas cultivares com genética avançada a cada safra (MATSUO *et al.*, 2015; CATELAN *et al.*, 2018).

Todeschini (2018) estimou o ganho genético, alcançado por programas de melhoramento, para a produtividade de grãos entre as cultivares lançadas entre 1965 e 2011 na região sul do país. Constatou que, em média o ganho em produtividade das cultivares foi de 40,06 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup>, o que equivale a 2,40% de incremento ao ano. Esses resultados confirmam a importância do melhoramento genético no aumento de produção da soja ao longo do tempo.

Os principais objetivos dos programas de melhoramento, além da elevada produtividade de grãos, são características relacionadas ao ciclo, tipo de crescimento, resistência ao acamamento, deiscência de vagens e estresses bióticos e abióticos (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013).

O melhoramento genético é um processo contínuo, que em geral, apresenta três fases: primeiro, a criação de uma população com variabilidade genética, por meio de hibridações artificiais; em seguida o avanço de gerações e teste de progênes e a seleção de linhagens que é realizada com base na avaliação do potencial de cada genótipo para caracteres de interesse, por diferentes metodologias, a depender do objetivo do melhorista; culminando então no lançamento de uma nova cultivar, que é testada e indicada para regiões específicas (CECCARELLI, 2014).

As hibridações artificiais são a forma de criar variabilidade genética mais utilizada em programas de melhoramento da soja. Trata-se de cruzamentos direcionados entre genótipos divergentes, em que o número de genitores envolvidos pode variar sendo classificado em cruzamentos duplos, triplos ou complexos (BORÉM; MIRANDA, 2013; MATSUO *et al.*, 2015).

Segundo Matsuo *et al.* (2015) a eficiência da etapa de hibridação depende dos fatores ambientais em que ela é realizada. Estudando a taxa de sucesso de polinização artificial em soja, no município de Viçosa – MG, em casa de vegetação em diferentes horários ao longo do dia, esses autores verificaram que a eficiência é maior quando as

hibridações são realizadas entre as 10 e 12 horas no período matutino, ou entre 14 e 16 horas, no período vespertino. Nesses horários foram observadas elevadas temperaturas e baixa umidade relativa do ar.

Diferentes métodos de condução das populações segregantes, provenientes das hibridações artificiais, são utilizados em programas de melhoramento da soja, a depender dos objetivos e da disponibilidade de recursos (SEDIYAMA *et al.*, 2015). A seleção em gerações precoces tem como foco caracteres como o ciclo, altura da planta, resistência, deiscência de vagens, resistência a doenças em condição de campo e qualidade visual da semente (SEDIYAMA *et al.*, 2015).

Em gerações mais avançadas são realizados os testes preliminares, intermediários e finais de linhagens em que é avaliada a produtividade, uma das fases mais onerosas e demoradas dos programas de melhoramento (BORÉM; MIRANDA, 2013). Os fatores de maior relevância nos testes finais de linhagens são a uniformidade genotípica e estabilidade dos caracteres, a escolha de locais representativos para os testes e o conjunto de linhagens do mesmo grupo de maturidade. Com os resultados obtidos é possível lançar novas cultivares indicadas para determinadas regiões (SEDIYAMA *et al.*, 2015).

Em Uberlândia – MG, o Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) foi estabelecido em 1996, e desde então tem como objetivo o desenvolvimento de cultivares adaptadas a regiões do Cerrado brasileiro. O programa de melhoramento da UFU segue as etapas comuns para o melhoramento de plantas autógamas: após definidos os objetivos e caracteres de interesse, é realizada a escolha de genitores com base na diversidade genética do germoplasma do programa, bem como no potencial dos genitores em relação aos objetivos. As populações segregantes são obtidas pela autofecundação da F1 resultante de hibridações artificiais e conduzidas por gerações de autofecundação até a geração de linhagens homozigotas. As linhagens promissoras são então testadas e comparadas a cultivares elites em ambientes representativos da região a qual será indicada (HAMAWAKI *et al.*, 2018).

## **2.5 Diversidade genética em soja**

Conhecer a diversidade dos recursos genéticos é fundamental aos programas de melhoramento, pois permite a escolha de genitores contrastantes, o que reflete na

eficiência das etapas seguintes do melhoramento e seleção de múltiplos caracteres de interesse (GOVINDARAJ *et al.*, 2014).

A diversidade genética natural vem sendo explorada desde o princípio da agricultura. Com isso, estudos têm evidenciado que a base genética das cultivares de soja em todo o mundo é estreita (CUI *et al.*, 2000; ZHOU *et al.*, 2000; ADIE; KRISNAWAT, 2017). O que implica dizer que as cultivares utilizadas atualmente são originadas de poucos ancestrais, o que diminui a possibilidade de variabilidade genética entre os genótipos disponíveis em bancos de germoplasma da soja (PRIOLLI *et al.*, 2013).

No Brasil, Priolli *et al.* (2004) analisaram o efeito do melhoramento genético sobre a diversidade genética das cultivares de soja comercializadas ao longo de 30 anos, comparando programas de melhoramento e períodos de lançamento das cultivares. Esses autores observaram que o germoplasma da soja manteve variabilidade genética constante entre o período avaliado. Contudo, constataram também que ao comparar os diferentes programas de melhoramento e período de lançamento, a diversidade genética é sempre maior dentro de um grupo do que entre os grupos de cultivares.

Wysmierski; Vello (2013) confirmam que a base genética das cultivares brasileiras é restrita, ao avaliarem a diversidade genética entre 444 cultivares nacionais, puderam concluir que apesar de existirem 60 ancestrais em comum, apenas quatro deles respondem por 55,26% da base genética desses genótipos.

Identificar a diversidade genética no germoplasma de um programa de melhoramento fornece informações úteis para as definições de estratégias que serão adotadas, pois é por meio da identificação da divergência genética entre os genótipos disponíveis que se torna possível indicar as melhores combinações na etapa de hibridações (MARDEGAN, 2014; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A aplicação das análises de diversidade genética para o melhoramento de soja é principalmente relacionada à escolha de genitores para os cruzamentos, visto que a utilização de genitores divergentes aumenta as chances de gerar genótipos superiores (NOGUEIRA, 2011; MARDEGAN, 2014; MACHADO, 2017).

A divergência genética tem sido avaliada por meio de processos preditivos, a partir de vários métodos multivariados. Pode ser baseada em avaliações fenotípicas de caracteres agronômicos, marcadores bioquímicos ou moleculares (GOVINDARAJ *et al.*, 2015; ODA *et al.*, 2015).

Utilizar genótipos divergentes promove o aumento da variabilidade genética para os caracteres de interesse agrônomo. O desafio é selecionar os melhores parentais em um programa de melhoramento, e as técnicas de estimação da diversidade genética auxiliam nesse processo de identificação de divergência entre genótipos em uma população (MULATO *et al.*, 2010).

## **2.6 Metodologias para avaliação da diversidade genética**

A predição da divergência genética pode ser realizada por vários métodos multivariados, pois são capazes de combinar as informações de múltiplos caracteres. Os mais aplicados têm sido os métodos aglomerativos (hierárquicos e de otimização), as variáveis canônicas e componentes principais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os métodos aglomerativos têm por objetivo, a partir da análise de caracteres entre genótipos ou populações, estabelecer um esquema de agrupamentos no qual sejam reunidos aqueles indivíduos semelhantes. O número de grupos não é previamente estabelecido. Por meio de técnicas objetivas são estimados quantos necessários, de forma que garanta a homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre eles (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

O processo de análise da diversidade genética por agrupamento envolve duas etapas: a estimação de uma medida de dissimilaridade entre os acessos e a adoção de uma técnica que agrupe esses acessos com base nas medidas previamente estimadas. Nos estudos envolvendo a identificação de progenitores contrastantes para a hibridação, as medidas de dissimilaridade mais comuns são a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, sendo a segunda dependente da matriz de covariâncias residuais estimadas a partir de experimentos com repetições (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O emprego de métodos aglomerativos tem como objetivo facilitar o reconhecimento de grupos homogêneos dentro da grande quantidade de dados fornecidos pelas medidas de dissimilaridades. No melhoramento de plantas são utilizados principalmente os métodos hierárquicos e de otimização (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nos métodos hierárquicos os genótipos são agrupados e estabelecidos um dendrograma, ou diagrama de árvore, em que é possível por meio de exame visual estabelecer a divisão dos grupos e ramificações formadas, a partir de pontos estabelecidos em que ocorre alta mudança de níveis. Entre os métodos hierárquicos aglomerativos destacam-se o do vizinho mais próximo, vizinho mais distante, o da ligação média entre grupos (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean - UPGMA*), o do centroide e o proposto por Ward (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2010; VILELA *et al.*, 2014).

Nos métodos de agrupamento por otimização, é feita a partição do grupo de genótipos em subgrupos que reúnam a máxima homogeneidade entre os seus integrantes. O método de otimização mais utilizado é o de Tocher (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esse método também requer uma matriz de dissimilaridade e em geral costuma coincidir as separações dos genótipos com as obtidas por métodos aglomerativos (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2010; MACHADO *et al.*, 2017).

Cantelli *et al.* (2016) avaliando 51 linhagens de soja em geração F5 e F6 provenientes do Programa de Melhoramento de Soja da UFU em Uberlândia – MG, compararam a eficiência de agrupamento dos genótipos por sete métodos, o de otimização de Tocher e os hierárquicos vizinho mais próximo e mais distante, Ward, WPGMA, UPGMA e da ligação média dentro de grupos. Esses autores observaram que todos os métodos aplicados foram eficientes em determinar a divergência entre os genótipos, porém, o método do vizinho mais próximo apresentou o maior número de genótipos no grupo I e maior similaridade com os resultados obtidos pelo método de otimização de Tocher. Assim, esses dois métodos foram os mais indicados a fim de propor genitores divergentes.

Peluzio *et al.* (2014) estudaram a divergência genética entre 21 cultivares de soja para o caráter porcentagem de óleo no grão, em cinco ensaios, na região centro-sul do estado do Tocantins. Utilizando cada ensaio como uma variável, aplicaram os métodos de otimização de Tocher e o hierárquico do vizinho mais próximo, esses autores constataram que ambos os métodos concordaram na divisão dos genótipos em oito grupos, e foi possível propor combinações híbridas favoráveis à seleção para o maior teor de óleo.

Val *et al.* (2017) avaliaram 27 linhagens do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Estadual Paulista e três cultivares testemunhas, em Jaboticabal – SP, com o objetivo de conhecer a diversidade genética entre os genótipos com base em

caracteres de interesse agrônômico, pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA. Os resultados obtidos permitiram formar cinco grupos, sendo um deles formado apenas por uma das testemunhas, que apresentou a maior divergência, com isso, os autores puderam propor combinações para cruzamentos a fim de obter genótipos superiores para os caracteres avaliados.

A análise da diversidade por componentes principais ou variáveis canônicas tem como objetivo a dispersão dos genótipos em um gráfico bi ou tridimensional. A técnica de componentes principais consiste em transformar um conjunto original de variáveis em outro conjunto de dimensão equivalente, o conjunto dos componentes principais. A disposição gráfica deles depende de que os primeiros componentes sejam capazes de resumir o conjunto original. Quando se utiliza o procedimento de variáveis canônicas, é feita a transformação do conjunto original de variáveis em variáveis padronizadas, semelhantes ao processo de componentes principais. Contudo, as variáveis canônicas diferem por levarem em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a matriz de covariância fenotípica (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Além de conhecer a diversidade genética entre os genótipos avaliados, é importante também identificar aqueles caracteres que mais contribuem para essa diferenciação. Essa avaliação é possível a partir da estimativa da contribuição relativa de Singh (1981), que permite avaliar a contribuição individual de cada caráter com a diversidade, possibilitando reduzir o número de caracteres avaliados, por identificar aqueles que são fundamentais e os que não contribuem em estudos dessa natureza (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

## **2.7 Parâmetros genéticos e herança de caracteres quantitativos**

As estimativas de parâmetros genéticos são importantes em estudos genéticos associados ao melhoramento de plantas, pois sua interpretação auxilia no processo da tomada de decisão e na predição de sucesso e viabilidade das estratégias de seleção. Os parâmetros genéticos podem ser estimados em diferentes etapas do melhoramento, desde as gerações iniciais em populações segregantes até as mais avançadas na seleção de linhagens (HAMAWAKI *et al.*, 2012; BALDISSERA *et al.*, 2014; CRUZ, 2016).

A avaliação das variâncias dos caracteres em uma população é feita de forma fracionada em componentes da variância. São considerados componentes da variância: a variância fenotípica, a variância genotípica e a variância ambiental (FALCONER; MACKAY, 1996).

A obtenção dos componentes de variância permite estimar a variância genotípica a partir dos dados fenotípicos observados e, a partir dessa informação, o melhorista pode gerar informações úteis na predição de ganhos e para alterações na estrutura genética das populações em relação aos caracteres de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A estimativa da herdabilidade ( $H^2$ ) é um dos parâmetros genéticos mais importantes para o melhoramento, pois representa a proporção da variabilidade fenotípica que tem causas genéticas (HAMAWAKI *et al.*, 2012). Em populações segregantes, pode ser estimada a herdabilidade no sentido amplo, em que é considerada a razão entre as variâncias genéticas e fenotípicas, ou no sentido restrito, em que é considerada a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (HAMAWAKI *et al.*, 2012). Em gerações mais avançadas, como as linhagens, o parâmetro  $H^2$  é denominado coeficiente de determinação genotípico, uma vez que se trata de genótipos já fixados e pré-selecionados (VASCONCELOS *et al.*, 2012).

Santos *et al.* (2018) estudando populações segregantes, no Distrito Federal, estimaram parâmetros genéticos em 22 genótipos incluindo os genitores e os cruzamentos em gerações iniciais. Nesse trabalho foram estimados os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, e verificou-se valores próximos ou superiores a 70%, confirmando a alta herdabilidade dos caracteres relacionados ao ciclo, altura da planta, número de vagens e rendimento de grãos por planta.

Leite *et al.* (2016) estimaram parâmetros genéticos em 27 genótipos de soja, no município de Currais – PI, a fim de fornecer informações visando a seleção de genótipos para os principais caracteres avaliados em soja. Constataram valores de coeficiente de determinação genotípico altos para todos os caracteres: altura de plantas no florescimento e maturidade, altura da inserção da primeira vagem, número de nós e de vagens e produtividade de grãos, indicando perspectivas de elevados ganhos de seleção. A magnitude da variabilidade genética foi estimada pelo coeficiente de variação genético e confirmou a existência de variabilidade com alta influência do efeito genético.



A avaliação de populações segregantes permite ao melhorista conhecer o controle genético de determinados caracteres e fazer estudos de herança. Compreender esse aspecto é fundamental para o sucesso dos programas de melhoramento, pois auxiliam na definição dos métodos a serem utilizados na condução das populações segregantes (BALDISSERA *et al.*, 2014).

Entre os parâmetros relacionados ao tipo de herança dos caracteres está o número de genes, que é importante para classificar essa herança em monogênica (apenas um gene), oligogênica (poucos genes) ou poligênica (muitos genes). Quanto maior o número de genes envolvidos, maior será o número de combinações gênicas possíveis (LOBO *et al.*, 2005).

O controle genético dos principais caracteres agronômicos em soja é pouco conhecido em populações segregantes, devido à dificuldade na obtenção de um tamanho populacional ideal a partir de cruzamentos na espécie (ZORZETTO *et al.*, 2008). Contudo, as estimativas de parâmetros genéticos em gerações iniciais são de grande importância em programas de melhoramento, pois auxiliam no direcionamento e tomada de decisões sobre a seleção de genótipos superiores (MORCELI *et al.*, 2008).

Teixeira *et al.* (2017) avaliaram parâmetros genéticos e estudo de herança em populações segregantes em gerações F1 e F2, provenientes de cruzamentos biparentais, no Programa de Melhoramento de Soja da UFU em Uberlândia – MG e concluíram, a partir dos resultados de herdabilidade e variâncias genotípicas, ser possível a obtenção de ganhos de seleção de indivíduos superiores. Constataram ainda que os caracteres altura de plantas, número de nós, número de vagens, número de sementes por vagens e produtividade de grãos apresentaram herança quantitativa, ou seja, poligênica.

## **2.8 Correlações entre caracteres em soja**

O melhoramento genético tem como objetivo melhorar um conjunto de caracteres, contudo, grande parte desses caracteres de interesse apresenta herança quantitativa, ou seja, governados por muitos genes (NOGUEIRA *et al.*, 2012). A seleção de vários caracteres simultâneos nos programas de melhoramento tem se

tornado um desafio, devido à existência de correlações entre eles, que podem ocorrer de forma favorável ou não aos objetivos do melhoramento (SOUSA *et al.*, 2015).

A correlação é um parâmetro estatístico que infere sobre o grau da relação linear entre um par de caracteres, ou uma medida do grau de variação conjunta (RAMALHO *et al.*, 2012). Conhecer essas relações entre os caracteres é de grande importância para o melhoramento, principalmente na aplicação em estratégias de seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A correlação que pode ser mensurada diretamente pela avaliação de dois caracteres em uma população é denominada correlação fenotípica e compreende os efeitos genéticos e ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996). Os coeficientes de correlação estimados são analisados quanto a sua magnitude e direção. O valor obtido para esse coeficiente varia entre -1 e 1, considerando que o valor zero indica total ausência de relação linear e quanto mais próximo a 1 evidencia a existência de correlação forte. As correlações positivas indicam que os caracteres variam na mesma direção, em vista que as negativas refletem caracteres inversamente correlacionados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A existência de correlações genéticas possui duas explicações: a causa principal é a pleiotropia e a causa transitória é a ligação gênica. A pleiotropia é a propriedade de um gene influenciar dois ou mais caracteres de forma direta ou inversa (FALCONER; MACKAY, 1996). Essa propriedade é exemplificada em soja pela composição do grão e a correlação negativa evidenciada entre os teores de óleo e proteínas promovem um decréscimo da concentração de proteínas quando selecionados genótipos que apresentam elevados teores de óleo (BRUNO *et al.*, 2015).

Sousa *et al.* (2015) avaliaram 71 linhagens de soja no município de Uberlândia – MG e estimaram os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre oito caracteres de interesse agrônomo. Concluíram que a seleção fenotípica de indivíduos com maior número de vagens implica em um ganho de seleção indireto para a produção de grãos. Sendo assim, torna-se viável a seleção de genótipos com maior número de vagens, visando a produtividade de grãos, quando ela apresenta um coeficiente de herdabilidade superior.

Almeida *et al.* (2010) estimaram correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres avaliados em 12 cultivares em condições de várzea irrigada. Foi observado que as correlações genotípicas apresentaram o mesmo sinal em relação às fenotípicas. Além disso, esses autores verificaram a viabilidade da seleção indireta de genótipos

com elevada produtividade de grãos a partir da seleção direta para o caráter número de dias até o florescimento devido à existência de correlações positivas e de alta magnitude entre esses caracteres.

## **2.9 Estratégias de seleção em soja**

O sucesso do melhoramento genético de plantas depende da existência de variabilidade genética, pois possibilita a seleção de genótipos. Os melhoristas buscam o genótipo que reúne características agronômicas favoráveis e alto rendimento de grãos. Contudo, a herança quantitativa da maioria dos caracteres de interesse, bem como as correlações existente entre eles, são fatores que dificultam a seleção simultânea de vários caracteres (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; LEITE *et al.*, 2016; TEIXEIRA *et al.*, 2017).

A genética quantitativa é uma área que traz inúmeras contribuições para o melhoramento genético, entre elas a predição dos ganhos obtidos por diferentes estratégias de seleção. A seleção de genótipos em uma população com alta variabilidade genética pode ser feita de forma direta, escolhendo os indivíduos com melhor fenótipo; pela seleção indireta por meio do conhecimento das correlações entre caracteres; ou ainda aplicando índices de seleção, que estimam valores de ganho genético baseados na seleção simultânea de mais de um caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O efeito da seleção é uma alteração na frequência alélica em uma população. A mudança provocada entre a média fenotípica dos indivíduos selecionados em relação à população original é denominada diferencial de seleção. A partir do diferencial de seleção e da herdabilidade estimada para o caráter é possível indicar um ganho genético obtido pela seleção direta (FALCONER; MACKAY, 1996).

Alguns autores têm identificado a existência de respostas correlacionadas entre caracteres e a influência dessas no processo de seleção, para diferentes espécies como em alfafa (VASCONCELOS *et al.*, 2010), em batata (TERRES *et al.*, 2015), em feijão (JOST *et al.*, 2012) e em soja (VAL *et al.*, 2017). A partir dessas correlações uma estratégia de seleção indireta pode ser desenvolvida, a fim de obter ganhos mais rápidos por meio da seleção de um caráter com maior herdabilidade correlacionado a

outro que tenha herdabilidade menor e seja objetivo principal (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Val *et al.* (2017) avaliando linhagens de soja do programa de melhoramento genético da UNESP em Jaboticabal -SP, estimaram as correlações entre caracteres e os ganhos genéticos obtidos para a seleção direta e indireta, a fim de identificar os caracteres mais favoráveis à seleção indireta da produtividade de grãos. Constataram pela elevada correlação e ganhos de seleção indiretos, que a seleção de plantas mais altas na maturidade favorece a seleção indireta de genótipos mais produtivos.

Para o sucesso do melhoramento genético os indivíduos selecionados devem apresentar não apenas um ou poucos caracteres superiores, mas sim reunir vários caracteres, que envolvem a arquitetura das plantas, os componentes de produção, resistência a estresses bióticos e abióticos e a produtividade de grãos (JOST *et al.*, 2012; LEITE *et al.*, 2016; TEIXEIRA *et al.*, 2017).

A teoria dos índices de seleção é uma alternativa que vem sendo utilizada em programas de melhoramento, a fim de selecionar genótipos que reúnam simultaneamente um conjunto de caracteres alvos de melhoramento. Essa análise permite estimar um valor numérico, que combina os caracteres de interesse que devem ser selecionados simultaneamente. Atualmente, várias metodologias para obtenção de índices têm sido propostas. Cada uma dessas metodologias apresenta propósitos diferentes e devem ser avaliadas e escolhidas de acordo com o objetivo do melhorista (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Vasconcelos *et al.* (2010) estimaram os ganhos de seleção em genótipos de Alfafa para as diferentes estratégias de seleção. Esses autores observaram que apesar da seleção direta apresentar um maior ganho genético para um caráter específico acarreta efeitos indesejados nos demais. Com isso, a utilização dos índices de Mulamba e Mock (1978), da distância genótipo-ideótipo e o de Elston podem gerar um progresso genético superior considerando o conjunto de caracteres em alfafa.

Bizari *et al.* (2017) comparam índices de seleção em diferentes situações e com pesos econômicos variados para linhagens F5 de soja, com o objetivo de identificar o método que promove os melhores ganhos genéticos. Constataram que para o índice clássico de Smith e Hazel e para o índice base de Willians houve menor diferença entre os resultados obtidos quando aplicados pesos econômicos distintos. Contudo, o índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) apresentaram os ganhos mais favoráveis ao melhoramento.

## REFERÊNCIAS

ADIE, M. M., KRISNAWATI, A. Characterization and clustering of agronomic characters of several soybean genotypes. **Nusantara Bioscience**, Surakarta, v. 9, n. 3, p. 237-242, 2017. <https://doi.org/10.13057/nusbiosci/n090301>

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, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DO AGRONEGÓCIO **O futuro da soja no Brasil**. 2015. 28p.

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

BALDISSERA, J. N. C., VALENTINI, G., COAN, M. M. D., GUIDOLIN, A. F., COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

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

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M., Importância econômica. *In*: SEDIYAMA, T., SILVA, F., BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 09-26.

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

BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. A soja no Brasil: história e estatística. Londrina, EMBRAPA-CNPSO, 61p. (EMBRAPA-CNPSO. Documentos, 21).

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. *In*: VERNETTI, F. J. (ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.

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

BRUNO, J. L.; SILVA, H. R.; MASSARO JUNIOR, F. L.; CAVENAGHI PRETE, C. E. Acúmulo de óleo em sementes de soja cultivadas in vitro e in vivo. **Semina:**

Ciências Agrárias, Londrina, v. 36, n. 5, 2015. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n5p385>

CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15048836>

CAPONE, A.; SANTOS, E. R.; SANTOS, A. F.; DARIO, A. S.; BARROS, H. B. Produtividade e qualidade de sementes de genótipos de soja para alimentação humana introduzidos em Tocantins, na entressafra. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 71-84, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2171>

CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, [s.l.], v. 5, n. 1, D102, 2018. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017058>

CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 87-97, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.02.0158>

CHUNG, G.; SINGH, R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v.27, n. 5, p.295-341, 2008. <https://doi.org/10.1080/07352680802333904>

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19 Segundo levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 6, n. 2, p. 1-134, 2018b.

CONAB. Análise mensal – Soja Maio 2018. **Companhia Nacional de Abastecimento**. 3p. 2018a. Disponível em , <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-mensal-de-soja>. Acesso em 20/11/2018.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011. 620p.

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

CUI, Z.; CARTER, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995. **Crop Science**, Madison, v. 40, n. 5, p. 1470-1481, 2000. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.4051470x>

CUNHA, R. C.; ESPÍNDOLA, C. J. A dinâmica geoeconômica recente da cadeia produtiva da soja no Brasil e no mundo. **GeoTextos**, [s.l.], v. 11, n. 1, p. 217-238, 2015. <https://doi.org/10.9771/1984-5537geo.v11i1.12692>

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil**, 2014. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 266p.

ESPINDOLA, S.; FINHOLDT, R.; FERREIRA JR, J. A.; KITANO, B.; DI MAURO, A. O. Avaliação da performance produtiva e agrônômica de genótipos de soja para a região de Jaboticabal, SP. **FAZU em Revista**, [s.l.], n. 08, p. 20-24, 2011.

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

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.  
<https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera**, [s.l.], v. 7, n. 12, p. 112, 2011.

FU, Y. B. Understanding crop genetic diversity under modern plant breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 128, n. 11, p. 2131-2142, 2015.  
<https://doi.org/10.1007/s00122-015-2585-y>

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Ciência e Cultura**, [s.l.], v. 70, n. 3, p. 16-18, 2018. <https://doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, Londres, v. 2015, 2015.  
<https://doi.org/10.1155/2015/431487>

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

HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAKI, R. L.; NOGUEIRA, A. P. O.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; JULIATTI, F. C.; SOUSA, L. B.; SHIGIHARA, D. Development of Brazilian Soybean Cultivars Well Adapted to Cerrado and Rust-Tolerant. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science**, Jaipur, v. 5, n. 7, 2018. <https://doi.org/10.22161/ijaers.5.7.19>

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; MAZIERO, S. M.; POSSOBOM, M. T. D. F.; ROSA, D. P.; DOMINGUES, L. S. Comparison among direct, indirect and index selections on agronomic traits and nutritional quality traits in common bean. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, [s.l.], v. 93, n. 5, p. 1097-1104, 2013.  
<https://doi.org/10.1002/jsfa.5856>

JUDD, W. S.; CAMPBELL, C. S.; KELLOGG, E. A.; DONOGHUE, M. J. **Sistemática vegetal, um enfoque filogenético**. 3. ed. Porto Alegre: Artmed, 2009. 632p.

- 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**, Teresina, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>
- LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, [s.l.], v. 30 p. 343-349, 2005. <https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002>
- MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; JORGE, G. L., REZENDE, G. F.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 33, n. 6, 2017. <https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240>
- MARDEGAN, Catarina. **Abordagem multivariada na análise de diversidade genética em cruzamentos para alto teor de óleo em soja**. 2014. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em agronomia) - Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2014.
- MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 27-53.
- MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; BROMMONSCHENKEL, S. H., FERREIRA, S. C.; FIALHO, G. S. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015.
- MORCELI JUNIOR, A. A.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematoide de cisto. **Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 3, 2015.
- MULATO, B. M.; MÖLLER, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000300007>
- NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B., NEUMAIER, N. **Características da Soja**. EMBRAPA: Ageitec. 2008.
- NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.
- NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres



em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, 2012.

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

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

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

ODA, M. C.; et al. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, [s.l.], v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015.

PELUZIO, J. M.; LOPES, L. A.; CARVALHO, E. V.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, [s.l.], v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014. <https://doi.org/10.4322/rca.2013.058>

PEREIRA, G.; NASCIMENTO, N. Cenário das Exportações Brasileiras de Soja: uma análise do mercado chinês. **Caderno Científico Cecies-Gestão**, [s.l.], v. 3, n. 1, 2017.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A., CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001000004>

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

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

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

SEDIYAMA, T., MATSUO, E., OLIVEIRA, R. C. T., GLASENAPP, J. S. Origem e evolução. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Editora Mecenasa, 2015. 352p.

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

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

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

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, n. 4, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

TERRES, L. R.; LENZ, E.; CASTRO, C. M.; PEREIRA, A. S. Estimativas de ganhos genéticos por diferentes índices de seleção em três populações híbridas de batata. **Horticultura brasileira**, Brasília, v. 33, n. 3, p.305-310, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0102-053620150000300005>

TODESCHINI, Matheus Henrique. **Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agronômicos**. Dissertação (Mestrado) Universidade Tecnológica Federal do Paraná. 2018.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **World agriculture production**, 29p. 2018.

VAL, B. H. P.; SILVA, F. M.; BIZARI, E. H.; LEITE, W. S.; GROLI, E. L.; PEREIRA, E. M.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MAURO, A. O. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. **African Journal of Biotechnology**, [s.l.], v. 16, n. 8, p. 328-336, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia Fatec-JB**, Jaboticabal, v. 6 n. 1, 2014. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

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. **Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 2, 2010.  
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>

VASCONCELOS, E. S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.  
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>

VILLELA, O.T.; VILLELA, O. T. ; UNEDA-TREVISOLI, S. H. ; SILVA, F. M. ; BÁRBARO JUNIOR, L. S.; MAURO, A. O Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**, Lagos, v. 13 n. 26, p. 2613-2625, 2014.  
<https://doi.org/10.5897/AJB2014.13661>

WYSMIERSKI, P.T.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>

ZHOU, X.; CARTER, T. E.; CUI, Z.; MIYAZAKI, S.; BURTON, J. W. Genetic base of Japanese soybean cultivars released during 1950 to 1988. **Crop science**, Madison, v. 40, n. 6, p. 1794-1802, 2000.  
<https://doi.org/10.2135/cropsci2000.4061794x>

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

## **CAPÍTULO 1. Parâmetros genéticos e estratégias de seleção aplicadas em caracteres agronômicos de linhagens de soja**

### **RESUMO**

Os programas de melhoramento genético da soja têm como principal objetivo a seleção de genótipos com caracteres agronômicos de interesse, maior produtividade de grãos e resistência a estresses bióticos e abióticos, a partir de diferentes fontes de diversidade genética que dão origem às populações com alta variabilidade genética, nas quais são aplicadas diferentes estratégias de seleção de linhagens. O objetivo do presente trabalho foi determinar parâmetros genéticos e estimar correlações entre caracteres agronômicos em soja; selecionar linhagens de soja por meio de seleção direta, indireta e com base em índices de seleção. O experimento foi realizado em campo, na fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia – MG. Foram avaliados 15 caracteres em 22 genótipos de soja (20 linhagens e 2 cultivares), em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Procedeu-se a análise de variância, o agrupamento dos genótipos pelo teste Scott-Knott e a estimativa dos coeficientes de correlação entre os caracteres. Em seguida foram estimados os ganhos de seleção por três estratégias: a seleção direta, a indireta e baseada em índices. Constatou-se a existência de variabilidade genética ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, para os caracteres avaliados, com exceção do número de vagens com um grão. Os parâmetros coeficiente de determinação genotípico, coeficiente de variação genético e a razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental indicaram condições favoráveis a seleção para os caracteres número de dias para o florescimento e maturidade, altura da planta, número de nós no florescimento e na maturidade e peso de cem grãos. A linhagem UFU FP 06 obteve valores médios superiores aos demais genótipos para os componentes de produção e a produtividade de grãos de 5343,82 kg ha<sup>-1</sup>. Foi evidenciado a existência de correlações entre os caracteres com predominância de causas genéticas, sendo assim, viável o estudo de seleção indireta nesta população. Constatou-se, ainda, a existência de correlação elevada e negativa entre os caracteres relacionados ao ciclo e a produtividade de grãos, refletindo a possibilidade de seleção de genótipos com menor número de dias para a maturidade e maior produtividade de grãos, simultaneamente. A seleção direta para a produtividade de grãos resultou em maior ganho de seleção quando comparada a aplicação de índices de seleção, contudo, o índice com base na soma de “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978) apresentou os melhores ganhos de seleção distribuídos entre todos os caracteres de interesses. Utilizando as diferentes estratégias de seleção os genótipos UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06 e UFU FP 08 foram selecionados como superiores em relação aos demais genótipos para o caráter produtividade de grãos.

**Palavras-chave:** Correlações. Índices de seleção. Ganho de seleção.

## **CHAPTER 1. Genetic parameters and selection strategies applied in agronomic traits in soybeans lineages**

### **ABSTRACT**

The genetic breeding programs of soybean have as their main objective the selection of genotypes with agronomic characters of interest, greater grain yield and resistance to biotic and abiotic stresses, from different sources of genetic diversity that give origin to populations with high genetic variability, in which are applied different lineages selection strategies. The objective of the present work was to determine genetic parameters and estimate correlations between agronomic characters in soybean; to select soybean lineages through direct, indirect selection and through selection indexes. The experiment was carried out in the field at the Capim Branco farm, belonging to the Federal University of Uberlandia, in the municipality of Uberlandia - MG. Fifteen characters were evaluated in 22 soybean genotypes (20 lineages and 2 cultivars), in a randomized complete block design with three replicates. After the analysis of variance, the genotype grouping by the Scott-Knott test and the estimation of the coefficients of correlation between the characters were performed. Afterwards, the selection gains were estimated by three strategies: direct selection, indirect selection and index selection. It was verified the existence of genetic variability at 1% and 5% probability by the F test for the characters evaluated, except for the number of pods with a grain. The parameters coefficient of genotypic determination, coefficient of genetic variation and the ratio between coefficients of genetic and environmental variation indicated favorable selection conditions for the characters number of days for flowering and maturity, height of plant and number of nodes at flowering and maturity and weight of one hundred grains. The UFU FP 06 line presented superior average values related with others for the production components and grain yield of 5343.82 kg ha<sup>-1</sup>. It was evidenced there were correlations between the characters with predominance of genetic causes, so, it was possible studied indirect selection on this population. It was also verified the existence of high and negative correlation between cycle-related traits and grain yield, reflecting the possibility of selection of genotypes with less number of days for maturity and higher grain yield simultaneously. The direct selection for grain yield resulted in the highest gain of selection when comparing the application of selection indexes, however, the index based on the sum of ranks proposed by Mulamba e Mock (1978) presented the best distributed selection gains among all the characters of interests. Using the different selection strategies, genotypes UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06 and UFU FP 08 was selected as superior than other genotypes.

**Key-words:** Correlations. Selection indexes. Selection gains.

## 1 INTRODUÇÃO

A produção de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) no Brasil deve aumentar 29,70% nos próximos dez anos, um reflexo da expansão territorial agrícola e do aumento da produtividade de grãos (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E ABASTECIMENTO - MAPA, 2017). Os programas de melhoramento genético estão entre os principais responsáveis por esse resultado, uma vez que lançam a cada safra novas cultivares mais produtivas e adaptadas a diferentes ambientes.

Historicamente o desenvolvimento dessa leguminosa era exclusivo para regiões de climas temperados. Ao ser inserida, primeiramente no estado da Bahia, no século XIX, não teve boa adaptação, principalmente por ser um ambiente de baixas latitudes. Na década de 1960, quando começou a produção de soja no Brasil, ficou restrita principalmente na região sul do país, devido às características edafoclimáticas favoráveis a cultura (CATTELAN; DALL'AGNOL, 2017).

A expansão da cultura da soja por todo o território brasileiro deve-se aos avanços obtidos em tecnologias de produção e programas de melhoramento genético. A pesquisa científica nesse aspecto permitiu obter novos genótipos, que reuniam genes capazes de promover o bom desenvolvimento da leguminosa, em regiões mais próximas à linha do equador, e com fotoperíodos curtos. O desenvolvimento de cultivares de período juvenil longo foi um marco para o melhoramento genético da soja brasileiro (GAZZONI, 2018).

Os programas de melhoramento utilizam diferentes fontes de diversidade genética para o desenvolvimento de populações com alta variabilidade onde são aplicadas a seleção de linhagens de melhoramento e populações experimentais (FU, 2015). Novos genótipos que agreguem os principais caracteres de interesse agrônomo, elevada produtividade de grãos, elevados teores de óleo ou proteínas, são os principais objetivos do melhoramento genético. Porém, atualmente a demanda tecnológica envolve a arquitetura de plantas favoráveis à mecanização, o ciclo menor como possibilidade de se fazer mais de uma safra ao ano, e resistência genética a estresses bióticos e/ou abióticos, como doenças, falta de recursos hídricos e a salinidade (HEINEMANN *et al.*, 2014).

A variabilidade genética dos caracteres observada nas populações em estudo é fundamental para que haja a seleção (GOVINDARAJ *et al.*, 2015). A variância que é estimada diretamente dos valores mensurados em uma população é a variância

fenotípica, que está sob dois efeitos principais: a variância genética e a variância ambiental. Estimar corretamente cada efeito avaliado é imprescindível para uma correta seleção (SANTOS *et al.*, 2018).

Os principais caracteres de interesse ao melhoramento genético da soja são quantitativos, ou seja, governados por muitos genes e de alta influencia ambiental, impactando assim, na direção e estratégias de melhoramento, principalmente dificultando a seleção com altos ganhos genéticos para tais caracteres (HALLAUER, 2011).

O processo de seleção dos genótipos baseado nos caracteres individualmente, de forma direta, pode gerar consequências indiretas em outros caracteres importantes (VASCONCELOS *et al.*, 2010). Isso ocorre, caso exista correlação entre dois ou mais dos caracteres fenotípicos com herança quantitativa, podendo ser positivas ou negativas. Conhecer tais correlações permite a seleção indireta de caracteres com baixa herdabilidade, por meio da seleção direta daqueles que apresentam maior efeito genético (SOUSA *et al.*, 2015).

A necessidade de selecionar simultaneamente mais de um caráter torna a utilização dos índices de seleção uma alternativa que permite encontrar os genótipos que envolvem os melhores ganhos genéticos para um conjunto de caracteres concomitantes (TEIXEIRA *et al.*, 2017).

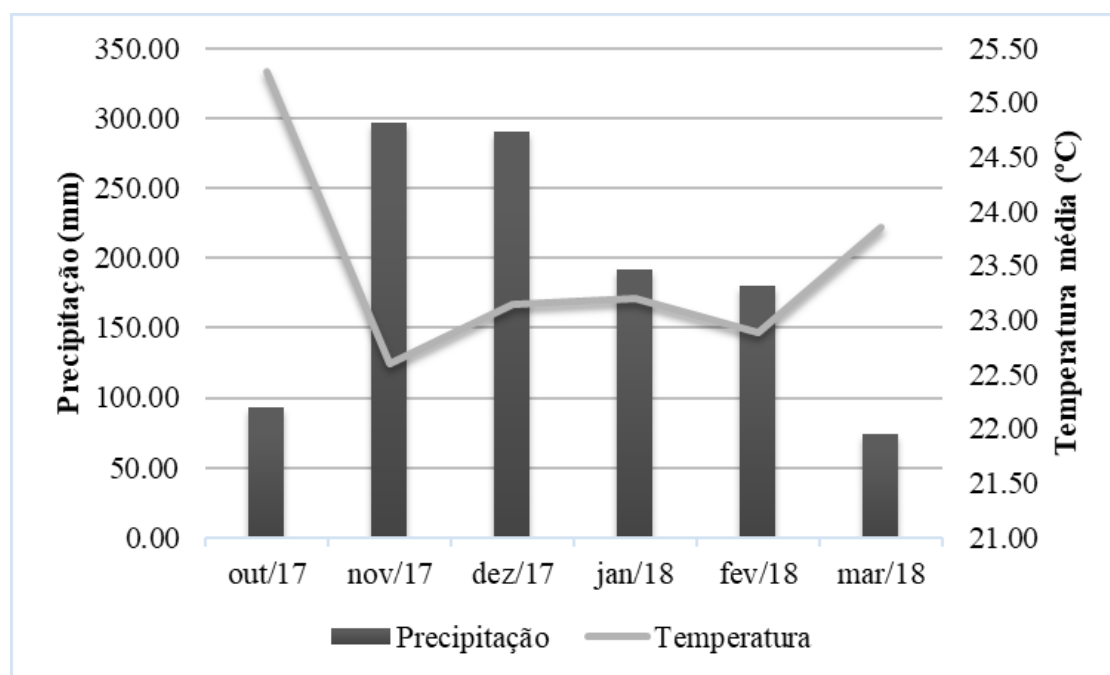
Com base na importância do melhoramento genético de soja para a indústria nacional, e da necessidade de se conhecer os efeitos, que afetam a variabilidade fenotípica e obter novos genótipos superiores, o objetivo do presente trabalho foi: determinar parâmetros genéticos e estimar correlações entre caracteres agrônômicos em soja; selecionar linhagens de soja por meio de seleção direta, indireta e com base em índices de seleção.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido na área do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Localizada na fazenda experimental Capim Branco, Uberlândia-MG, pertencente à mesma universidade, com as coordenadas geográficas: latitude 18° 53'19''S, longitude 48° 20'57''W e altitude de 872 m.

O experimento foi conduzido na época de semeadura indicada para a região, entre o período de outubro/2017 a março/2018, caracterizado por índices pluviométricos elevados (FIGURA. 1).

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação entre os meses de outubro/2017 a março/2018 em Uberlândia- MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA – UFU.

As condições climáticas foram favoráveis à cultura da soja, uma vez que, a necessidade hídrica para a obtenção de elevada produtividade de grãos é de 450 a 850 mm distribuídos durante o ciclo total da planta, para essa espécie (CARVALHO et al., 2013).

Foram avaliadas 20 linhagens de soja em geração F9, provenientes do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia e duas



cultivares testemunhas NS 6939RR e NA 5909RG. Ambas as testemunhas coincidem nos seus principais descritores e no ciclo precoce (TABELA 1).

TABELA 1. Principais descritores das cultivares NS 6939RR e NA 5909RG

Cultivar	Cor da flor	Cor do hilo	Tipo de crescimento	Grupo de maturidade	Ciclo
NS 6939RR	Roxa	P. I.	Indeterminado	6.9	Superprecoce
NA 5909RG	Roxa	P. I.	Indeterminado	6.9	Superprecoce

Fonte: Nidera Sementes. <http://www.niderasementes.com.br>; P.I.: Preto imperfeito.

A área experimental foi classificada como Latossolo Vermelho Escuro distrófico na qual foi realizada análise química do solo a partir de uma amostra retirada em três pontos distintos da área, com profundidade de 0 a 20 cm (TABELA 2). O solo foi então preparado para a semeadura com uma aração e duas gradagens e adubado com o formulado 02-18-12, na dosagem 400 kg ha<sup>-1</sup>.

TABELA 2. Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia - MG

pH em H <sub>2</sub> O	M.O (dag kg <sup>-1</sup> )	P Meh <sup>-1</sup> (mg m <sup>-3</sup> )	K <sup>+</sup>	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	Al <sup>3+</sup>	H + Al	V (%)
			cmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup>					
5,6	2,2	6,6	0,31	4,1	1,0	0,0	3,40	61

Fonte: Laboratório de Manejo de Solos – LAMAS – UFU.

Os genótipos foram dispostos na área em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de plantas de soja, com 5 m de comprimento, espaçadas em 0,5 m. A parcela útil compreendeu as duas linhas centrais excluindo 0,5 m das extremidades em cada parcela experimental. A semeadura ocorreu no dia 14 de outubro de 2017, colocando-se manualmente 100 sementes por linha, previamente tratadas com fungicidas Carbendazim e Tiram e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*.

O controle de plantas daninhas, insetos e fungos patogênicos foi realizado a partir de aplicações de produtos químicos comerciais por meio de aplicador costal manual com 20L de calda. Foi realizada aplicação de herbicida pré-emergente, S-metaclo-ro, na dose de 1,4 L ha<sup>-1</sup>, logo em seguida a semeadura, e uma aplicação de herbicida pós-emergente, Cletodim, 1,0 L ha<sup>-1</sup>, quando a soja se encontrava em estágio

V4 (FEHR; CAVINESS, 1977) e uma capina manual. Foi realizada uma adubação foliar com micronutrientes Cobalto e Molibdênio também no estágio V4 da cultura. Para controlar insetos e doenças foram feitas duas aplicações de inseticida Acefato ( $1,0 \text{ g ha}^{-1}$ ) e fungicida Tryfloxystrobin ( $100 \text{ mL ha}^{-1}$ ).

As avaliações dos caracteres agrônômicos foram realizadas nos estádios fenológicos R1 e R8 (FEHR; CAVINESS, 1977), caracterizados pelo início da fase reprodutiva, quando ocorre o florescimento, e final do ciclo quando 95% das vagens encontram-se na cor prevista para o genótipo. Com exceção dos caracteres peso de cem grãos e produtividade de grãos, os demais foram avaliados em cinco plantas amostradas aleatoriamente na parcela útil. Foram avaliados os seguintes caracteres:

1. Número de Dias para o Florescimento (NDF): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com pelo menos uma flor aberta na haste principal (R1);
2. Número de Dias para a Maturidade (NDM): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo (R8);
3. Altura da Planta no Florescimento (APF): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);
4. Altura da Planta na Maturidade (APM): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);
5. Altura da Inserção da primeira Vagem (AIV): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
6. Número de Nós no Florescimento (NNF): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);
7. Número de Nós Totais (NNT): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
8. Número de Nós Produtivos (NNP): Obtida pela contagem de todos os nós ou ramos na haste principal que apresentavam a presença de vagens (R8);
9. Número de Nós Ramificados (NNR): Obtida pela contagem de todos os nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);

10. Número de vagens com 1 grão (NV1G): Obtida pela contagem do número de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
11. Número de vagens com 2 grãos (NV2G): Obtida pela contagem do número de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
12. Número de vagens com 3 grãos (NV3G): Obtida pela contagem do número de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
13. Número de Vagens Totais (NVT): Obtida pela contagem do número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
14. Peso de 100 grãos (P100G): Posterior à colheita foi mensurada a massa em gramas de cem grãos da parcela útil em oito repetições, seguindo as indicações das Regras de Análise de Sementes (RAS) foram estimados em média o peso de cem grãos de cada parcela;
15. Produtividade de grãos (PROD): Após a colheita, a parcela útil foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida foi mensurada sua massa, em balança digital com quatro casas decimais, e sua umidade, em medidor de umidade de grãos. A produtividade de grãos foi extrapolada para kg ha<sup>-1</sup> e corrigida para umidade de 13% segundo a equação:

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

Em que:

PF: Produtividade final da amostra;

PI: Produtividade inicial da amostra;

UI: Umidade inicial da amostra;

UF: Umidade final da amostra (13%);

Primeiramente foi realizada a análise de variância (ANOVA) e estimados os parâmetros genéticos para cada caráter avaliado, em seguida, por meio do teste de médias de Scott-Knott, os genótipos foram agrupados aos níveis de 5 e 10% de probabilidade. A ANOVA seguiu o modelo estatístico abaixo, admitindo efeito fixo para os genótipos.

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

Em que:

$Y_{ij}$ : valor de cada caráter em uma parcela que compreende o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

$\mu$ : média geral do caráter;

$G_i$ : efeito do genótipo i;

$B_j$ : efeito do bloco j;

$\varepsilon_{ij}$ : efeito do erro aleatório.

Foram estimados o coeficiente de variação genotípica (CVg) e a razão entre o coeficiente de variação genotípica e ambiental (CVg/CVe).

$$CV_g = \frac{\hat{\sigma}_g}{m} \times 100$$

Em que:

CV<sub>g</sub>: Coeficiente de variação genotípica;

$\hat{\sigma}_g$ : Estimativa do desvio padrão genotípico;

m: média observada do caráter.

Em seguida foi estimado o coeficiente de determinação genotípico com base na equação a seguir:

$$H^2 = \frac{\hat{\phi}_g}{QMT/r} \times 100$$

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

Em que:

H<sup>2</sup>: Coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\phi}_g$ : Componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

As correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres avaliados foram mensuradas a fim de observar a viabilidade da seleção indireta por meio de caracteres correlacionados. Foram utilizados os seguintes estimadores de correlação:

$$rf = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que:

rf: estimador de correlação fenotípica;

PMG<sub>xy</sub>: produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG<sub>x</sub>: quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;

QMG<sub>y</sub>: quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y.

$$rg = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})/r}{\sqrt{\hat{\phi}_{g(x)} \hat{\phi}_{g(y)}}} = \frac{\hat{\phi}_{g(xy)}}{\sqrt{\hat{\phi}_{g(x)} \hat{\phi}_{g(y)}}}$$

Em que:

rg: Estimador de correlação genotípica;

$\hat{\phi}_{g(xy)}$ : Estimador da covariância genotípica;

$\hat{\phi}_{g(x)}$  e  $\hat{\phi}_{g(y)}$ : Estimador dos componentes quadráticos associados à variabilidade genotípica para os caracteres X e Y, respectivamente.

Determinaram-se o ganho de seleção para os caracteres, adotando três estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e baseada em índices. Foram selecionados 20% dos indivíduos superiores.

Para a seleção direta e indireta foram estimados os ganhos de seleção (GS) baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

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

Em que:

$GS_i$ : ganho de seleção direto no  $i$ -ésimo caráter;

$X_{si}$ : média das linhagens selecionadas para o caráter  $i$ ;

$X_{oi}$ : média original da população para o caráter  $i$ ;

$H_i^2$ : Coeficiente de determinação genotípico do caráter  $i$ ;

$DS_i$ : diferencial de seleção praticado na população.

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

Em que:

$GS_{j(i)}$ : ganho de seleção indireto no  $j$ -ésimo caráter pela ação no  $i$ -ésimo caráter;

$DS_{j(i)}$ : diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter  $j$  nos indivíduos selecionados com base no caráter  $i$ .

O índice de seleção baseado na soma de “ranks” tem base na classificação dos genótipos para cada caráter em ordem favorável ao melhoramento. De acordo com os ganhos de seleção direto e indireto, e então, somar as ordens de cada caráter para o genótipo resultando uma medida somada que é tomada como índice, como descrito pela equação a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Em que:

$I$ : Valor do índice para determinado genótipo;

$r_j$ : classificação de um indivíduo para o caráter  $j$ ;

$r_n$ : número de variáveis consideradas no índice.

Para a estimativa do índice da distância genótipo-ideótipo foram calculados a média e os valores máximos e mínimos de cada caráter. Foram considerados  $X_{ij}$  como a média do valor fenotípico do caráter  $j$  no genótipo  $i$ ,  $Y_{ij}$  representa a média transformada do valor fenotípico, e  $C_{ij}$  que é a constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim teve-se:

Se  $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$ , então  $Y_{ij} = X_{ij}$ ;  
 Se  $X_{ij} < LI_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$ ;  
 Se  $X_{ij} > LS_j$ ,  $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$ .

Em que,

$LI_j$ : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j;

$LS_j$ : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j;

$VO_j$ : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Foi considerado então  $C_j = LS_j - LI_j$ . Assim o valor da constante  $C_j$  garantiu que qualquer valor de  $X_{ij}$  dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultasse em um valor de  $Y_{ij}$  com magnitude próxima do valor ótimo ( $VO_j$ ). Os valores  $Y_{ij}$  obtidos por transformação foram então padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter pela equação a seguir:

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

Em que,

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

$a_j$ : peso ou valor econômico da característica.

A padronização e ponderação do valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi realizada seguindo a equação:

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

Foram então calculados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), conforme a equação a seguir:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - VO_j)^2}$$

A ordem de seleção será mantida como decréscimo para NDF e NDM e acréscimo para os demais caracteres. Todas as análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016).



### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em programas de melhoramento genético a base da seleção de genótipos superiores é a variabilidade genética existente na população de estudo (VAL *et al.*, 2017). No presente trabalho detectou-se variabilidade genética ao nível de 1 e 5% pelo teste F para os caracteres avaliados, com exceção do número de vagens com um grão (TABELA 3).

TABELA 3. Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação para caracteres agrônômicos e produtividade de grãos avaliados em 22 genótipos de soja

Caracteres	QMG	H <sup>2</sup> (%)	CVg (%)	CVg/Cve	CV (%)
NDF	256,43**	95,18	16,15	2,56	6,30
NDM	461,09**	89,67	9,05	1,70	5,32
APF	622,20**	89,99	23,40	1,73	13,52
APM	418,36**	92,24	14,15	1,99	7,11
AIV	25,77**	60,13	17,24	0,71	24,31
NNF	8,12**	84,23	12,90	1,33	9,67
NNT	15,15**	91,88	11,99	1,94	6,17
NNP	13,07**	67,22	13,57	0,83	16,42
NNR	3,34**	63,32	19,35	0,76	25,51
NVT	941,01*	47,47	15,93	0,55	29,03
NV1G	63,38 <sup>NS</sup>	35,81	14,85	0,43	34,52
NV2G	369,36**	57,18	20,70	0,67	31,02
NV3G	95,74*	45,62	21,83	0,53	41,29
PROD	1768594,22**	58,93	18,86	0,69	27,27
P100G	19,02**	84,27	16,79	1,34	12,56

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; PROD: produtividade de grãos; P100G: peso de cem grãos. QMG: quadrado médio do genótipo; H<sup>2</sup>: coeficiente de determinação genotípico; CVg: Coeficiente de variação genético; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. \*\*e\*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; NS: não significativo para o teste F. Fonte: Autora.

Alguns autores têm identificado variabilidade genética quando avaliadas linhagens provenientes do programa de melhoramento genético de soja da UFU, possibilitando a seleção de genótipos superiores (SOUZA *et al.*, 2015; MATTOS, 2017; TEIXEIRA *et al.*, 2017; MACHADO *et al.*, 2017).

Estimar parâmetros genéticos, como o coeficiente de determinação genotípico, o coeficiente de variação genotípico e a relação entre os coeficientes de variação genético e ambiental, traz informações úteis para o melhoramento genético. Conhecer esses parâmetros permite definir os métodos de melhoramento utilizados (MATSUO *et al.*, 2012).

O coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ) refere-se à proporção da variabilidade fenotípica atribuída às causas genéticas (FALCONER; MACKAY, 1996). Trata-se do principal parâmetro genético em programas de melhoramento, pois permite inferências sobre o ganho de seleção. Os valores de  $H^2$  são considerados altos quando igual ou superior a 70% em plantas (ROCHA *et al.*, 2015).

Os caracteres NV1G (35,81%) e APM (92,24%) apresentaram o menor e maior valor para  $H^2$ , respectivamente (TABELA 3). Outros sete caracteres, NDF, NDM, APF, RAP, NNF, NNT e P100G foram superiores ao limite considerado alto, evidenciando a possibilidade de sucesso na seleção desses caracteres. Machado *et al.* (2017) avaliando correlações e diversidade genética em linhagens e cultivares de soja no município de Uberlândia – MG, também observaram elevados índices de  $H^2$  para os caracteres relacionados à altura de plantas, número de nós, número de sementes por vagem, peso do grão e produtividade de grãos.

O coeficiente de variação genético ( $CV_g$ ) é estimado a fim de inferir sobre a magnitude da variabilidade genética (FERRÃO *et al.*, 2008). E a razão  $CV_g/CV_e$  representa uma informação importante para o melhoramento, quando atinge valores maiores ou igual a uma unidade indicam uma situação favorável à seleção (LEITE *et al.*, 2016).

Os valores de  $CV_g$  estimados no presente trabalho variaram entre 9,05% (NDM) e 23,40% (APF) (TABELA 3), evidenciando a existência de variabilidade para esses caracteres. A análise da razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental teve uma amplitude de 0,43 a 2,56 para os caracteres NVG1 e NDF, respectivamente (TABELA 3).

A análise dos coeficientes de variação genético e ambiental confirmam as condições favoráveis para a seleção a partir de NDF, NDM, APF, APM, NNF, NNT e

P100G. Esses caracteres coincidiram para elevado coeficiente de determinação genotípico e razão CVg/CVe acima de uma unidade. Resultados semelhantes com estimativas da razão acima de 1 foram obtidos por Leite *et al.* (2016) em linhagens F8 de soja.

O coeficiente de variação oscilou entre 5,32 a 41,59% (TABELA 3) para NDM e NV3G, respectivamente, cujas estimativas superiores foram obtidas para os componentes de produção. Teixeira *et al.* (2017) avaliaram linhagens de soja em geração F7, em Uberlândia – MG, e detectaram C.V. de 40,58% para o caráter NVT e 70,54% para NNR. Andrade *et al.* (2016) em estudo com linhagens em geração F6, em Jaboticabal – SP, encontraram as maiores estimativas de CV para o caráter número de ramos (69,5%).

A fim de avaliar o potencial dos genótipos em relação aos caracteres avaliados, os genótipos foram agrupados conforme consta na TABELA 4. Analisando os caracteres NDF e NDM foi possível obter informações acerca do ciclo de cada genótipo, que são distintos, devido à diferença de sensibilidade dos genótipos ao fotoperíodo (SILVEIRA NETO *et al.*, 2005; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Para o número de dias até o florescimento foram obtidos quatro grupos, com valores que oscilaram entre 30,67 e 65 dias, para os genótipos NA5909RG e UFU FP 20, respectivamente (TABELA 4). Entre as linhagens avaliadas observou-se que a UFU FP 17 obteve o menor ciclo, 51 dias (TABELA 4).

As cultivares NA 5909RG e NS 6939RR tiveram os menores ciclos dentre os genótipos avaliados, 95,67 e 98 dias, respectivamente (TABELA 4), permanecendo isoladas no primeiro agrupamento de médias. Entre as linhagens, outros dois grupos foram formados, porém todas se comportaram com ciclo tardio variando de 123,67 dias (UFU FP 17) até 143,33 dias (UFU FP 15 e 19) (TABELA 4).

Ferreira Júnior *et al.* (2015) avaliaram o desempenho agrônômico de 41 linhagens de soja, no município de Jaboticabal – SP, e encontraram valores para o caráter número de dias para a floração oscilando entre 36,6 e 56,6 dias, e para número de dias para a maturidade os valores foram de 102,0 a 133,5 dias.

TABELA 4. Agrupamento de médias dos caracteres agronômicos avaliados em 22 genótipos de soja

Genótipo	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNF	NNT	NNP	NNR
UFU FP 01	52,33b	129,33b	51,20b	72,67c	15,13a	10,47b	14,93c	10,53b	3,07b
UFU FP 02	64,33d	134,67b	78,67a	95,33b	18,40a	12,93a	18,93b	11,53b	5,07a
UFU FP 03	58,00c	124,33b	59,60b	81,53b	11,20b	13,07a	19,53b	10,53b	4,07b
UFU FP 04	64,33d	127,67b	77,80a	88,27b	10,93b	12,20a	18,47b	11,80b	4,00b
UFU FP 05	51,67b	132,33b	54,47b	72,33c	13,07b	13,00a	17,93b	12,80b	3,53b
UFU FP 06	59,33d	127,33b	57,90b	75,60c	13,33b	12,13a	18,33b	13,73b	6,00a
UFU FP 07	64,00d	134,67b	70,27a	82,73b	18,13a	11,80b	17,07c	12,53b	4,67a
UFU FP 08	59,00d	128,00b	63,80a	83,47b	13,53b	12,73a	19,07b	13,27b	4,67a
UFU FP 09	64,33d	143,00c	65,07a	114,13a	17,40a	12,60a	26,27a	20,00a	3,00b
UFU FP 10	52,33b	127,00b	51,73b	66,87d	9,27b	11,00b	17,60b	13,73b	4,93a
UFU FP 11	54,67c	134,00b	54,80b	83,53b	12,07b	11,13b	17,67b	10,93b	3,47b
UFU FP 12	57,00c	126,33b	57,47b	82,87b	10,27b	13,87a	18,93b	13,87b	4,33b
UFU FP 13	55,33b	132,33b	65,53a	87,93b	15,47a	10,87b	16,60c	11,87b	3,53b
UFU FP 14	49,00c	134,67b	53,27b	71,67c	10,80b	11,60b	17,33b	11,67b	2,93b
UFU FP 15	56,67b	143,33c	57,73b	81,20b	18,13a	12,60a	17,93b	13,40b	4,47a
UFU FP 16	65,00c	142,67c	75,60a	89,40b	14,27a	12,73a	17,47b	12,93b	5,93a
UFU FP 17	51,00b	123,67b	52,80b	85,07b	11,20b	11,27b	19,27b	12,47b	3,47b
UFU FP 18	61,00d	141,67c	65,40a	79,53b	13,13b	11,87b	16,40c	11,60b	4,67a
UFU FP 19	62,33d	143,33c	58,60a	73,50c	13,93b	13,13a	15,73c	10,13b	6,07a
UFU FP 20	63,67d	131,00b	68,80a	74,33c	10,87b	11,80b	18,07b	10,47b	6,33a
NA 5909RG	30,67a	95,67a	22,00c	56,00e	11,00b	7,40c	15,20c	12,67b	4,13b
NS 6939RR	33,00a	98,00a	21,80c	65,33d	8,53b	7,33c	16,67c	14,87b	3,13b

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade. Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott a 5% de significância. Fonte: Autora.

Sousa (2013) estudando diversidade genética entre linhagens de soja, em geração F6, em Uberlândia – MG, também observou elevados valores para os caracteres envolvidos no ciclo dos genótipos, por exemplo, o período de fase vegetativa dos genótipos avaliados, variou entre 41 e 53 dias, o genótipo mais precoce apresentou ciclo de 110 dias e o mais tardio com 139 dias até a maturidade. Esses

resultados corroboram com o observado para o ciclo das linhagens avaliadas no presente estudo.

A arquitetura de plantas envolve caracteres de importância agrônômica que influenciam a produtividade, a facilidade no manejo da cultura e a mecanização da produção. A altura de plantas está relacionada à resistência dos genótipos ao acamamento, plantas muito altas tendem a acamar, causando a perda de grãos e dificuldades na colheita (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Os valores médios de altura de plantas no florescimento (APF) foram agrupados em três grupos, um deles incluiu as testemunhas que tiveram aproximadamente 22 cm (TABELA 4). Entre as linhagens os valores para APF oscilaram entre 51,20 e 78,67 cm para UFU FP 01 e UFU FP 02 respectivamente (TABELA 4). Ferreira Júnior *et al.* (2015) também observaram variação na altura de plantas no florescimento, entre as linhagens avaliadas, medindo de 29,60 e 76,90 cm.

A altura ideal de plantas para o manejo mecanizado da cultura varia entre 50 e 100 cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Com exceção da linhagem UFU FP 09 que teve o maior valor para APM e ultrapassou o limite, os demais genótipos apresentaram médias ótimas para o caráter, variando entre 56 cm, para a testemunha NA 5909RG e 95,33 cm para a linhagem UFU FP 02 (TABELA 4). Outros autores ao avaliarem caracteres agrônômicos em genótipos de soja encontraram resultados semelhantes (HAMAWAKI, 2010; FERREIRA JÚNIOR *et al.*, 2015; MACHADO, 2017).

Outro caráter da arquitetura de plantas, que é relevante para o melhor aproveitamento na colheita mecanizada é a altura de inserção da primeira vagem (AIV), a altura mínima para evitar perdas devido à barra de corte das colhedoras atuais é de 10 a 15 cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). No presente trabalho a amplitude desse caráter foi de 8,53 cm para a cultivar NS 6939RR a 18,40 cm para a linhagem UFU FP 02 (TABELA 4).

Pinheiro Luiz (2018), avaliando a relação da arquitetura de plantas com a época de semeadura em cultivares de soja, observou, para semeadura em outubro, uma variação da altura de inserção da primeira vagem entre 13,46 e 15,76 cm.

Nogueira *et al.* (2012) evidenciaram que a avaliação do número de nós por plantas é importante, por apresentar elevada correlação com o número de vagens, um dos componentes da produção de grãos em soja. No presente trabalho as médias dos

caracteres NNF foram divididos em dois grupos, enquanto para NNT apresentaram três grupos de média (TABELA 4).

Todas as linhagens foram superiores as testemunhas no quesito número de nós no florescimento (NNF). Os valores médios oscilaram entre 7,33 nós (NS 6939RR) e 13,87 nós (UFU FP 12). O número de nós totais na maturidade (NNT) teve uma variação entre 14,93 e 26,27 nós (TABELA 4).

Ao avaliarem 11 cultivares de soja, em dois locais, Santa Maria – RS e Capão do Leão - RS, Perini *et al.* (2012) confirmaram a influência do caráter NNT sobre a massa de grãos por planta, evidenciando a importância do caráter. Esses autores também observaram uma amplitude do caráter de 12,03 a 16,61 nós.

O aumento da parte aérea, pela expansão dos ramos e menores espaços entre nós, indica um aumento de área fotossintética, garantindo energia para a produção de grãos e ainda um maior número de gemas possíveis ao surgimento de vagens (MAUAD *et al.*, 2010). O número de ramos está relacionado à competição intraespecífica por fatores importantes ao desenvolvimento da planta, como água, luz e nutrientes. Além disso, o maior número de ramificações favorece um maior surgimento de gemas que darão origem a nós produtivos (TORRES *et al.*, 2015). Sendo assim, NNP e NNR, são caracteres que afetam positivamente a produtividade de grãos.

Os genótipos foram separados em dois grupos para os caracteres NNP e NNR. Para NNP os resultados estiveram entre 10,13 e 20,00 nós, observados nos genótipos UFU FP 19 e UFU FP 09, respectivamente (TABELA 4). O caráter NNR oscilou entre 3,00 a 6,33 ramos para os genótipos UFU FP 09 e UFU FP 20, respectivamente (TABELA 4).

Teixeira *et al.* (2017) ao avaliarem parâmetros genéticos e seleção de genótipos baseado no desempenho agrônomico, observaram uma variação para o caráter NNP de 4,27 a 10 nós, sendo, portanto, inferiores aos obtidos no presente trabalho. Torres *et al.* (2015) avaliaram o desempenho agrônomico de seis cultivares de soja, em Aquidauana – MS, e observaram valores para NNR de 3,25 a 6,77 nós, uma amplitude semelhante ao observado neste trabalho.

Os componentes de produção envolvem o número de vagens por planta, número de grãos por vagens e a massa de cem grãos. Os valores médios para esses caracteres e para produtividade de grãos estão apresentados na TABELA 5.

TABELA 5. Médias dos componentes de produtividade e da produtividade de grãos avaliados em 22 genótipos de soja

Genótipo	NVT <sup>+</sup>	NV1G	NV2G*	NV3G*	P100G*	PROD <sup>+</sup>
UFU FP 01	52,67b	11,20a	24,60b	16,80 <sup>a</sup>	11,19d	3327,79c
UFU FP 02	81,40a	18,80a	36,07b	26,40 <sup>a</sup>	13,94c	3205,82c
UFU FP 03	84,20a	22,53a	45,13a	16,53 <sup>a</sup>	16,46b	3922,91b
UFU FP 04	82,93a	19,20a	44,07a	19,33 <sup>a</sup>	15,97b	3637,92b
UFU FP 05	67,27b	16,73a	34,07b	16,47 <sup>a</sup>	12,03d	2392,56c
UFU FP 06	119,07a	26,33a	65,73a	26,67 <sup>a</sup>	14,70c	5343,82a
UFU FP 07	85,87a	21,00a	42,47a	22,20 <sup>a</sup>	12,12d	2483,50c
UFU FP 08	93,53a	17,53a	49,60a	26,13 <sup>a</sup>	14,43c	3968,36b
UFU FP 09	65,00b	16,67a	37,00b	11,33 <sup>a</sup>	12,48d	2260,91c
UFU FP 10	53,93b	14,00a	31,67b	8,27 <sup>a</sup>	16,66b	2868,38c
UFU FP 11	57,40b	11,67a	21,47b	24,27 <sup>a</sup>	12,22d	2979,25c
UFU FP 12	72,60b	20,07a	34,80b	17,40a	14,00c	3013,30c
UFU FP 13	66,20b	18,00a	36,20b	11,93 <sup>a</sup>	14,06c	3239,58c
UFU FP 14	43,27b	10,33a	25,40b	7,53a	14,55c	2890,14c
UFU FP 15	89,87a	16,80a	56,00a	17,07 <sup>a</sup>	10,61d	2319,28c
UFU FP 16	88,93a	19,93a	50,27a	18,73 <sup>a</sup>	9,09d	1890,81c
UFU FP 17	61,40b	16,20a	33,20b	12,00a	14,05c	3952,79b
UFU FP 18	95,40a	21,47a	51,13a	22,80 <sup>a</sup>	11,85d	3010,25c
UFU FP 19	79,53a	20,00a	42,33a	16,93 <sup>a</sup>	11,59d	2240,42c
UFU FP 20	96,80a	30,33a	54,13a	12,27 <sup>a</sup>	13,40c	2935,45c
NA 5909RG	69,73b	18,33a	31,87b	19,53 <sup>a</sup>	20,14a	3263,62c
NS 6939 RR	77,87a	19,40a	44,60a	13,87 <sup>a</sup>	17,39b	3602,00b

NVT: número de vagens totais; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; P100G: peso de cem grãos; PROD: produtividade de grãos. Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott ao nível de 5 e 10% de significância. Fonte: Autora.

O caráter número de vagens totais (NVT) é um componente importante por apresentar uma correlação genética positiva e elevada com a produtividade de grãos e pode ser influenciado pelo aumento no número de nós (RAMBO *et al.*, 2003; LEITE *et al.*, 2016).

Notou-se a formação de dois grupos de genótipos para o caráter NVT, cuja amplitude foi de 52,67 a 119,07 vagens por planta, para as linhagens UFU FP 01 e UFU FP 06, respectivamente (TABELA 5). Segundo Matsuo; Ferreira; Sedyama (2015) apesar de um potencial máximo de 400 vagens por planta de soja, as cultivares comercializadas no Brasil apresentam um máximo de 80 vagens para cada planta. Os resultados obtidos no presente trabalho mostram que as linhagens UFU FP 02, UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06, UFU FP 07, UFU FP 08, UFU FP 15, UFU FP 16,

UFU FP 18 e UFU FP 20, superaram o máximo de 80 vagens por planta descrito na literatura.

Avaliando dois experimentos com linhagens de soja, em Jaboticabal – SP, Val *et al.* (2017) encontram em média 107,43 e 97,64 vagens por planta entre as linhagens de cada experimento.

Assim como o número total de vagens, é importante conhecer como se comporta o genótipo em relação ao número de grãos por vagem. Sabe-se que uma planta de soja pode apresentar de 1 a 5 grãos em um legume, sendo o mais comum observar dois ou três grãos em cada vagem (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Nesse trabalho foram encontradas vagens com um, dois e três grãos, estando em maiores proporções as vagens com dois grãos (TABELA 5).

Não foi possível diferenciar em grupos as médias dos caracteres NV1G e NV3G, contudo, foram estabelecidos dois grupos quando analisado NV2G. Para esses caracteres as amplitudes foram de 10,33 (UFU FP 14) a 30,33 vagens de um grão (UFU FP 20); 21,47 (UFU FP 11) a 65,73 vagens de dois grãos (UFU FP 06); e 7,53 (UFU FP 14) a 26,67 vagens de 3 grãos (UFU FP 06) (TABELA 5).

Machado *et al.* (2017) avaliaram o desempenho de linhagens de soja em Uberlândia – MG e os coeficientes de correlação, considerando os caracteres NV1G, NV2G e NV3G. Esse trabalho também relatou a maior proporção de vagens com dois grãos e destacou a importância desses caracteres para o melhoramento, com base em elevados coeficientes de correlação com a produtividade de grãos.

Outro componente de produção que apresenta alta correlação com a produtividade de grãos é a massa de cem grãos (RIGON *et al.*, 2012). Para P100G foram obtidas médias entre 9,09 e 20,14 g para a linhagem UFU FP 16 e a cultivar NA 5909RG, respectivamente (TABELA 5). Resultados obtidos por Cruz *et al.* (2010), Rigon *et al.* (2012) e Ribeiro *et al.* (2016) confirmam o observado no presente estudo de que o caráter P100G apresenta grande variação entre genótipos.

Entre os principais objetivos do melhoramento genético da soja está a seleção de genótipos com produtividade de grãos mais alta, tornando este caráter um dos mais importantes na avaliação de linhagens com potencial para serem lançadas como cultivares. Observaram-se a formação de três grupos para o caráter PROD, com variação de 1890,81 a 5343,82 kg ha<sup>-1</sup>, esses valores observados nas linhagens UFU FP 16 e UFU FP 06 respectivamente (TABELA 5). Outros autores observaram



grandes amplitudes para a produtividade de grãos entre seus genótipos (TEIXEIRA, *et al.*, 2017; VAL *et al.*, 2017; LEITE *et al.*, 2016).

A cultivar NS 6939RR apresentou produtividade de 3602,00 kg ha<sup>-1</sup> (TABELA 5), média que foi superada pelas linhagens UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06, UFU FP 08 e UFU FP 17.

Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), na safra 2016/2017 a produtividade de grãos de soja no Brasil foi de 3364 kg ha<sup>-1</sup> e no estado de Minas Gerais a média foi de 3480 kg ha<sup>-1</sup>. Valores que foram superados pelas linhagens, que integraram os dois grupos de médias mais produtivas. Val *et al.* (2017) ao estudarem linhagens F7-F8 com objetivo de aplicarem índices de seleção também encontraram genótipos que superaram a média nacional de produtividade.

Leite *et al.* (2016) aplicando índices de seleção em linhagens de soja, selecionaram cinco genótipos, com ganhos de seleção acima de 20%, com produtividade variando entre 2100 a 2550 kg ha<sup>-1</sup>, valores inferiores ao observado neste trabalho.

O genótipo UFU FP 06 se destacou entre os outros, ao analisar os componentes de produção e a produtividade de grãos (TABELA 5). Essa linhagem combinou os melhores resultados de NVT, NV2G, NV3G e superou a média mineira para a produtividade na safra 2016/17 (CONAB, 2018a).

Conhecer a associação entre os caracteres avaliados em genótipos de soja é importante para os programas de melhoramento, especialmente se a seleção do caráter de interesse torna-se difícil, isto é, quando as estimativas de herdabilidade são baixas ou é difícil a mensuração do caráter de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A correlação fenotípica, aquela que é diretamente estimada a partir das medidas de dois caracteres, tem causas genéticas e ambientais. No entanto, apenas as correlações genéticas são importantes para a seleção, por ser a porção de natureza herdável. A principal causa das correlações genéticas é a pleiotropia que é definida pela capacidade de um mesmo gene governar mais de um caráter no indivíduo (FALCONER; MACKAY, 1996).

O coeficiente de correlação estimado é adimensional e seu valor absoluto varia de -1 a 1. A interpretação do coeficiente deve ser feita com base em sua magnitude, direção e significância e são consideradas correlações de elevada magnitude aquelas, que apresentam um valor em módulo maior que 0,7. A direção, indicada pelo sinal que

acompanha o coeficiente, permite interpretar se a relação entre os caracteres ocorre no sentido favorável, ou seja, de aumento para ambas, ou ainda desfavorável, quando o aumento para um caráter reflete em decréscimo para outro. A significância indica quando um coeficiente de correlação representa a relação entre dois caracteres de forma confiável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas neste trabalho estão na TABELA 6. Notou-se que as correlações oscilaram de 0,326 a 0,953, fenotípicas, e de 0,459 a 1,134, para genotípicas (TABELA 6).

A maior parte dos caracteres de interesse apresentaram correlação genotípica superior em magnitude em relação à fenotípica, que evidencia predominância de causas genéticas. As correlações genéticas são consideradas altas acima de 0,7, porém, aquelas superiores a 0,5 já possibilitam estabelecer uma estratégia de seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os principais caracteres que são foco da seleção no presente trabalho são os relacionados a ciclo e a produtividade de grãos. Ao analisar a TABELA 6 verificou-se que para ambos é possível analisar a viabilidade de seleção indireta, além de conhecer as possíveis interferências da seleção direta de outros genótipos.

Segundo Lopes *et al.* (2002) existem dificuldades em selecionar genótipos que aliem precocidade e alta produtividade de grãos. No presente trabalho, o caráter NDF não apresentou correlação significativa com a produtividade de grãos, contudo a correlação genotípica entre NDM e PROD foi de -0,652 (TABELA 6), indicando a possibilidade de seleção de genótipos precoces e produtivos.

Teixeira *et al.* (2017) estudando gerações precoces em soja, provenientes de cruzamentos biparentais entre genitores contrastantes para ciclo, no município de Uberlândia – MG, selecionaram indivíduos superiores que coincidiram tanto para redução do ciclo quanto para a alta produtividade de grãos.

Os caracteres de ciclo também possuem alta correlação com a altura de plantas. Essa correlação foi observada por Nogueira *et al.* (2012), Sousa *et al.* (2015) e Machado *et al.* (2017). Nesse trabalho APF apresentou correlação genotípica com NDF de 0,985 e com NDM de 0,873, além de APM que teve correlação genotípica com NDF de 0,718 e NDM 0,667 (TABELA 6). Confirmando o que é sugerido pelos outros trabalhos de que a seleção de genótipos com menor o ciclo reflete em menor altura do indivíduo, sendo a altura de plantas um caráter de interesse na seleção indireta.

TABELA 6. Correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) entre caracteres agrônômicos e produtividade de grãos avaliados em 22 genótipos de soja em Uberlândia-MG

Caractere		NDM	APF	APM	AIV	NNF	NNT	NNP	NNR	NVT	NV1G	NV2G	NV3G	PROD	P100G
NDF	rf	0,835**	0,953**	0,689**	0,511*	0,838**	0,387 <sup>ns</sup>	-0,065 <sup>ns</sup>	0,477*	0,395 <sup>ns</sup>	0,320 <sup>ns</sup>	0,360 <sup>ns</sup>	0,263 <sup>ns</sup>	-0,193 <sup>ns</sup>	-0,628**
	rg	0,880 <sup>++</sup>	0,985 <sup>++</sup>	0,718 <sup>++</sup>	0,663 <sup>++</sup>	0,930 <sup>++</sup>	0,406 <sup>+</sup>	-0,155 <sup>ns</sup>	0,620 <sup>++</sup>	0,641 <sup>+</sup>	0,539 <sup>ns</sup>	0,534 <sup>+</sup>	0,471 <sup>ns</sup>	-0,205 <sup>ns</sup>	-0,708 <sup>++</sup>
NDM	rf		0,782**	0,590**	0,592**	0,783**	0,275 <sup>ns</sup>	-0,045 <sup>ns</sup>	0,262 <sup>ns</sup>	0,094 <sup>ns</sup>	-0,049 <sup>ns</sup>	0,14 <sup>ns</sup>	0,052 <sup>ns</sup>	-0,471*	-0,841**
	rg		0,873 <sup>++</sup>	0,667 <sup>++</sup>	0,785 <sup>++</sup>	0,905 <sup>++</sup>	0,336 <sup>ns</sup>	-0,073 <sup>ns</sup>	0,401 <sup>ns</sup>	0,342 <sup>ns</sup>	0,130 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	0,246 <sup>ns</sup>	-0,652 <sup>+</sup>	-0,962 <sup>++</sup>
APF	rf			0,697**	0,505*	0,785**	0,326*	-0,137 <sup>ns</sup>	0,388 <sup>ns</sup>	0,317 <sup>ns</sup>	0,244 <sup>ns</sup>	0,274 <sup>ns</sup>	0,248 <sup>ns</sup>	-0,183 <sup>ns</sup>	-0,562**
	rg			0,705 <sup>++</sup>	0,679 <sup>++</sup>	0,882 <sup>++</sup>	0,347 <sup>ns</sup>	-0,229 <sup>ns</sup>	0,467 <sup>ns</sup>	0,499 <sup>ns</sup>	0,334 <sup>ns</sup>	0,405 <sup>ns</sup>	0,450 <sup>ns</sup>	-0,190 <sup>ns</sup>	-0,652 <sup>++</sup>
APM	rf				0,571**	0,565**	0,771**	0,424*	-0,086 <sup>ns</sup>	0,082 <sup>ns</sup>	0,005 <sup>ns</sup>	0,070 <sup>ns</sup>	0,113 <sup>ns</sup>	-0,177 <sup>ns</sup>	-0,441*
	rg				0,691 <sup>++</sup>	0,653 <sup>++</sup>	0,828 <sup>++</sup>	0,565 <sup>+</sup>	-0,103 <sup>ns</sup>	0,151 <sup>ns</sup>	-0,018 <sup>ns</sup>	0,127 <sup>ns</sup>	0,216 <sup>ns</sup>	-0,159 <sup>ns</sup>	-0,492 <sup>+</sup>
AIV	rf					0,367 <sup>ns</sup>	0,218 <sup>ns</sup>	0,147 <sup>ns</sup>	0,093 <sup>ns</sup>	0,192 <sup>ns</sup>	-0,036 <sup>ns</sup>	0,148 <sup>ns</sup>	0,341 <sup>ns</sup>	-0,326 <sup>ns</sup>	-0,591**
	rg					0,523 <sup>+</sup>	0,366 <sup>ns</sup>	0,427 <sup>ns</sup>	0,395 <sup>ns</sup>	0,686 <sup>+</sup>	0,326 <sup>ns</sup>	0,448 <sup>ns</sup>	0,964 <sup>++</sup>	-0,498 <sup>ns</sup>	-0,823 <sup>++</sup>
NNF	rf						0,421*	-0,045 <sup>ns</sup>	0,347 <sup>ns</sup>	0,258 <sup>ns</sup>	0,171 <sup>ns</sup>	0,243 <sup>ns</sup>	0,184 <sup>ns</sup>	-0,195 <sup>ns</sup>	-0,572**
	rg						0,459 <sup>+</sup>	-0,105 <sup>ns</sup>	0,517 <sup>+</sup>	0,447 <sup>ns</sup>	0,355 <sup>ns</sup>	0,356 <sup>ns</sup>	0,377 <sup>ns</sup>	-0,248 <sup>ns</sup>	-0,701 <sup>++</sup>
NNT	rf							0,716**	-0,169 <sup>ns</sup>	0,030 <sup>ns</sup>	0,062 <sup>ns</sup>	0,086 <sup>ns</sup>	-0,125 <sup>ns</sup>	-0,027 <sup>ns</sup>	-0,065 <sup>ns</sup>
	rg							0,833 <sup>+</sup>	-0,261 <sup>ns</sup>	-0,072 <sup>ns</sup>	-0,027 <sup>ns</sup>	0,040 <sup>ns</sup>	-0,299 <sup>ns</sup>	0,036 <sup>ns</sup>	-0,045 <sup>ns</sup>
NNP	rf								-0,262 <sup>ns</sup>	-0,020 <sup>ns</sup>	-0,070 <sup>ns</sup>	0,093 <sup>ns</sup>	-0,186 <sup>ns</sup>	-0,102 <sup>ns</sup>	0,067 <sup>ns</sup>
	rg								-0,523 <sup>ns</sup>	-0,247 <sup>ns</sup>	-0,294 <sup>ns</sup>	-0,034 <sup>ns</sup>	-0,503 <sup>ns</sup>	-0,234 <sup>ns</sup>	0,106 <sup>ns</sup>
NNR	rf									0,705**	0,696**	0,653**	0,350 <sup>ns</sup>	-0,013 <sup>ns</sup>	-0,195 <sup>ns</sup>
	rg									0,835 <sup>+</sup>	0,909 <sup>+</sup>	0,739 <sup>+</sup>	0,378 <sup>ns</sup>	-0,182 <sup>ns</sup>	-0,289 <sup>ns</sup>
NVT	rf										0,833**	0,940**	0,600**	0,324 <sup>ns</sup>	-0,101 <sup>ns</sup>
	rg										1,054 <sup>++</sup>	0,945 <sup>++</sup>	0,347 <sup>ns</sup>	0,416 <sup>ns</sup>	-0,127 <sup>ns</sup>
NV1G	rf											0,783**	0,252 <sup>ns</sup>	0,243 <sup>ns</sup>	0,072 <sup>ns</sup>
	rg											1,134 <sup>++</sup>	0,141 <sup>ns</sup>	0,509 <sup>ns</sup>	0,090 <sup>ns</sup>
NV2G	rf												0,339 <sup>ns</sup>	0,255 <sup>ns</sup>	-0,126 <sup>ns</sup>
	rg												-0,003 <sup>ns</sup>	0,287 <sup>ns</sup>	-0,132 <sup>ns</sup>
NV3G	rf													0,310 <sup>ns</sup>	-0,129 <sup>ns</sup>
	rg													0,320 <sup>ns</sup>	-0,183 <sup>ns</sup>
PROD	rf														0,530*
	rg														0,700 <sup>+</sup>

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; PROD: produtividade de grãos; P100G: peso de cem grãos. \*\* e \* significativo a 1 e 5% pelo teste t, respectivamente. ++ e + significativo a 1 e 5% pelo *bootstrap* com 5000 simulações, respectivamente. NS: Não significativo. Fonte: Autora.

As correlações genótípicas entre NNF e APF de 0,882 e NNT com APM de 0,828 (TABELA 6) demonstram que nesse estudo a seleção dos genótipos com plantas mais altas podem coincidir em seleção indireta para maior número de nós. Leite *et al.* (2016) obtiveram correlações de magnitudes inferiores entre número de nós e altura da planta na maturidade, contudo, superiores a 0,5, podendo definir estratégias de seleção indireta

Os componentes de produção são os caracteres que respondem pela produtividade e tendem a apresentar correlações de elevadas magnitudes entre eles, como observado por Almeida *et al.* (2010) e Sousa *et al.* (2015). As maiores correlações genótípicas foram observadas, neste trabalho, entre os pares de caracteres: NVT e NV1G (1,054), NVT e NV2G (0,945), NV1G e NV2G (0,945) (TABELA 6).

Rodrigues *et al.* (2015) estudando correlações de caracteres em genótipos infectados naturalmente por *Phakopsora pachyrhizi* também observaram elevadas correlações entre os componentes de produção, número de vagens por planta e número de grãos por vagem. Outros autores, porém, identificaram correlações significativas entre esses caracteres e a produtividade de grãos, o que não foi observado no presente trabalho (NOGUEIRA *et al.*, 2012; ZUFFO *et al.*, 2018). Contudo, sabe-se que estes caracteres são importantes durante a seleção por serem de interesse agrônomo.

A produtividade de grãos não obteve um grande número de correlações significativas com outros caracteres, assim como observado por Sousa *et al.* (2015). As correlações com PROD foram significativas quando comparadas aos caracteres NDM e P100G. Avaliando a correlação fenotípica entre PROD e NDM que foi de -0,652 (TABELA 6) constatou-se que ao selecionar os maiores valores de um dos caracteres a tendência é de selecionar indiretamente menores valores para outro, confirmando a possibilidade de seleção de plantas com ciclo precoce e alta produtividade de grãos.

O caráter que teve correlação positiva mais alta com a produtividade de grãos foi o peso de cem grãos, mostrando sua importância para a seleção indireta de genótipos mais produtivos. Entre PROD e P100G a correlação genotípica foi de 0,700 (TABELA 6). Além disso, P100G também teve correlação negativa e significativa com caracteres relacionados ao ciclo dos genótipos (NDF e NDM).

Almeida *et al.* (2010) avaliando a correlação entre oito caracteres em genótipos de soja confirmaram o observado neste trabalho entre os caracteres P100G e PROD com correlação genotípica de 0,502. Por outro lado, quando analisados os caracteres de ciclo vegetativo e total correlacionados com P100G apresentaram valores positivos. Essas divergências são explicadas devido às correlações serem genótipos dependentes, por isso a

importância de avaliar as correlações entre caracteres em cada população de linhagens a que se interessa fazer seleção.

Akram *et al.* (2016) estudaram as correlações entre componentes de produção e a produtividade de grãos em 11 genótipos de soja e constataram uma correlação de 0,634 entre P100G e PROD. Resultados que corroboram com o observado no presente trabalho.

A decisão por uma estratégia de seleção que seja mais eficiente para os genótipos em estudo é uma das principais contribuições da genética quantitativa ao melhoramento genético. A seleção de caracteres quantitativos, que ocorre nos programas de melhoramento genético da soja, torna-se difícil quando realizada a seleção direta. Por serem caracteres governados por muitos genes e alta influência ambiental, a seleção direta sempre implica em seleções indiretas e a resposta da seleção varia de acordo com o ambiente e a condução do experimento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A identificação da existência de variabilidade genética, bem como, o conhecimento das correlações serve como base para as estratégias de seleção direta e indireta. Na TABELA 7 estão apresentadas as predições de ganho de seleção (GS) quando praticada a seleção direta para cada caráter e também as respostas correlacionadas.

A seleção foi realizada tendo como objetivo o decréscimo para os caracteres relacionados ao ciclo, NDF e NDM e acréscimo aos demais, assim foram obtidos ganhos diretos negativos e positivos a depender do objetivo. Os maiores valores de ganho de seleção direta foram observados nos caracteres NV3G (44,55%), NV2G (36,80%), NNR (35,50%), PROD (33,29%) e AIV (32,78%). E o menor valor obtido foi -12,46% para o caráter NDM (TABELA 7).

Outros trabalhos também indicaram alto ganho de seleção predito na seleção direta dos caracteres PROD e AIV (COSTA *et al.*, 2004; BIZARI *et al.*, 2017). Bizari *et al.* (2017) obtiveram ganhos de seleção oscilando entre 3,29% para número de dias até a maturidade e 35,70% para produtividade de grãos, confirmando o observado neste trabalho, em que a produtividade de grãos apresentou um dos maiores ganhos e número de dias para maturidade manteve o menor ganho de seleção.

A seleção direta dos caracteres relacionados ao ciclo vegetativo e total, NDF e NDM, mostrou a possibilidade de selecionar genótipos com redução do tempo de cultivo. Foram observados ganhos de seleção de -22,91% para NDF e -12,46% para NDM (TABELA 7).

TABELA 7. Estimativas do ganho de seleção obtidos após a seleção direta e indireta realizada em 17 caracteres avaliados em 22 genótipos de soja

Caracteres	Caracteres														
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNF	NNT	NNP	NNR	NVT	NV1G	NV2G	NV3G	P100G	PROD
NDF	-22,91	-17,78	15,04	12,18	9,08	5,02	6,21	-4,47	12,66	7,29	9,55	9,43	6,81	-14,67	4,42
NDM	-9,95	-12,46	3,36	4,85	6,03	1,87	0,74	-4,19	4,64	3,46	1,56	5,72	2,59	-11,74	-2,75
APF	-30,0	-26,8	27,15	24,25	15,55	5,79	9,91	-12,99	16,34	7,45	10,31	11,49	9,83	-20,20	6,86
APM	-12,56	-7,47	7,32	18,54	15,12	1,20	14,67	1,01	1,85	-1,65	-1,75	-0,17	4,17	-10,67	3,29
AIV	-17,18	-20,82	10,13	15,99	32,78	1,43	8,81	-10,81	7,40	4,67	1,13	5,78	6,89	-22,74	-8,68
NNF	-13,55	-9,56	5,02	4,79	3,88	12,76	6,95	-2,73	7,18	4,45	3,65	4,45	3,88	-12,87	4,90
NNT	-3,85	-0,29	0,15	8,76	7,72	1,34	14,69	8,83	-1,48	-0,07	-0,52	-1,85	0,60	-2,67	5,34
NNP	2,28	2,17	-5,97	8,10	10,00	-6,61	7,57	20,89	-6,71	-0,89	-6,61	-1,42	-3,12	0,90	-1,95
NNR	-20,73	-11,82	19,83	-0,75	-4,44	6,31	-6,59	-1,37	35,50	20,45	18,60	26,28	10,00	-6,59	2,32
NVT	-16,55	-4,47	13,84	0,40	1,41	0,54	0,68	1,45	21,63	29,18	25,70	27,98	16,68	-3,72	15,2
NV1G	-12,33	4,48	18,26	0,22	-1,22	6,21	-0,71	4,41	24,09	21,73	31,68	24,32	3,69	1,16	10,18
NV2G	-16,55	-6,45	12,00	0,45	2,49	-5,07	-0,83	5,49	22,62	36,47	27,59	36,80	10,52	-2,64	17,29
NV3G	-12,33	-9,21	13,22	0,41	1,78	7,27	5,75	-11,27	15,59	20,09	14,98	11,62	44,55	-11,27	15,21
P100G	13,51	19,16	-6,29	-4,80	-8,18	-1,20	3,66	9,28	-8,89	-5,6	-0,46	-13,35	-2,46	25,81	9,82
PROD	3,05	13,63	-9,42	-8,90	-13,54	-5,44	10,79	9,37	-0,05	12,5	13,26	-0,80	18,45	10,69	33,29
Total	-177,90	-87,69	123,64	84,49	78,46	31,42	82,00	12,6	153,18	159,53	148,67	146,28	133,03	-21,12	114,74

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; PROD: produtividade de grãos; P100G: peso de cem grãos. Valores em negrito na diagonal correspondem ao ganho de seleção direta, e nas demais células os ganhos de seleção indireta. Fonte: Autora.

Ao praticar a seleção direta para genótipos com menor ciclo, foi constatado ganho de seleção indireta para a produtividade de grãos, 13,63% (TABELA 7). Esse resultado reflete o observado pelo coeficiente de correlação entre os caracteres NDM e PROD e possibilita a seleção, nessa população, de genótipos precoces e produtivos.

Pereira *et al.* (2017) avaliando progênies em avanço de geração pelo método *Bulk* provenientes do programa de melhoramento genético da empresa Dupont Pioneer, estimaram os ganhos para a seleção direta e indireta para os caracteres produtividade de grãos e ciclo total. Nas estimativas de resposta correlacionada à seleção de progênies, considerando a maior produtividade de grãos e menor número de dias até a maturidade obtidas por esses autores, foi observado que ao praticar a seleção direta para genótipos mais produtivos ocorre aumento indireto no ciclo, todavia, quando a seleção direta foi praticada visando progênies mais precoces houve uma seleção indireta com aumento da produtividade de grãos. No presente trabalho constatou-se que a seleção direta para o caráter PROD também refletiu em ganhos de seleção indireta para NDM.

A seleção indireta do caráter produtividade de grãos apresentou sucesso também quando praticada a seleção direta para os caracteres NV1G (13,26%), NV3G (18,45%), P100G (10,69%) e NNT (10,79%) (TABELA 7).

Bárbaro *et al.* (2007) avaliando diferentes estratégias de seleção em cinco populações de soja na geração F5, provenientes de cruzamentos biparentais com diferentes genitores, em Jaboticabal – SP, observaram que o ganho de seleção indireta do caráter produtividade de grãos com base na seleção direta para número de nós totais pode variar de acordo com os genitores que deram origem à população. Esses autores encontraram ganhos de seleção indireta oscilando entre 1,81 e 16,89% entre as populações estudadas.

Segundo Rigon *et al.* (2012) existe uma relação direta e positiva entre a massa do grão e o aumento da produtividade de grãos em soja. Essa relação também foi observada pelo coeficiente de correlação estimado e explica os ganhos de seleção indireto obtidos para o caráter PROD quando aplicada a seleção direta em P100G nesse trabalho.

Em programas de melhoramento, para obter um novo material genético, é preciso selecionar genótipos superiores não apenas para um ou poucos caracteres, mas deve reunir uma série de atributos favoráveis e de interesse do mercado consumidor. Uma maneira alternativa para a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de interesse é a teoria dos índices de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ROSADO *et al.*, 2012).

O índice de seleção compreende um caráter adicional, correspondente à combinação de valores ótimos para vários caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO,

2012). Atualmente, existem várias propostas para obtenção de índices de seleção, cujos propósitos dependem do objetivo do melhorista.

Alguns autores observaram pela comparação de índices de seleção propostos, que os que têm base na soma de ranks e na distância genótipo-ideótipo apresentam resultados favoráveis à seleção de genótipos superiores (ARNHOLD *et al.*, 2009; VASCONCELOS *et al.*, 2010; LEITE *et al.*, 2016; TEIXEIRA *et al.*, 2017).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978) e o índice da distância genótipo-ideótipo estão apresentados na TABELA 8. De modo geral o índice da distância genótipo-ideótipo apresentou melhor ganho de seleção total, contudo, o índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) proporcionou os melhores ganhos de seleção para os caracteres de ciclo e produtividade de grãos (TABELA 8).

TABELA 8. Estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção pelos índices de seleção baseado na soma de ranks e na distância genótipo-ideótipo, realizada em 17 caracteres avaliados em 22 genótipos de soja

Caracteres	Ganho de seleção (%)	
	Baseado na soma de ranks	Distância genótipo-ideótipo
NDF	6,57	9,19
NDM	-2,34	-1,06
APF	8,46	15,72
APM	2,74	5,85
AIV	-10,1	2,24
NNF	9,35	7,75
NNT	4,97	4,97
NNP	0,27	- 3,43
NNR	6,31	9,69
NVT	18,13	20,42
NV1G	14,37	12,99
NV2G	18,08	18,71
NV3G	21,39	31,69
P100G	9,76	28,51
PROD	27,27	9,67
Total	135,23	172,91

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; PROD: produtividade de grãos; P100G: peso de cem grãos. Fonte: Autora.



Avaliando diferentes estratégias de seleção em genótipos de Alfafa, Vasconcelos *et al.* (2010) observaram que os índices da soma de “ranks” de Mulamba e Mock e o da distância genótipo-ideótipo, apresentaram os melhores ganhos de seleção para os caracteres de interesse na cultura.

No estudo de Teixeira *et al.* (2017), o índice da distância genótipo-ideótipo apresentou o maior valor de ganho genético total, seguido pela soma de “ranks”, além de proporcionarem uma distribuição equilibrada dos ganhos de seleção entre os caracteres avaliados. Esses autores também verificaram que para a produtividade de grãos o índice da soma de “ranks” apresentou ganho de seleção superior ao da distância genótipo-ideótipo, assim como observado nesse trabalho.

Azeredo *et al.* (2017) avaliando a aplicação de diferentes índices de seleção em clones de cana-de-açúcar, indicam o índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock como o mais eficaz para a seleção de caracteres de interesse em programa de melhoramento para a cana-de-açúcar.

Verificou-se no presente trabalho que a seleção direta apresentou ganhos de seleção superiores para os caracteres NDM e PROD, em relação à utilização dos índices de seleção. Todavia, a seleção considerando o índice da soma de “ranks” obteve estimativas de ganho de seleção próximas às encontradas pela seleção direta, além de apresentar de forma equilibrada os ganhos de seleção nos demais caracteres de interesse. Sendo, portanto, a seleção baseada em índice da soma de “ranks” mais indicado para a seleção de genótipos superiores que reúnem um conjunto de caracteres favoráveis.

Bizari *et al.* (2017) avaliando a seleção de progênies em gerações iniciais para o melhoramento de soja, também observaram elevadas estimativas de ganho de seleção utilizando o índice de Mulamba e Mock, com valores oscilando entre 14,12 e 34,45% para produtividade de grãos. Valores semelhantes aos estimados no presente estudo.

Na TABELA 9 constam os cinco genótipos selecionados para o caráter produtividade de grãos em cada uma das estratégias de seleção adotadas nesse trabalho, acompanhados de suas respectivas médias de produção de grãos. As linhagens UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06 e UFU FP 08 foram selecionadas em todos os métodos utilizados, confirmando a superioridade desses genótipos, inclusive sobre as testemunhas do experimento.

TABELA 9. Produtividade (PROD) em kg ha<sup>-1</sup> dos genótipos superiores selecionados pela seleção direta, índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock e índice da distância genótipo-ideótipo, no município de Uberlândia - MG

Seleção Direta		Índice de Mulamba e Mock (1978)		Índice da distância genótipo-ideótipo	
Genótipo	PROD	Genótipo	PROD	Genótipo	PROD
UFU FP 03	3922,91	UFU FP 03	3922,91	UFU FP 02	3205,82
UFU FP 04	3637,92	UFU FP 04	3637,92	UFU FP 03	3922,91
UFU FP 06	5343,82	UFU FP 06	5343,82	UFU FP 04	3637,92
UFU FP 08	3968,36	UFU FP 08	3968,36	UFU FP 06	5343,82
UFU FP 17	3952,79	UFU FP 12	3013,30	UFU FP 08	3968,36

Fonte: Autora.

#### 4 CONCLUSÕES

As estimativas dos parâmetros genéticos indicaram a existência de variabilidade genética entre as linhagens do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, com alto efeito do componente genético, indicando condições favoráveis para a aplicação de estratégias de seleção.

A correlação entre os caracteres número de dias até a maturidade e produtividade de grãos foi de elevada magnitude e sinal negativo, evidenciando a possibilidade de seleção de genótipos precoces e produtivos.

As linhagens UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06 e UFU FP 08 foram selecionadas pelos métodos de seleção direta, com base no caráter produtividade de grãos, bem como, pela seleção simultânea dos caracteres avaliados pela estratégia de índices de seleção.

A seleção baseada no índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) apresentaram valores de ganho de seleção superiores às demais estratégias adotadas para ciclo e produtividade de grãos, mantendo resultados preconizados para os demais caracteres.

## REFERÊNCIAS

- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. N.; AL BARI, M. 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.l.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016. <https://doi.org/10.5376/pgt.2016.07.0013>
- 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, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>
- ANDRADE, A. E. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S. E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l.], v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.
- ARNHOLD, E.; SILVA, R. G. Eficiências relativas de índices de seleção considerando espécies vegetais e pesos econômicos iguais entre caracteres. **Bioscience Journal**, Uberlândia v. 25, n. 3, 2009.
- AZEREDO, A. A. C.; BHERING, L. L.; BRASILEIRO, B. P.; CRUZ, C. D.; SILVEIRA, L. C. I.; OLIVEIRA, R. A.; BESPALHOK FILHO, J. C.; DAROS, E. Comparison between different selection indices in energy cane breeding. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 16 n. 1, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16019535>
- 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 f 5 de soja. **Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 313, p. 250 – 261, 2007.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- CARVALHO, I. R.; KORCELSKI, C.; PELISSARI, G.; HANUS, A. D.; ROSA, G. M. Demanda hídrica das culturas de interesse agrônomo. **Enciclopédia Biosfera**, [s.l.], v. 9, n. 17, p. 969-985, 2013.
- CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, [s.l.], v. 5, n. 1, D102, 2018. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017058>
- CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19 Segundo levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 6, n. 2, p. 1-134 2018, ISSN: 2318-6852.
- COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], 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**, [s.l.], 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: Editora UFV, 2012. 514 p.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia agraria**, [s.l.], v. 11, n. 1, p.33-42, 2010.

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

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

FERRÃO, R.G.; CRUZ, C.D.; FERREIRA, A.; CECON, P.R.; FERRÃO, M.A.G.; FONSECA, A.F.A.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** [s.l.], v. 43, p. 61-69, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000100009>

FERREIRA JUNIOR, J. A.; UNEDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ótuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>

FU, Y. B. Understanding crop genetic diversity under modern plant breeding. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 128, n. 11, p. 2131-2142, 2015. <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2585-y>

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Ciência e Cultura**, [s.l.], v. 70, n. 3, p. 16-18, 2018. <https://doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, Ribeirão Preto, v. 2015, 2015. <https://doi.org/10.1155/2015/431487>

HALLAUER, A. R. Evolution of plant breeding. **Crop breeding and applied biotechnology**, [s.l.], v. 11, n. 3, p. 197-206, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000300001>

HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; REZENDE, D. F.; HAMAWAKI, C. D. L. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, Teresina, v. 1, n. 1, p. 43-47, 2010.

HEINEMANN, J. A.; MASSARO, M.; CORAY, D. S.; AGAPITO-TENFEN, S. Z.; WEN, J. D. Sustainability and innovation in staple crop production in the US Midwest.

**International journal of agricultural sustainability**, [s.l.], v. 12, n. 1, p. 71-88, 2014.  
<https://doi.org/10.1080/14735903.2013.806408>

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**, Teresina, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; MOURA, R. M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, [s.l.], v. 59, n. 2, p. 341-348, 2002. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162002000200021>

LUIZ, Marlize Cristina Pinheiro. **Efeito da época de semeadura e população de plantas sobre o potencial produtivo e caracteres agrônômicos em soja**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, G. F.; JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto. v. 16, n. 2, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16029696>

MAPA. Projeções do agronegócio Brasil 2016/17 a 2026/27. **Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento**, 8ª ed. Brasília – DF, 2017.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 27-53. <https://doi.org/10.1007/s15014-015-0449-1>

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. D. C. T.; CADORE, L. R. Estimates of the genetic parameters, optimum sample size and conversion of quantitative data in multiple categories for soybean genotypes. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 34, n. 3, p. 265-273, 2012. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v34i3.14015>

MATTOS, Thúlio Pereira **Herança de caracteres agrônômicos e efeito da época de semeadura sobre desempenho da soja**. Dissertação (Mestrado em agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

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

NIDERA SEMENTES, Sementes mais indicadas para a sua região, disponível em <<http://www.niderasementes.com.br/produtos.aspx?cat=23,31>>, acesso em 06 de dezembro de 2018.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em

soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, 2012.

PEREIRA, F. C.; BRUZI, A. T.; MATOS, J. W.; REZENDE, B. A.; PRADO, L. C.; NUNES, J. A. R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, [s.l.], v. 136, n. 5, p. 679-687, 2017. <https://doi.org/10.1111/pbr.12512>

PERINI, L. J.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 33, n. 1, p. 2012. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33Supl1p2531>

RAMBO, L.; COSTA, J. A.; PIRES, J. L. F.; PARCIANELLO, G.; FERREIRA, F. G. Rendimento de grãos da soja em função do arranjo de plantas. **Ciência rural**, [s.l.] v. 33, n. 3 p. 405-411, 2003. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782003000300003>

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Ceres**, Viçosa, v. 59 n. 2, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>

ROCHA, F.; VIEIRA, C. C.; FERREIRA, M. C.; OLIVEIRA, K. C.; MOREIRA, F. F.; PINHEIRO, J. B. Selection of soybean lines exhibiting resistance to stink bug complex in distinct environments. **Food and Energy Security**, [s.l.], v. 4, n. 2, p.133-143, 2015. <https://doi.org/10.1002/fes3.57>

RODRIGUES, B.; SERAFIM, F.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, R. L. Correlations between traits in soybean (*Glycine max* L.) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 17718-17729, 2015. <https://doi.org/10.4238/2015.December.21.45>

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012 <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênes f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

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

SILVEIRA NETO, A. N. D.; OLIVEIRA, E. D.; OLIVEIRA, A. B. D.; GODOI, C. R. C. D.; PRADO, C. L. D. O.; PINHEIRO, J. B. Desempenho de linhagens de soja em diferentes locais e épocas de semeadura em Goiás. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, [s.l.], v. 35, n. 2, p. 103-108, 2005.

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

SOUSA, Larissa Barbosa. **Diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja**. Tese (Doutorado em agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2013.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; MACHADO, B. Q. V.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; JÚNIOR, R. A. L. Desempenho agrônomo e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, Fortaleza, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

VAL, B. H. P.; SILVA, F. M.; BIZARI, E. H.; LEITE, W. S.; GROLI, E. L.; MATOS PEREIRA, E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MAURO, A. O. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. **African Journal of Biotechnology**, [s.l.], v. 16, n. 8, p. 328-336, 2017. <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

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. **Ceres**, Viçosa, v. 57, n. 2, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

ZUFFO, A. M.; RIBEIRO, A. B. M.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; FONSECA, W. L. Correlações e análise de trilha em cultivares de soja cultivadas em diferentes densidades de plantas. **Cultura Agronômica: Revista de Ciências Agronômicas**, [s.l.], v. 27, n. 1, p. 78-90, 2018.



## **CAPÍTULO 2. Diversidade genética entre linhagens de soja a partir de caracteres de fase vegetativa e reprodutiva**

### **RESUMO**

No Brasil o melhoramento genético a partir das técnicas de hibridação artificial e seleção, foi fundamental para a expansão territorial da soja no país, contudo, esse processo inicialmente envolveu poucos genótipos como parentais, promovendo um estreitamento da base genética que constitui as principais cultivares comercializadas no Brasil. Com isso o estudo de diversidade genética de um germoplasma tornou-se uma etapa pré-melhoramento importante na indicação de combinações para hibridação artificial. A análise da diversidade ocorre por meio de diferentes metodologias de análises multivariadas que consideram caracteres fenotípicos, bioquímicos ou moleculares. Os caracteres de fase vegetativa têm sido avaliados em diferentes trabalhos e constatado a existência de variabilidade genética entre genótipos de soja, podendo ser uma alternativa, incorporá-los como marcadores fenotípicos a fim de identificar a diversidade genética em uma população. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar a diversidade genética entre linhagens de soja, para os caracteres avaliados em fase vegetativa e reprodutiva, determinar a contribuição dos caracteres no estudo de divergência genética; comparar métodos de agrupamentos hierárquicos e de otimização; e propor combinações favoráveis. O experimento foi realizado em condição de campo na fazenda experimental Capim Branco, localizada em Uberlândia-MG, na safra 2017/18. Foram avaliadas 20 linhagens de soja em geração F9 e duas cultivares testemunhas: NS 6939RR e NA 5909RG. As avaliações dos caracteres comprimento do hipocótilo, epicótilo, do primeiro internódio, do pecíolo da folha unifoliolada, do pecíolo e raque do primeiro trifólio e a razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada foram realizadas no período vegetativo; e os relacionados ao ciclo, altura de plantas, número de nós e de vagens, o peso de cem grãos e a produtividade de grãos foram avaliados nos estágios reprodutivo e de maturidade. Seguiu-se as análises genético estatísticas para estimar a dissimilaridade entre os genótipos pela distância generalizada de Mahalanobis e gerado dendrograma pelos métodos hierárquicos UPGMA, de Ward, do vizinho mais próximo e vizinho mais distante; o agrupamento pelo método de otimização de Tocher; e as análises de variáveis canônicas em plano cartesiano tridimensional. Foi constatada a existência de variabilidade genética pelo teste F a 1 e 5% de probabilidade para a maioria dos caracteres avaliados, as medidas de dissimilaridade apresentaram elevada magnitude, entre 14 e 701, e foi observado que as cultivares NS 6939 RR e NA 5909RG, bem como a linhagem UFU FP 09 tiveram as maiores distâncias entre os demais, evidenciando a existência de diversidade genética. O caráter número de dias para a maturidade apresentou a maior contribuição relativa para essa diversidade, contudo, os caracteres de fase vegetativa também apresentaram elevada contribuição e podem ser utilizados com eficiência em estudos de diversidade genética entre genótipos de soja. A análise comparativa entre os métodos de agrupamento hierárquicos, de otimização e de variáveis canônicas estimaram a existência de três grupos de genótipos, destacou-se a linhagem UFU FP 09 isolada em relação as linhagens. Foram propostas combinações entre as linhagens mais produtivas UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06, UFU FP 08 e UFU FP 17 e as cultivares NS 6939RR e NA 5909RG, pois apresentaram divergência genética e destacaram-se pela precocidade.

**Palavras-chave:** Análise multivariada; Divergência genética; Melhoramento genético

## **CHAPTER 2: Genetic diversity between soybean lineages for vegetative and reproductive phase characters**

### **ABSTRACT**

In Brazil, genetic improvement based on techniques of artificial hybridization and selection was fundamental for the territorial expansion of soybeans in the country. However, this process initially involved few genotypes as parental, promoting a narrowing of the genetic base that constitutes the main cultivars commercialized in Brazil. Thus the study of the genetic diversity of a germplasm became a pre-improvement step, important in identifying the best possible combinations. The analysis of diversity occurs through different methodologies of multivariate analyzes that consider phenotypic, biochemical or molecular characters. The vegetative phase traits have been evaluated in different studies and the existence of genetic variability among soybean genotypes has been verified, and it may be an alternative to incorporate them as phenotypic markers in order to identify the genetic diversity in a population. The objective of the present study was to evaluate the genetic diversity among soybean strains for the characters evaluated in the vegetative and reproductive phase, to determine the contribution of the characters in the study of genetic divergence; compare hierarchical clustering and optimization methods; and propose favorable combinations. The experiment was carried out in field condition at the Capim Branco experimental farm, located in Uberlandia-MG, in the 2017/18 harvest. Twenty soybean lines in F9 generation and two control cultivars were evaluated: NS 6939RR and NA 5909RG. The evaluations of the hypocotyl, epicotyl, first internode, petiole of the unifoliolate leaf, the petiole and rachis of the first trifolium and the ratio between the width and the length of the unifoliolate leaf were carried out in the vegetative period; and those related to the cycle, plant height, number of nodes and pods, weight of one hundred grains and grain yield were evaluated on the reproductive and maturity stages, statistical genetic analysis was followed to estimate the dissimilarity between the genotypes by the generalized distance of Mahalanobis, and generate dendrograms by hierarchical methods UPGMA, WARD, nearest neighbor and more distant neighbor; the clustering by the Tocher optimization method; and the analysis of canonical variables in three-dimensional Cartesian plane. It was verified the existence of genetic variability by the F test at 1 and 5% probability for the majority of the evaluated characters, dissimilarity measures presented a high magnitude, between 14 and 701, and it was observed that cultivars NS 6939 RR and NA 5909RG, as well as the line UFU FP 09 had the greatest distances between the others, evidencing the existence of genetic diversity. The number of days to maturity presented the highest relative contribution to this diversity, however, the vegetative phase characters also presented a high contribution and can be used efficiently in studies of genetic diversity among soybean genotypes. The comparative analysis between the hierarchical clustering, optimization and canonical variables estimated the existence of three groups of genotypes, the UFU FP 09 line isolated from the lineages. Combinations were proposed between the most productive strains UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06, UFU FP 08 and UFU FP 17 and cultivars NS 6939RR and NA 5909RG, because they presented genetic divergence highlighted by the precocity.

**Words-key:** Multivariate analysis; Genetic divergence; Genetic breeding

## 1 INTRODUÇÃO

Desde o início do cultivo de plantas para fins de alimentação humana, a variabilidade genética natural tem sido utilizada como fonte de recursos que favorecem a produção de alimentos em larga escala (GOVINDARAJ *et al.*, 2015). A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes oleaginosas consumidas no mundo e os programas de melhoramento da cultura são importantes na obtenção de genótipos com caracteres favoráveis ao cultivo e que refletem no aumento da produção de grãos, teor de óleo e proteína e a resistência a fatores bióticos e abióticos (PRIOLLI *et al.*, 2013).

O melhoramento requer a disponibilidade de material genético com alta diversidade para a realização de hibridações, porém, inicialmente os cruzamentos eram realizados com poucos parentais, que se destacavam com caracteres superiores, o que contribuiu para um conjunto de cultivares atuais com base genética estreita, o que tem sido observado em germoplasma de diferentes países produtores de soja, como os Estados Unidos (GIZLICE *et al.*, 1994; SONG *et al.*, 2015), China (DONG *et al.*, 2001; WANG *et al.*, 2006), Indonésia (ADIE; KRISNAWATI, 2017) e Brasil (PRIOLLI *et al.*, 2013; WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

A base genética estreita da soja é reflexo dos poucos ancestrais envolvidos na formação de um grupo representativo dessa espécie (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Wysmierski; Vello, 2013 avaliaram 444 cultivares comerciais e constataram que apenas quatro ancestrais contribuem com 55,26% da base genética dos genótipos brasileiros.

As constantes mudanças climáticas e a evolução de pragas e patógenos exigem que o melhoramento genético continue a buscar genótipos mais eficientes e adaptados (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). A primeira etapa do melhoramento consiste em criar variabilidade genética por meio de cruzamentos entre genitores distintos, pois quanto maior a divergência entre esses parentais, maiores as chances de se obter sucesso nas etapas seguintes (TORRES *et al.*, 2015).

Linhagens elites são frequentemente utilizadas como potenciais genitores em um programa de melhoramento, fazendo-se necessário conhecer a diversidade genética entre essas linhagens previamente à escolha dos parentais, para a proposição de combinações contrastantes, aumentando assim as possibilidades de sucesso nas futuras seleções (MULATO *et al.*, 2010; ADIE; KRISNAWATI, 2017).

Os estudos de diversidade genética em soja (RIGON *et al.*, 2012; PELUZIO *et al.*, 2014; TORRES *et al.*, 2015) são amplamente empregados e incluem na análise de dados o

uso de técnicas multivariadas, incluindo medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamentos, componentes principais e variáveis canônicas que permitem uma análise simultânea de múltiplos caracteres (FARIA *et al.*, 2012). Contudo, a decisão por qual método utilizar cabe ao pesquisador de forma aleatória, com poucos estudos na literatura que evidenciem a existência de algum método mais apropriado ou um parâmetro que auxilie na escolha (CANTELLI *et al.*, 2016).

Essas técnicas podem ser aplicadas a partir de marcadores moleculares, bioquímicos e/ou morfológicos. Atualmente a aplicação de marcadores moleculares tem sido uma opção, contudo, os marcadores morfológicos, baseados em caracteres fenotípicos possuem diversas vantagens e são amplamente utilizados em estudos de diversidade genética (MULATO *et al.*, 2010; GOVINDARAJ *et al.*, 2015).

O estudo da diversidade genética levanta algumas questões, como por exemplo, o critério de escolha dos caracteres utilizados (OLIVEIRA *et al.*, 2004). Em soja, os caracteres fenotípicos são prioritariamente agronômicos (RIGON *et al.*, 2012; PRIOLLI *et al.*, 2013), contudo, é importante conhecer a influência da inclusão de novos caracteres nos resultados para dissimilaridade entre os genótipos.

Os caracteres de fase vegetativa na soja têm sido estudados como descritores para distinção de genótipos na etapa de proteção de novas cultivares, sendo comprovada a existência de variabilidade genética entre esses caracteres em diferentes genótipos (NOGUEIRA *et al.*, 2008; MATSUO *et al.*, 2012a; MACHADO JÚNIOR *et al.*, 2018). Apesar de poucos estudos serem realizados utilizando os caracteres de fase vegetativa da soja para análise da diversidade genética.

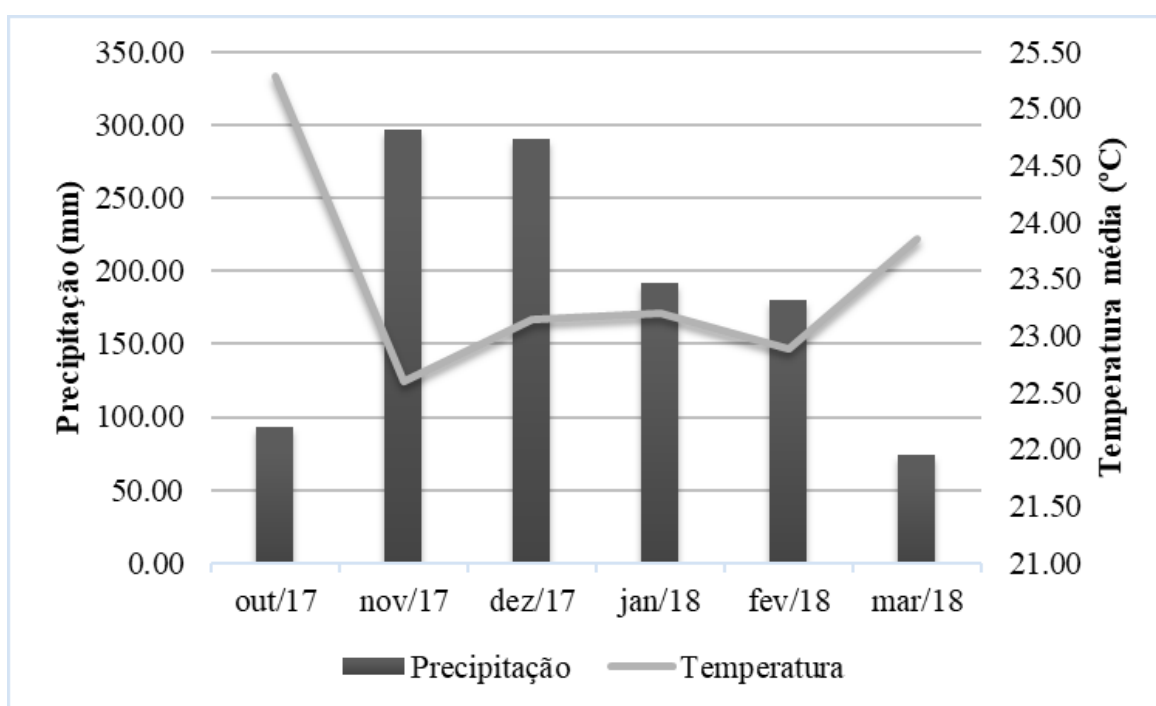
Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho analisar a divergência genética de linhagens de soja em fase final de avaliação com uso de caracteres fenotípicos agronômicos e descritores da fase vegetativa; avaliar diferentes métodos multivariados na caracterização da diversidade genética de soja; determinar os caracteres fenotípicos agronômicos e de fase vegetativa mais importantes no estudo da diversidade genética em soja; e indicar combinações favoráveis para o programa de melhoramento de soja da UFU.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado em condição de campo na área do Programa de Melhoramento de Soja, da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na fazenda experimental Capim Branco, Uberlândia-MG, pertencente à mesma universidade, cujas coordenadas geográficas são latitude 18° 53'19''S, longitude 48° 20'57''W e altitude de 872 m.

O trabalho foi conduzido na safra 2017/18, entre o período de outubro/2017 a março/2018, caracterizado por índices pluviométricos elevados e temperaturas amenas (FIGURA. 1).

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação entre os meses de outubro/2017 a março/2018 em Uberlândia- MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA – UFU.

O rendimento de grãos na cultura da soja está relacionado a diversos fatores, entre eles, a disponibilidade de água durante todo o ciclo da planta. Sendo necessário para a obtenção de elevada produtividade de grãos a disponibilidade de 450 a 850 mm de água distribuída ao longo do tempo de cultivo (CARVALHO *et al.*, 2013). Foram observadas condições pluviométricas adequadas no decorrer da condução do experimento (FIGURA 1).

Foram avaliadas 20 linhagens de soja em geração F9, provenientes do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia e duas cultivares testemunhas: NS 6939RR e NA 5909RG. Ambas têm como principais descritores a cor da flor roxa, cor do hilo preto imperfeito, tipo de crescimento indeterminado e são classificadas como superprecoce, com grupo de maturidade 6.9 (NIDERA SEMENTES, 2018).

As características químicas do solo da área experimental, analisada a partir de uma amostra aleatória em 20 cm de profundidade constam na TABELA 1. O preparo do solo para a semeadura foi realizado com uma aração e duas gradagens e adubado com o formulado 02-18-12, na dosagem 400 kg ha<sup>-1</sup>.

TABELA 1. Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia - MG

pH em H <sub>2</sub> O	M.O (dag kg <sup>-1</sup> )	P Meh <sup>-1</sup> (mg m <sup>-3</sup> )	K <sup>+</sup>	Ca <sup>2+</sup>	Mg <sup>2+</sup>	Al <sup>3+</sup>	H + Al	V (%)
					cmol <sub>c</sub> dm <sup>-3</sup>			
5,6	2,2	6,6	0,31	4,1	1,0	0,0	3,40	61

Fonte: Laboratório de Manejo de Solos – LAMAS – UFU.

A semeadura do experimento ocorreu no dia 14 de outubro de 2017. Os genótipos foram dispostos na área em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Cada parcela foi constituída por quatro linhas de plantas de soja, com 5 m de comprimento espaçadas em 0,5 m. A parcela útil compreendeu as duas linhas centrais excluindo 0,5 m das extremidades. Semearam-se manualmente 100 sementes por linha, previamente tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*.

O controle de plantas daninhas foi feito com aplicação de herbicida pré-emergente, S-metaclo, logo em seguida a semeadura, na dose de 1,5 L ha<sup>-1</sup>, uma capina manual e aplicação de herbicida pós-emergente, Cletodim (1,0 L ha<sup>-1</sup>) quando a soja se encontrava em estágio V4 (FEHR; CAVINESS, 1977). Para controlar insetos e doenças foram feitas duas aplicações de inseticida Acefato (1,0 g ha<sup>-1</sup>) e fungicida Tryfloxystrobin (100 mL ha<sup>-1</sup>).

As avaliações dos caracteres agrônômicos foram realizadas no período vegetativo, reprodutivo e pós-colheita. Com exceção do caráter produtividade de grãos, todos foram avaliados em cinco plantas amostradas aleatoriamente na parcela útil. Foram avaliados os seguintes caracteres:

1. Comprimento do hipocótilo: com uma régua milimetrada determinou-se a distância entre a superfície do solo até o nó de inserção dos cotilédones no estágio V2;
2. Comprimento do epicótilo: com uma régua milimetrada determinou-se a distância entre o nó de inserção dos cotilédones e o nó de inserção da folha unifoliolada no estágio V2;
3. Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada: com uma régua milimetrada determinou-se o tamanho da estrutura do pecíolo que prende a folha unifoliolada ao caule no estágio V2;
4. Razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada: compreendeu a razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada no estágio V2;
5. Comprimento do primeiro internódio: com uma régua milimetrada determinou-se a distância entre o nó de inserção das folhas unifolioladas e o nó de inserção do primeiro trifólio no estágio V3;
6. Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada: com uma régua milimetrada determinou-se o tamanho da estrutura do pecíolo que prende o primeiro trifólio ao caule no estágio V3;
7. Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada: com uma régua milimetrada determinou-se o tamanho da estrutura da raque a partir da junção dos dois folíolos laterais até a inserção do folíolo terminal, no primeiro trifólio no estágio V3;
8. Número de dias para a maturidade: compreendeu o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo (R8);
9. Duração do período reprodutivo: compreendeu o número de dias entre o surgimento de uma flor aberta na haste principal (R1) e a data em que 95% das vagens estavam na cor prevista para o genótipo (R8);
10. Altura da planta na maturidade: com auxílio de uma régua foi medida a altura em centímetros na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);
11. Razão entre a altura da planta no florescimento e na maturidade: razão entre os valores mensurados para altura de plantas no florescimento e na maturidade;
12. Altura da inserção da primeira vagem: com auxílio de uma régua foi medida a altura em centímetros do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
13. Número de nós totais: número de nós totais contados na haste principal na maturidade (R8);

14. Número de nós produtivos: número de nós ou ramos contados na haste principal que apresentavam a presença de vagens (R8);
15. Número de nós ramificados: número de nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);
16. Número de vagens totais: contagem do número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
17. Peso de 100 grãos: posterior à colheita foi mensurado o peso em gramas de cem grãos da parcela útil em oito repetições, seguindo as indicações das Regras de Análise de Sementes (RAS, 2009);
18. Produtividade de grãos: após a colheita, as plantas da parcela útil foram trilhadas e os grãos beneficiados, em seguida foram mensuradas suas massas, em balança digital com quatro casas decimais, e a umidade, em medidor de umidade de grãos. A produtividade de grãos foi extrapolada para  $\text{kg ha}^{-1}$  e corrigida para umidade de 13% segundo a equação:

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

Em que:

PF: Produtividade final da amostra;

PI: Produtividade inicial da amostra;

UI: Umidade inicial da amostra;

UF: Umidade final da amostra (13%);

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016). Para a estimativa de divergência genética entre os genótipos, foi utilizada a medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis de onde partiram os métodos aglomerativos e variáveis canônicas de estudo da divergência.

A matriz de dissimilaridade genética foi obtida a partir da distância generalizada de Mahalanobis estimada para cada par de genótipos. Com base na equação a seguir:

$$D_{ii}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D_{ii}^2$ : distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\Psi$ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;



$\delta'$ : [d1 d2 ...dv] sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_i'j$ ;

$Y_{ij}$ : média do genótipo i em relação a variável j.

A partir da matriz de dissimilaridade, foi realizado o agrupamento dos genótipos em dendrogramas baseados em quatro métodos hierárquicos: ligação simples (vizinho mais próximo), ligação completa (vizinho mais distante), ligação média entre grupo (UPGMA) e método de WARD.

Em seguida procedeu-se o agrupamento pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962). Foi estabelecido o primeiro grupo, composto pelos genótipos cujas medidas de dissimilaridade eram menores, então a inclusão de outros genótipos ao grupo foi determinada pela equação a seguir:

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} \leq \theta \text{ inclui o genótipo k no grupo;}$$

$$\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} > \theta \text{ não inclui o genótipo k no grupo;}$$

Em que:

n: número de genótipos do grupo original;

$\theta$ : nível máximo permitido pré-estabelecido da medida da dissimilaridade.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi estabelecida pela equação:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Na sequência, a fim de avaliar o padrão de agrupamento em um plano cartesiano, foram realizadas as análises de variáveis canônicas e dispersão dos genótipos em gráfico tridimensional. Utilizaram - se nessa análise as matrizes de variância e covariância fenotípicas e residuais entre os caracteres (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). A análise da contribuição relativa de cada caráter para a diversidade genética foi estimada pelo critério de Singh (1981).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A variabilidade genética entre os genótipos é fundamental para que seja possível separá-los em grupos contrastantes (CARVALHO *et al.*, 2017). Foi constatada a existência de variabilidade genética entre os 22 genótipos avaliados para os caracteres de fase vegetativa e reprodutiva, com exceção dos caracteres comprimento do primeiro internódio e razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada (TABELA 2).

TABELA 2. Teste F e coeficiente de variação (CV) entre 22 genótipos de soja para 18 caracteres de fase vegetativa e reprodutiva

Caracteres	Teste F	CV (%)
Comprimento do hipocótilo	5,07**	9,97
Comprimento do epicótilo	3,34**	13,61
Comprimento do primeiro internódio	1,25 <sup>NS</sup>	26,75
Comprimento do pecíolo da unifoliolada	6,10**	14,99
Comprimento do pecíolo do primeiro trifólio	2,12*	13,00
Razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada	1,45 <sup>NS</sup>	9,39
Comprimento da raque do primeiro trifólio	5,67**	24,52
Número de dias para a maturidade	9,68**	5,32
Duração do período reprodutivo	3,18**	9,09
Altura de plantas na maturidade	12,88**	7,11
Razão entre a altura de plantas no florescimento e na maturidade	11,29**	10,19
Altura de inserção da primeira vagem	2,51**	24,31
Número de nós totais	12,31**	6,17
Número de nós produtivos	3,05**	16,42
Número de nós ramificados	2,73**	25,51
Número total de vagens	1,90*	29,03
Peso de cem grãos	6,36**	12,56
Produtividade de grãos	2,43**	27,27

\*e\*\* significativo pelo teste F a 1 e 5% respectivamente; NS: não significativo. Fonte: Autora.

A existência de variabilidade genética entre linhagens de soja tem sido observada por outros autores (BARROS *et al.*, 2016; CANTELLI *et al.*, 2016; FERREIRA JÚNIOR *et al.*, 2015). Machado *et al.* (2017) avaliaram caracteres de interesse agrônomo em linhagens de soja provenientes do programa de melhoramento genético da UFU, em Uberlândia – MG e também identificaram a existência de variabilidade genética para todos os caracteres agrônômicos avaliados.

O coeficiente de variação oscilou entre 5,32% e 29,03% observados nos caracteres número de dias para a maturidade e número total de vagens respectivamente (TABELA 2).

Machado *et al.* (2017) e Leite *et al.* (2015) também observaram valores de C.V. mais elevados em componentes da produção.

Cantelli *et al.* (2016) avaliando a variabilidade genética entre genótipos de soja no município de Uberlândia – MG, estimaram valores de C.V. entre 1,35% e 23,87% em que os maiores valores também foram observados nos caracteres altura de inserção da primeira vagem e produtividade de grãos. Matsuo *et al.* (2012b) ao analisarem a variabilidade genética de caracteres da fase vegetativa em soja obtiveram C.V. entre 8,04% para o caráter comprimento do hipocótilo e 40,19% para o caráter pecíolo do primeiro trifólio.

A mensuração da divergência genética a partir de dados quantitativos é descrita utilizando medidas de dissimilaridade, em que a distância generalizada de Mahalanobis, que leva em consideração as variâncias e covariâncias residuais existentes entre os caracteres avaliados, tem sido amplamente empregada (CARVALHO *et al.*, 2017).

As medidas de dissimilaridade, obtidas por meio da distância generalizada de Mahalanobis entre 22 genótipos e 18 caracteres indicou uma alta magnitude, de 14 a 701 (TABELA 3), demonstrando uma ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados, e mesmo se tratando de linhagens oriundas de um único programa de melhoramento genético, foram observados altos valores de divergência entre elas.

O programa de melhoramento de soja da UFU foi estabelecido em 1996, a partir da seleção de um germoplasma que incluía genótipos com elevado potencial para atingir os objetivos estabelecidos, e altamente divergentes entre si (HAMAWAKI *et al.*, 2018) contribuindo para uma ampla base genética do germoplasma que originou as linhagens avaliadas nesse estudo.

A menor divergência foi constatada entre as linhagens UFU FP 08 e UFU FP 12 (14), por outro lado, quando avaliada o par UFU FP 09 e NA 5909 RG observou-se a maior medida de dissimilaridade (701) (TABELA 3). Ferreira Júnior *et al.* (2015) avaliaram linhagens superiores de soja obtidas a partir de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos, quanto a diversidade genética a partir de caracteres de interesse agrônômico, esses autores constataram estimativas de dissimilaridade oscilando entre 3,18 e 279,81, evidenciando uma elevada magnitude.

TABELA 3. Dissimilaridade genética, baseada na distância generalizada de Mahalanobis, entre 22 genótipos de soja com relação a 18 caracteres

Genótipos	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)	(15)	(16)	(17)	(18)	(19)	(20)	(21)	(22)
(1)UFU FP 01	141	117	142	53	167	158	114	426	106	39	87	53	104	125	105	86	104	151	141	203	179
(2)UFU FP 02		59	89	101	108	135	81	199	115	77	93	51	91	52	82	89	53	97	116	441	380
(3)UFU FP 03			18	58	36	66	18	210	64	63	23	47	59	78	70	37	52	78	46	369	325
(4)UFU FP 04				90	34	38	22	233	85	80	34	68	83	100	52	71	55	73	28	462	413
(5)UFU FP 05					89	89	52	304	47	60	34	30	35	55	76	42	55	85	92	223	209
(6)UFU FP 06						38	19	242	85	122	39	91	94	106	64	80	73	71	37	242	402
(7)UFU FP 07							44	283	98	123	52	92	107	87	31	115	59	45	25	477	447
(8)UFU FP 08								199	55	67	<b>14</b>	49	55	72	53	35	57	73	41	355	315
(9)UFU FP 09									282	258	209	253	252	22	262	205	303	346	306	<b>701</b>	566
(10)UFU FP 10										73	38	53	16	73	97	46	79	77	95	282	210
(11)UFU FP 11											52	31	62	76	65	50	69	113	104	289	234
(12)UFU FP 12												36	44	74	52	20	63	77	54	286	244
(13)UFU FP 13													40	40	56	28	37	80	101	257	213
(14)UFU FP 14														51	96	42	61	81	108	262	237
(15)UFU FP 15															59	82	29	51	108	369	326
(16)UFU FP 16																97	33	39	41	450	401
(17)UFU FP 17																	88	122	116	232	180
(18)UFU FP 18																		22	62	411	377
(19)UFU FP 19																			51	445	428
(20)UFU FP 20																				482	456
(21)NA 5909RG																					24

(22): NS 6939 RR. Fonte: Autora.

A análise das cultivares no presente estudo, NS 6939RR e NA 5909RG, mostrou que esses genótipos são altamente divergentes em relação aos demais avaliados. A maior frequência de pares com altas medidas de divergência ocorre quando um dos componentes é uma dessas cultivares. Por outro lado, a UFU FP 09 apresentou as maiores estimativas de dissimilaridade comparativamente às demais linhagens (TABELA 3).

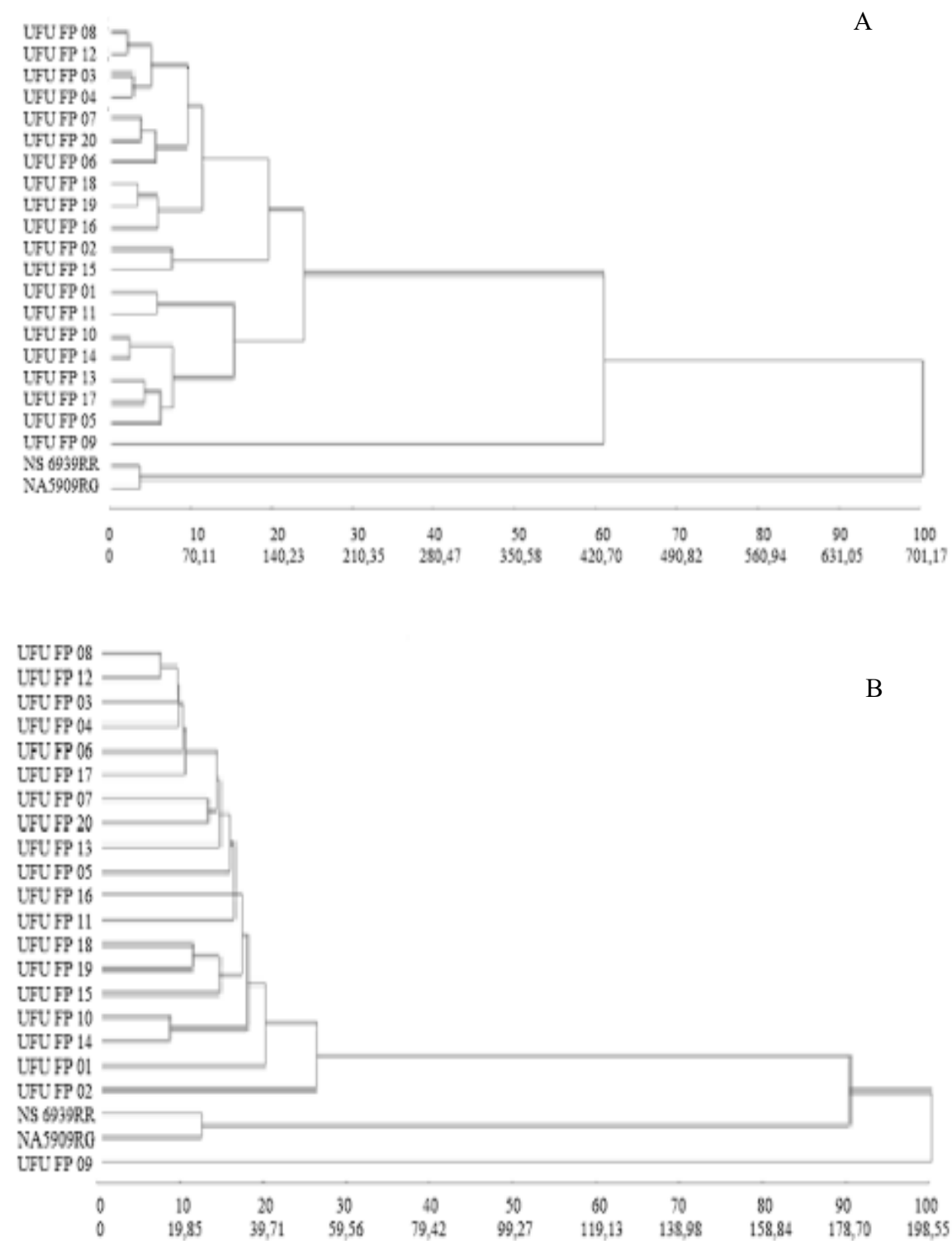
Almeida *et al.* (2010) estimaram medidas de dissimilaridade baseando-se na distância generalizada de Mahalanobis entre 11 genótipos em relação a oito caracteres associados ao ciclo, altura de plantas, componentes de produção e produtividade de grãos. Esses autores também observaram variabilidade genética entre os genótipos e destacaram uma cultivar que retém maiores estimativas de dissimilaridade comparando-se aos demais genótipos incluídos na pesquisa.

A análise por métodos de agrupamentos tem como objetivo reunir os genótipos em vários grupos, de forma a manter a homogeneidade dentro do grupo e a heterogeneidade entre grupos. Por meio dos métodos hierárquicos é possível estabelecer um dendrograma ou diagrama de árvore, em que, para a interpretação, o maior interesse não é no número de grupos formados, mas sim na disposição dos genótipos no dendrograma e suas ramificações (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012)

O coeficiente de correlação cofenética (CCC) permite identificar a boa representação gráfica das distâncias genéticas, entre os genótipos e sua matriz original, para o qual valores acima de 0,7 são considerados dendrogramas com um bom ajuste (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

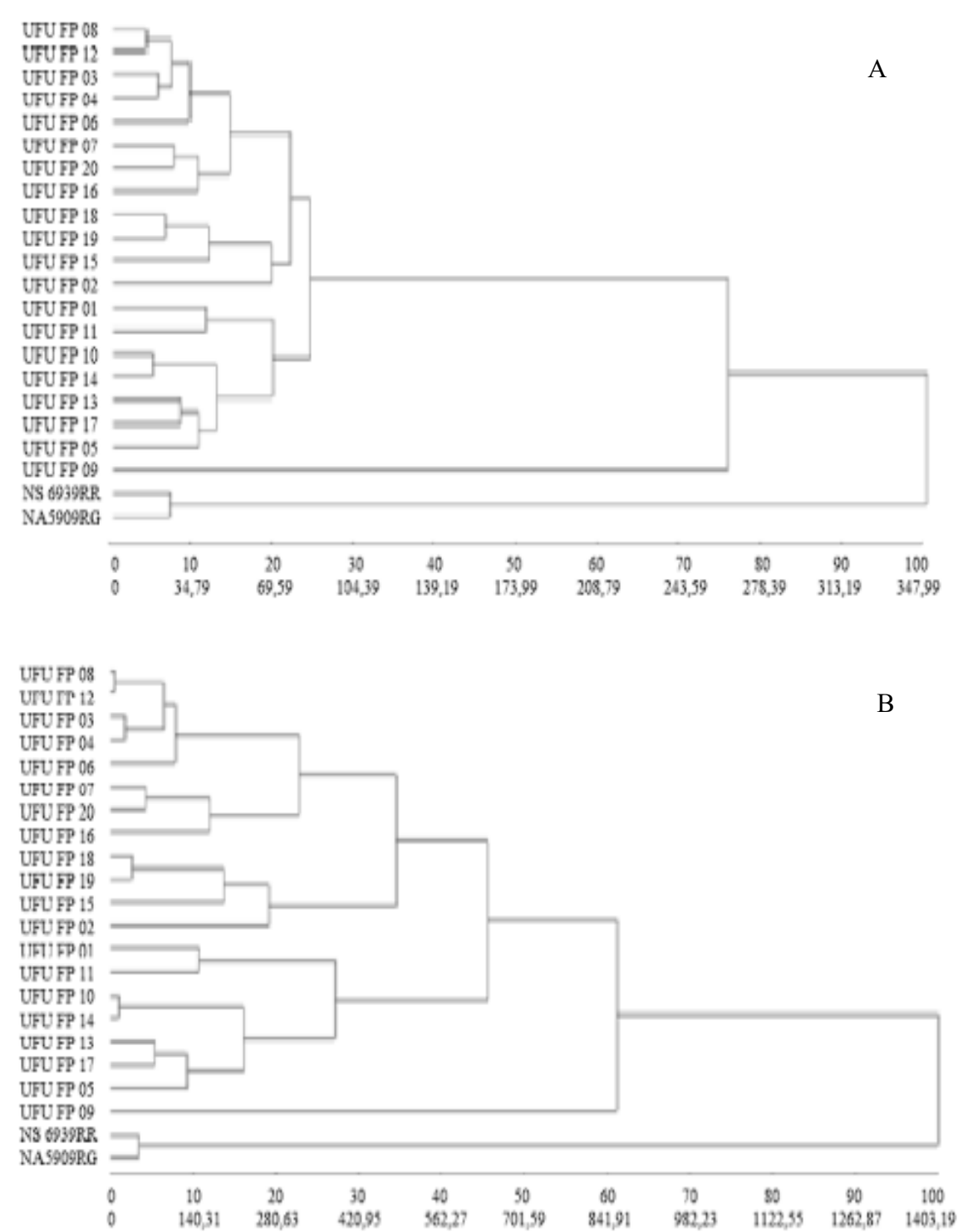
A partir da dissimilaridade genética foram estabelecidos os dendrogramas por quatro métodos hierárquicos distintos (do vizinho mais distante, vizinho mais próximo, método UPGMA e o método de WARD). Os valores de CCC oscilaram entre 0,84 e 0,87, significativos pelo teste t a 1% de probabilidade, para os métodos hierárquicos (FIGURAS 2 e 3). Esses resultados corroboram com o trabalho de diversidade genética de Rigon *et al.* (2012) que ao aplicar o método de agrupamento vizinho mais próximo encontraram estimativas de CCC 0,75.

FIGURA 2. Dendrogramas representativos da dissimilaridade genética entre 22 genótipos de soja. A. Método do vizinho mais distante CCC: 0,89\*\*; B. Método do vizinho mais próximo CCC: 0,87\*\*; Valores de CCC significativos a 1% de probabilidade pelo teste t



Fonte: Autora.

FIGURA 3. Dendrogramas representativos da dissimilaridade genética entre 22 genótipos de soja. A. Método UPGMA CCC: 0,89\*\*; B. Método de Ward CCC: 0,84\*\* Valores de CCC significativos a 1% de probabilidade pelo teste t



Fonte: Autora.

A delimitação do ponto de corte para análise dos métodos de agrupamento hierárquico foi estabelecida no ponto em que ocorrem as maiores mudanças de níveis no dendrograma, assim como indicado por CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO (2012). Seguindo esse método de delimitação, para análise dos dendrograma apresentados nas FIGURAS 2 e 3, adotou-se 30% como valor do ponto de corte.

A análise dos dendrogramas baseados nos métodos do vizinho mais próximo e mais distante e UPGMA permitiu a separação dos genótipos em três grupos, considerando 30% da distância, em que o primeiro reuniu a maioria dos genótipos estudados, contudo, ocorreu uma mudança entre as ramificações no primeiro grupo de cada dendrograma, alterando a forma em que estão associados os genótipos pertencentes a esse grupo (FIGURA 2).

O método de Ward apresentou uma divergência quanto ao número de grupos considerando o mesmo ponto de corte dos demais métodos, a partir desse dendrograma foram separados cinco grupos distintos (FIGURA 3).

Cantelli *et al.* (2016) avaliaram a diversidade genética entre 51 linhagens de soja em Uberlândia, comparando cinco métodos hierárquicos e o método de otimização de Tocher para o agrupamento dos genótipos em relação à diversidade de caracteres morfológicos de interesse agrônomo. Esses autores observaram que todos os métodos reuniram no primeiro grupo a maior parte dos genótipos e que as ramificações dentro desse grupo foram alteradas nos diferentes métodos hierárquicos, assim como ocorrido nesse estudo.

Entre os métodos de otimização, o de Tocher é o mais utilizado, em que os grupos são separados a partir do critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo seja menor do que entre grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O agrupamento obtido pelo teste de Tocher está apresentado na TABELA 4.

A partir da análise comparativa entre os métodos hierárquicos do vizinho mais próximo, mais distante e UPGMA com o método de otimização de Tocher, foi observado que para todos esses foi possível a separação de três grupos de genótipos, (FIGURA 2; TABELA 4).



TABELA 4. Agrupamento de otimização de Tocher entre 22 genótipos de soja, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis obtida por caracteres agronômicos e da fase vegetativa

Grupos	Genótipos
I	UFU FP 8; UFU FP 12; UFU FP 3; UFU FP 4; UFU FP 6; UFU FP 20; UFU FP 7; UFU FP 16; UFU FP 18; UFU FP 19; UFU FP 13; UFU FP 5; UFU FP 17; UFU FP 14; UFU FP 10; UFU FP 15; UFU FP 11; UFU FP 1; UFU FP 2;
II	NS 6939 RR; NA 5909 RG
III	UFU FP 09

Fonte: Autora.

O grupo I formado pelo método de Tocher reuniu o maior número de genótipos, separando de forma isolada no grupo II as cultivares NS 6939RR e NA 5909RG e no grupo III a linhagem UFU FP 09 (TABELA 4), assim como observado na separação dos genótipos pelos métodos hierárquicos do vizinho mais próximo e mais distante e UPGMA (FIGURAS 2 e 3).

Aplicando o método de Tocher, Veni *et al.* (2008) avaliaram 65 linhagens de soja provenientes de diferentes regiões geográficas e verificaram a formação de oito grupos e que genótipos de uma mesma região foram separados entre esses grupos, evidenciando que no método de Tocher com base nas medidas de dissimilaridade de Mahalanobis, a diversidade genética sobressaiu sobre a diversidade geográfica ou ambiental.

Puluzio *et al.* (2014) avaliaram a divergência genética entre 21 cultivares de soja com o objetivo de agrupar os genótipos em relação à diversidade para porcentagem de óleo, comparando o método hierárquico do vizinho mais próximo com o de otimização de Tocher, e constataram a coincidência entre os métodos para divisão dos genótipos em oito grupos.

Outro método que também é utilizado com o propósito de avaliar a divergência genética entre genótipos é o das variáveis canônicas, que permite a obtenção de gráficos de dispersão bi/tridimensionais. A viabilidade do uso das variáveis canônicas está vinculada à concentração da variabilidade total dos genótipos, em pelo menos 80%, nas primeiras variáveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As três primeiras variáveis canônicas concentraram 80,13% da variabilidade disponível (TABELA 5), possibilitando a dispersão dos genótipos em gráfico

tridimensional para interpretação da diversidade dos genótipos quando considerados os 18 caracteres avaliados conforme consta na FIGURA 4.

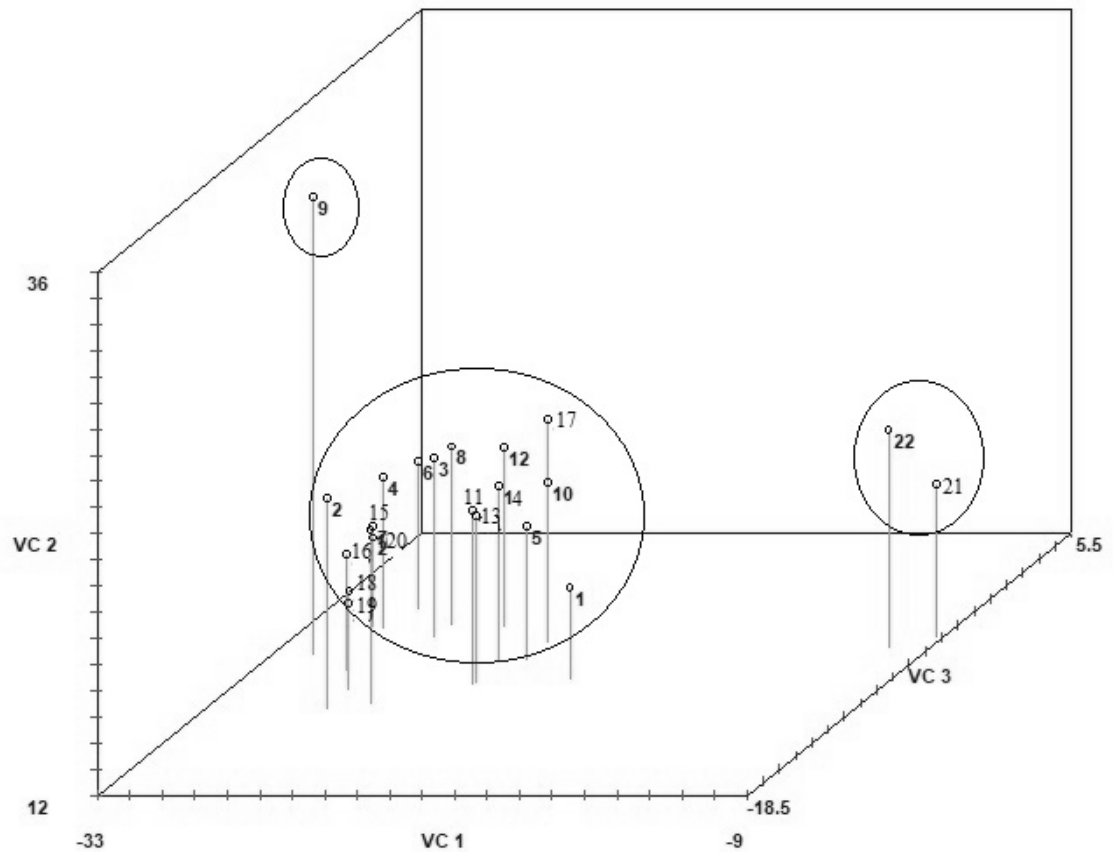
TABELA 5. Estimativa dos autovalores das variáveis canônicas para estudo de diversidade genética entre 22 genótipos de soja

Variáveis canônicas	Raiz	Raiz (%)	(%) Acumulada
1	34,16	51,12	51,12
2	12,86	19,25	70,37
3	6,53	9,77	80,13
4	4,28	6,40	86,54
5	2,61	3,90	86,54
6	1,79	2,67	90,44
7	1,26	1,88	93,11
8	1,00	1,50	94,99
9	0,62	0,93	96,50
10	0,48	0,71	97,42
11	0,45	0,67	98,14
12	0,23	0,34	98,81
13	0,20	0,29	99,16
14	0,17	0,24	99,45
15	0,10	0,14	99,70
16	0,06	0,09	99,84
17	0,02	0,03	99,97
18	0,02	0,03	110,00

Fonte: Autora.

Pela análise da dispersão gráfica a partir das variáveis canônicas foi possível perceber que os genótipos foram separados em três grupos, concordando com os métodos hierárquicos UPGMA, vizinho mais próximo e vizinho mais distante, e com o método de otimização de Tocher. Assim como nos grupos identificados pela análise dos dendrogramas e pelo método de Tocher, os genótipos foram agrupados de forma, que as cultivares permanecem distantes das linhagens, e a linhagem UFU FP 09 continuou sendo a mais divergente das demais, permanecendo em um grupo a parte.

FIGURA 4. Dispersão gráfica de 22 genótipos de soja, em relação às três primeiras variáveis canônicas. VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2; VC3: Variável canônica 3; Pontos de 1 a 20: linhagens de UFU FP 01 a UFU FP 20 em ordem numérica; Pontos 21 e 22: Cultivares NA 5909RG e NS6939 RR, respectivamente. Fonte: Autora.



Fonte: Autora.

A aplicação do método das variáveis canônicas evidenciou a formação de subgrupos dentro de um grupo homogêneo, sendo esse um método eficiente na identificação da diversidade genética mesmo entre os genótipos que foram incluídos em um mesmo grupo.

Comparando os diferentes métodos de agrupamento aplicados nesse estudo, verificou-se a concordância entre os diferentes métodos, corroborando com os resultados de Machado *et al.* (2017) que, avaliando linhagens de soja em Uberlândia, encontraram resultados semelhantes pelos métodos de agrupamentos UPGMA, de otimização de Tocher e da dispersão gráfica de variáveis canônicas. Assim como Almeida; Peluzio e Afférri (2010) observaram que a formação dos dendrogramas, baseado no método vizinho mais

próximo, o agrupamento de Tocher e a dispersão gráfica das variáveis canônicas coincidiram na divisão dos genótipos.

A fim de compreender a importância dos caracteres morfológicos de fase vegetativa e reprodutiva, foi estimada a contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética pelo método de Singh (1981) e os resultados estão dispostos na TABELA 6.

TABELA 6. Contribuição relativa de caracteres agronômicos e da fase vegetativa em 22 genótipos de soja, conforme critério de Singh (S.j.) (1981)

Caracteres	S.j.	Valor (%)
Número de dias para maturidade	12045,71	39,00
Número de vagens totais	3633,39	11,76
Comprimento da raque do primeiro trifólio	2341,68	7,58
Altura da planta na maturidade	2144,84	6,94
Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada	2005,09	6,49
Comprimento do hipocótilo	1675,73	5,43
Peso de cem grãos	1096,42	3,55
Número de nós produtivos na haste principal	1044,35	3,38
Razão entre altura de plantas no florescimento e na maturidade	939,60	3,04
Número total de vagens	846,78	2,74
Comprimento do epicótilo	836,23	2,71
Número de nós ramificados	541,78	1,75
Altura da inserção da primeira vagem	394,89	1,28
Razão entre a largura e o comprimento da folha unifoliolada	324,25	1,05
Comprimento do primeiro internódio	297,92	0,96
Comprimento pecíolo do primeiro trifólio	296,62	0,96
Duração do período reprodutivo	7,51	0,02

Fonte: Autora.

O caráter relacionado ao ciclo de cada genótipo destacou-se por contribuir com a maior parte da diversidade genética, pois o número de dias para a maturidade contribuiu para a maior porção dessa contribuição, 39,00%, e o caráter menos relevante para diversidade foi a duração do período reprodutivo, com apenas 0,02 % de contribuição relativa (TABELA 6). Rigon *et al.* (2012) avaliando a contribuição relativa dos caracteres agronômicos para divergência genética entre 18 genótipos de soja, também encontraram a maior contribuição por parte do caráter número de dias para a maturidade.

Os caracteres de fase vegetativa foram importantes para a análise da diversidade genética, destacando-se o comprimento da raque do primeiro trifólio que apresentou a terceira maior contribuição, 7,58%, o comprimento do pecíolo da folha unifoliolada e do

hipocótilo também foram representativos na análise (TABELA 6). Esse resultado apontou que caracteres de fase vegetativa podem ser úteis em estudos de diversidade genética entre genótipos de soja.

Segundo Cantelli *et al.* (2016) a escolha do método de análise da diversidade genética depende dos objetivos do melhorista, considerando a precisão desejada, a facilidade de análise, a natureza dos dados avaliados e que não há um parâmetro de escolha. A comparação entre os diversos métodos de análise da diversidade nesse trabalho permitiu a mesma conclusão: de que a escolha do método de agrupamento ocorre de forma aleatória, de acordo com o pesquisador, sem comprometer os resultados.

A principal aplicação dos estudos de diversidade previamente ao melhoramento genético é a definição de combinações entre os genótipos avaliados que irão favorecer a maior variabilidade genética na população segregante. Contudo, a escolha de genitores para hibridação deve ser feita a partir da análise da diversidade genética aliada ao desempenho do genótipo para o caráter de interesse (FERREIRA JÚNIOR *et al.*, 2015).

No melhoramento da soja, atualmente, a preferência de mercado tem sido para cultivares com menor ciclo e maior produtividade de grãos (CRUZ *et al.*, 2010). Assim, as médias dos caracteres número de dias para a maturidade e produção de grãos, para os genótipos avaliados estão apresentadas na TABELA 7.

Considerando a análise de diversidade genética e o potencial de cada genótipo para a redução do ciclo e aumento da produtividade de grãos, pode ser indicada a hibridação entre linhagens e as cultivares NS 6939 RR e NA 5909 RG, uma vez que elas apresentam divergência genética e são contrastantes para o caráter NDM. Assim são propostos os cruzamentos entre os genótipos UFU FP 03, UFU FP 04, UFU FP 06, UFU FP 08 e UFU FP 17 com as cultivares NS 6939 RR e NA 5909 RG, a fim de combinar a elevada produtividade de grãos apresentadas por esses genótipos com a precocidade das cultivares.

O cruzamento entre linhagens que sejam apenas convencionais torna-se uma alternativa importante, uma vez que uma parcela do mercado consumidor apresenta resistência a utilização da soja transgênica, além do oferecimento de bonificações ao produtor de grãos convencionais (PELAEZ *et al.*, 2004). Com isso, torna-se viável a inserção de linhagens do programa de melhoramento genético da UFU que sejam contrastantes para precocidade por meio de combinações com as linhagens avaliadas nesse estudo.

TABELA 7. Médias dos caracteres número de dias para a maturidade (NDM) e Produtividade de grãos (PROD) para 22 genótipos de soja avaliados em Uberlândia – MG, safra 2017/18

Genótipo	NDM*	PROD <sup>+</sup>
UFU FP 01	129,33 b	3327,79 c
UFU FP 02	134,67 b	3205,82 c
UFU FP 03	124,33 b	3922,91 b
UFU FP 04	127,67 b	3637,92 b
UFU FP 05	132,33 b	2392,56 c
UFU FP 06	127,33 b	5343,82 a
UFU FP 07	134,67 b	2483,50 c
UFU FP 08	128,00 b	3968,36 b
UFU FP 09	143,00 c	2260,91 c
UFU FP 10	127,00 b	2868,38 c
UFU FP 11	134,00 b	2979,25 c
UFU FP 12	126,33 b	3013,30 c
UFU FP 13	132,33 b	3239,58 c
UFU FP 14	134,67 b	2890,14 c
UFU FP 15	143,33 c	2319,28 c
UFU FP 16	142,67 c	1890,81 c
UFU FP 17	123,67 b	3952,79 b
UFU FP 18	141,67 c	3010,25 c
UFUFP 19	143,33 c	2240,42 c
UFU FP 20	131,00 b	2935,45 c
NA 5909RG	95,67 a	3263,62 c
NS 6939RR	98,00 a	3602,00 b

Médias seguidas pela mesma letra na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott-Knott a 5% (\*) e 10% (°) de significância. Fonte: Autora.

## 4 CONCLUSÕES

As linhagens do programa de melhoramento de soja da UFU apresentaram diversidade genética entre si, destacando-se a UFU FP 09 indicada como a mais divergente em relação aos demais genótipos.

Os métodos de agrupamento hierárquicos, do vizinho mais próximo, do vizinho mais distante, UPGMA e de Ward apresentaram resultados semelhantes com o mesmo número de grupos em cada dendrograma.

Os métodos de otimização de Tocher e de variáveis canônicas permitiram determinar os mesmos grupos em relação aos métodos hierárquicos.

O caráter número de dias para a maturidade apresentou a maior contribuição individual e os caracteres de fase vegetativa se mostraram úteis ao estudo da diversidade genética.

Foram propostas as seguintes combinações para cruzamentos posteriores, considerando a precocidade e produtividade de grãos dos genótipos: UFU FP 03 x NS6939RR; UFU FP03 x NA5909RG; UFU FP 04 x NS6939RR; UFU FP04 x NA5909RG; UFU FP 06 x NS6939RR; UFU FP06 x NA5909RG; UFU FP 08 x NS6939RR; UFU FP08 x NA5909RG; UFU FP 17 x NS6939RR; UFU FP17 x NA5909RG

## REFERÊNCIAS

- ADIE, M. M.; KRISNAWATI, A. Characterization and clustering of agronomic characters of several soybean genotypes. **Nusantara Bioscience**, v. 9, n. 3, p. 237-242, 2017. <https://doi.org/10.13057/nusbiosci/n090301>
- 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, 2010. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>
- BARROS, J.P.A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. C. S.; SILVA, A. F.; BEZERRA, A. R. G.; ROSA, D.P.; SILVA, A. S. L.; OLIVEIRA, D. S. Estimates of genetic parameters and efficiency in selection for branching capacity in soybean genotypes. **Journal of Agronomy**, Falsalabad, v. 15, n. 1, p. 39-44, 2016. <https://doi.org/10.3923/ja.2016.39.44>
- CARVALHO, I. R.; KORCELSKI, C.; PELISSARI, G.; HANUS, A. D.; ROSA, G. M. Demanda hídrica das culturas de interesse agrônomo. **Enciclopédia Biosfera**, [s.l.], v. 9, n. 17, p. 969-985, 2013.
- CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, 2016. <https://doi.org/10.4238/gmr.15048836>
- CARVALHO, A. F.; SILVA, G. O. Divergência genética entre genótipos de cenoura através de caracteres agrônomo. **Revista Agro@mbiente** [s.l.], On-line, v. 11, n. 2, p. 137-144. 2017. <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v11i2.3642>
- CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.
- CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. **Scientia agraria**, [s.l.], v. 11, n. 1, p.33-42, 2010.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- DONG, Y. S.; ZHUANG, B. C.; ZHAO, L. M.; SUN, H., H. E. M. Y. The genetic diversity of annual wild soybeans grown in China. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 103, n. 1, p. 98-103, 2001. <https://doi.org/10.1007/s001220000522>



FARIA, P. N.; CECOM, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>

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

GIZLICE, Z.; CARTER, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 5, p. 1143-1151, 1994. <https://doi.org/10.2135/cropsci1994.0011183X003400050001x>

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, [s.l.], v. 2015, 2015.

<https://doi.org/10.1155/2015/431487>

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

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; ARANTES, J.; UNEDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa, Sinop**, [s.l.], v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015.

<https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; JORGE, G. L.; REZENDE, G. F.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars.

**Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 33, n. 6, 2017. <https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240>

MACHADO JUNIOR, R.; ALVES, G. F.; GONÇALVES, V. A. R.; OLIVEIRA, S. C.; GOMES, R. S.; CECOM, P. R.; FERREIRA, S. S.; MATSUO, E. Use of millimeter ruler as an alternative tool in the phenotyping of potential descriptors of soybean. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l.], v. 13, n. 28, p. 1425-1429, 2018.

<https://doi.org/10.5897/AJAR2018.13248>

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. D. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, [s.l.], v. 42, n. 2, 2012a. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012000200001>

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. D. C. T.; CADORE, L. R. Estimates of the genetic parameters, optimum sample size and conversion of quantitative data in multiple categories for soybean genotypes. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 34, n. 3, p. 265-273, 2012b. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v34i3.14015>

MULATO, B. M.; MÖLLER, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000300007>

NIDERA SEMENTES, Sementes mais indicadas para a sua região, disponível em <<http://www.niderasementes.com.br/produtos.aspx?cat=23,31>>, acesso em 06 de dezembro de 2018.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; PEREIRA, D. G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural**, [s.l.], v. 38, n. 9, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782008000900003>

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W.; GARCIA, N. C. P.; GARCIA, S. L. R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 26, n. 2, p. 211-217, 2004. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v26i2.1894>

PELAEZ, V.; ALBERGONI, L.; GUERRA, M. P. Soja transgênica versus soja convencional: uma análise comparativa de custos e benefícios. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, [s.l.], v. 21, n. 2, p. 279-309, 2004.

PELUZIO, J. M.; LOPES, L. A.; CARVALHO, E. V.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A. Características agrônômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, [s.l.], v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014. <https://doi.org/10.4322/rca.2013.058>

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, C. P. D.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. **Genetics and molecular biology**, [s.l.], v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000034>

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>

SONG, Q.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; QUIGLEY, C. V.; FICKUS, E. W.; NELSON, R. L., CREGAN, P. B. Fingerprinting soybean germplasm and its utility in genomic research. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, [s.l], v. 5, n. 10, p. 1999-2006, 2015. <https://doi.org/10.1534/g3.115.019000>

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, Fortaleza, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

VENI, B. K.; RANI, B. P.; RAMANA, M. V. Genetic divergence studies in soybean [Glycine max (L.) Merrill]. **Soybean Research**, [s.l] v. 6, p. 77-80, 2008.

WANG, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L.; CHANG, R.; QIU, L. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1032-1038, 2006. <https://doi.org/10.2135/cropsci2005.0051>

WILKS, D. S. Cluster analysis. In: **International geophysics**. Academic press, 2011. p. 603-616. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-385022-5.00015-4>

WYSMIERSKI, P.T.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l], v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>

### **CAPÍTULO 3. Parâmetros genéticos e seleção de genótipos em populações segregantes de soja**

#### **RESUMO**

Os programas de melhoramento compõem um importante fator que contribui para o incremento na produção de soja brasileira. O melhoramento é um processo que envolve três etapas importantes para o sucesso da seleção de genótipos superiores: a criação da variabilidade genética; análise da população segregante e seleção dos melhores recombinantes; e os testes e seleção em gerações avançadas de linhagens até o lançamento da futura cultivar. A análise de populações segregantes, bem como as estimativas de parâmetros genéticos, permitem a tomada de decisões nas etapas seguintes. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar parâmetros genéticos e ganhos de seleção em duas populações segregantes F2 de soja e selecionar indivíduos superiores para caracteres de interesse agrônomo e produção de grãos. A pesquisa foi realizada em casa de vegetação e campo na área do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, no município de Uberlândia – MG. As populações segregantes foram obtidas em casa de vegetação a partir de cruzamentos biparentais entre as cultivares Emgopa-316 com UFUS 6901 e Emgopa-316 com UFUS 7415. As sementes F2 e dos parentais foram semeadas, em campo, adotando semeadura em covas, com 50 cm entre linhas e 30 cm entre plantas. Foram avaliados os caracteres relacionados a ciclo, altura de plantas, número de nós, componentes da produção e produção de grãos. Foram estimadas as variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas, a herdabilidade no sentido amplo e o número de genes envolvidos para cada caráter, em seguida foram selecionados 20% dos melhores genótipos e estimado o ganho de seleção. A análise das duas populações possibilitou a estimativa dos parâmetros genéticos e indicaram a existência de variabilidade genética, contudo, a combinação Emgopa-316 e UFUS 7415 gerou estimativas superiores para as análises de variância e herdabilidade. Foram obtidas herdabilidade de 15,49% na população FP-A e 74,65% na população FP-B para a produção de grãos e oscilou entre 13,88 e 66,20% para a população FP-A e entre 23,99 e 85,89% na população FP-B para os caracteres agrônômicos. Os cruzamentos entre Emgopa-316 e UFUS 6901 ou UFUS 7415 possibilitaram a seleção de genótipos superiores para todos os caracteres de interesse avaliados, com ganhos de seleção variando de -6,55% a 24,21% na população FP-A e de -12,41% a 51,06% na população FP-B, abrangendo ainda a seleção para o menor ciclo e maior produção de grãos concomitante.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; Melhoramento genético; Análise de gerações.

### CHAPTER 3. Genetics parameters and genotypes selection in segregating populations of soybean

#### ABSTRACT

The breeding programs constitute an important factor that contributes to the increase in Brazilian soy production. The crop breeding is a process that involves three important steps to the success of the selection of superior genotypes: the creation of genetic variability; analysis of the segregating population and selection of the best recombinants; and testing and selection in advanced generations of lineages until the launch of the future cultivar. The analysis of segregating populations, as well as the estimates of genetic parameters, allow the decision making in the following stages. Thus, the objective of the present work was to evaluate genetic parameters and selection gains in two soybean segregation F2 populations and to select superior individuals for characters of agronomic interest and grain yield. The research was carried out in a greenhouse and field in the area of the UFU Soybean Breeding Program, in the city of Uberlandia - MG. Segregating populations were obtained in greenhouse from two-parent crosses between the cultivars Emgopa-316 with UFUS 6901 and Emgopa-316 with UFUS 7415. F2 and parental seeds were sown in the field, using sowing in pits with 50 cm between rows and 30 cm between plants. Characteristics related to cycle, plant height, number of nodes, production components and grain yield were evaluated. Phenotypic, environmental and genotypic variances were estimated, heritability in the broad sense and number of genes involved for each character, then 20% of the best genotypes were selected and the selection gain was estimated. The analysis of the two populations made possible the estimation of the genetic parameters and indicated the existence of genetic variability, however, the combination Emgopa-316 and UFUS 7415 generated superior estimates for the analysis of variance and heritability. Inheritability of 15.49% was obtained in the FP-A population and 74.65% in the FP-B population for grain production and ranged from 13.88 to 66.20% for the FP-A population and from 23.99 and 85.89% in the FP-B population for the agronomic characters. The crosses between Emgopa-316 and UFUS 6901 or UFUS 7415 made possible the selection of superior genotypes for all the characters of interest evaluated, with selection gains ranging from -6.55% to 24.21% in the FP-A population and - 12.41% to 51.06% in the FP-B population, also covering the selection for the shortest cycle and higher concomitant grain yield.

**Words-key:** *Glycine max*; Genetic breeding, Generation analysis.

## 1 INTRODUÇÃO

O agronegócio tem grande importância no cenário econômico brasileiro, no qual a soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é o principal produto de exportação (PEREIRA; NASCIMENTO, 2017). O Brasil ocupa posição de destaque no mercado internacional da cultura, sendo o segundo maior produtor mundial, com uma produção de 117 milhões de toneladas na safra 2017/18, e maior exportador de soja em grãos para o mundo, responsável por 44,68% de todas as exportações mundiais do produto (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2018a).

Estima-se que a produtividade de grãos da soja brasileira tenha aumentado mais de 200% desde as primeiras cultivares produzidas na década de 1960, com produtividade de 1089 kg ha<sup>-1</sup>, até as atuais, que atingiram uma média nacional de 3394 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2017/18, que é um reflexo dos avanços obtidos por um conjunto de tecnologias de produção e desenvolvimento de novas cultivares que têm sido oferecidas aos produtores de soja (CONAB, 2018b; CATTELAN; DALL'AGNOL, 2018).

Os programas de melhoramento genético da soja têm amplo papel nesse incremento de produção, pelo desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com características de resistência a estresses bióticos e abióticos e maior produtividade de grãos com ampla adaptação e estabilidade (SPEHAR *et al.*, 2014). Segundo Todeschine (2018) a contribuição do melhoramento genético para a produtividade de grãos em soja foi de aproximadamente 40 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> entre as cultivares produzidas ao longo dos últimos 45 anos.

O melhoramento genético é um processo contínuo, que se inicia com a geração de variabilidade, seguida da análise e seleção dos melhores genótipos em uma população segregante, o avanço de gerações a fim de retomar a homozigose aliada ao teste e seleção de linhagens, finalizando com as avaliações em regiões de indicação da futura cultivar (CECCARELLI *et al.*, 2014).

Os objetivos de um programa de melhoramento no desenvolvimento de uma nova cultivar são o aumento da produtividade de grãos aliado à melhoria de caracteres de interesse agrônomo. Entre esses, destacam-se aqueles relacionados à arquitetura de plantas e os componentes de produção por refletirem na maior produção de grãos por planta (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

A expansão da soja e o cultivo em monocultura têm aumentado o número de doenças que acometem a sojicultura, entre os principais fatores limitantes da produção, exigindo tecnologias que ajudem a superar essa limitação, entre elas a resistência genética de cultivares (CATELLI, 2009; MORCELI JÚNIOR *et al.*, 2008; MOREIRA *et al.*, 2013). Dentre os microrganismos causadores de doenças na soja, destaca-se o *Sclerotinia sclerotiorum*, agente etiológico do mofo branco, capaz de se manter no solo em forma de estruturas de resistência por vários anos, voltando a infectar as plantas em condições ambientais favoráveis (WESTPHAL; ABNEY; SHANER, 2015).

A resistência parcial ao mofo branco tem sido observada em alguns genótipos e tornou-se foco de programas de melhoramento, uma vez que, a utilização de cultivares resistentes aliada a um manejo integrado promove a supressão da doença (WESTPHAL; ABNEY; SHANER, 2015; WILLBUR *et al.*, 2016). Alguns autores têm identificado a cultivar Emgopa-316 como um importante padrão de resistência ao mofo branco (JULIATTI *et al.*, 2013; JULIATTI *et al.*, 2015; GARCIA *et al.*, 2015). Com o objetivo de estabelecer um ranqueamento entre genótipos de soja com resistência ao mofo branco, Juliatti *et al.* (2013) constataram que a Emgopa-316 apresentou a maior resistência parcial entre os demais avaliados.

A avaliação de parâmetros genéticos em populações segregantes de soja permite obter informações necessárias sobre a estrutura genética dessas populações, e facilita o sucesso ao prosseguir no avanço de gerações e seleção para caracteres agronômicos, resistência a doenças e produtividade de grãos (COSTA *et al.*, 2008; VASCONCELOS *et al.*, 2015; SANTOS *et al.*, 2018).

A partir do exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu em avaliar os parâmetros genéticos e ganhos de seleção de duas populações F<sub>2</sub>, de soja, provenientes de cruzamentos com a cultivar Emgopa-316, para os caracteres de interesse agronômicos e produtividade de grãos; e selecionar 20% dos genótipos superiores para caracteres alvos no melhoramento da soja.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

A pesquisa foi realizada em casa de vegetação e campo, na área experimental do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na fazenda Capim Branco, em Uberlândia – MG, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude.

Foram selecionadas para este estudo três cultivares (Emgopa-316, UFUS 6901 e UFUS 7415) que deram origem a duas populações segregantes, a partir de cruzamentos biparentais, cuja genealogia para cada população está disposta na TABELA 1.

TABELA 1. Genealogia dos cruzamentos realizados em soja, com os respectivos códigos associados a cada população

População	Genealogia
FP-A	Emgopa-316 x UFUS 6901
FP-B	Emgopa-316 x UFUS 7415

Fonte: Autora.

Desenvolvida pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (Embrapa), a cultivar Emgopa-316 tem como descritores: ciclo de maturação precoce, cor de flor branca, cor da pubescência marrom, tegumento da semente amarelo brilhante, cor de hilo marrom e tipo de crescimento indeterminado (EMBRAPA, 2016).

A cultivar UFUS 6901 foi desenvolvida pelo programa de melhoramento de soja da UFU. Tem como descritores: ciclo de maturação precoce, cor de flor branca, cor da pubescência marrom clara, tipo de crescimento indeterminado, hilo marrom (PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UFU - PMS UFU, 2018)

A cultivar UFUS 7415, foi desenvolvida pelo programa de melhoramento de soja da UFU, apresenta ciclo precoce, cor de flor roxa, cor da pubescência marrom médio, tipo de crescimento semi-determinado e hilo preto (HAMAWAKI *et al.*, 2018).

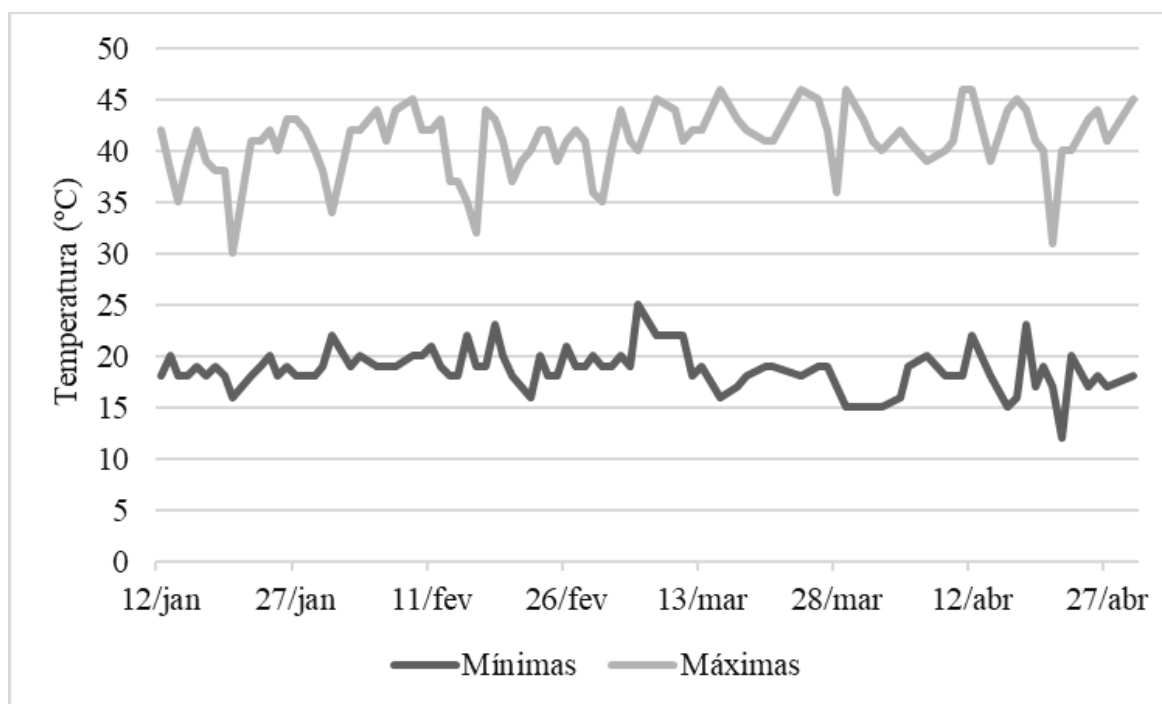
O bloco de cruzamento de genitores foi realizado em casa de vegetação, cuja semeadura iniciou-se em 21 de janeiro de 2017. Adotou-se semeadura escalonada de três em três dias, visando favorecer uma ampla janela de florescimento. As sementes dos genitores foram semeadas em vasos de 3 L, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Foram dispostas quatro sementes por vaso e quando as plantas se encontravam



em estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977) foi realizado um desbaste, mantendo apenas duas plantas. Ao atingirem o estágio V5 de desenvolvimento foram excisados os meristemas apicais.

Foram realizadas adubações quinzenais com a fórmula 02-18-12 e o composto nitrogenado Mono-amônio-fosfato (MAP). Todos os vasos receberam duas irrigações diárias e a temperatura local durante os meses de cultivo está apresentada na FIGURA 1.

FIGURA 1. Temperaturas máxima e mínima ao longo dos meses janeiro de 2017 a abril de 2017, na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco, Uberlândia – MG



Fonte: Autora.

As hibridações foram realizadas durante os períodos de 9 a 11 horas e 13 a 16 horas, devido à maior viabilidade do pólen observada nesses horários, entre os meses de fevereiro a abril de 2017. Com o auxílio de uma pinça foram retiradas as sépalas dos botões florais dos genitores maternos, que foram emasculados e receberam o pólen da flor doadora do genitor paterno. Cada cruzamento foi identificado com uma etiqueta, cujas vagens resultantes foram colhidas para obtenção das sementes F1.

Foram obtidas 30 sementes F1 da combinação Emgopa-316 com UFUS 6901 e 16 sementes F1 da combinação Emgopa-316 com UFUS 7415, as quais foram semeadas em vasos contendo 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica, os quais foram mantidos em casa de vegetação, recebendo irrigação diária e os tratos culturais e fitossanitários necessários para

o controle de pragas e doenças (EMBRAPA, 2013). Após a maturação das plantas F1 realizou-se a colheita manual das sementes da geração F2.

As sementes da geração F2 e dos parentais de ambas combinações foram semeadas em campo, cujo solo é caracterizado em Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. O solo foi preparado com uma aração e duas gradagens sendo em seguida realizada a abertura de linhas espaçadas em 50 cm. Anterior à semeadura procedeu-se a adubação com 400 kg ha<sup>-1</sup> da fórmula 02-18-12.

Foram dispostas em campo 30 sementes de cada genitor, 367 sementes F2 da população FP-A e 284 sementes F2 da população FP-B. Cada indivíduo F2 e/ou semente de parentais foram semeados, no dia 21 de fevereiro de 2018, em covas com distância de 50 cm entre linhas e 30 cm entre plantas. Previamente à semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*.

Foi realizada uma adubação foliar com micronutrientes Cobalto e Molibdênio e adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 150 kg ha<sup>-1</sup> quando as plantas de soja se encontravam no estágio V4 da cultura (FEHR; CAVINESS, 1977).

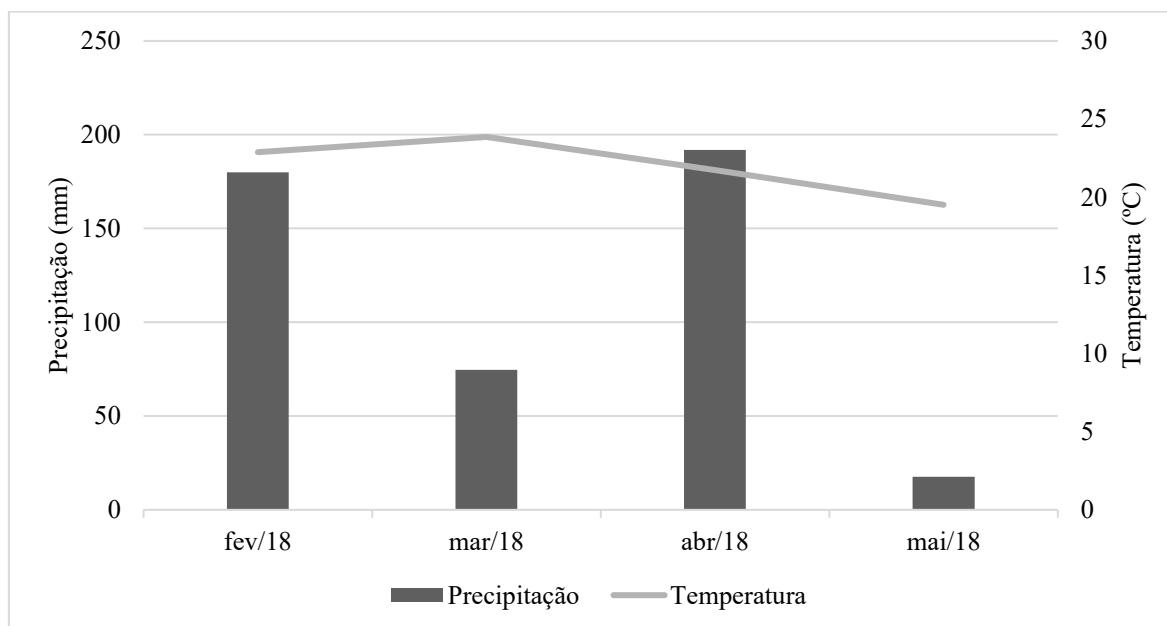
O controle de plantas invasoras foi realizado com uma aplicação de herbicida pré-emergente, S-metaclo, logo em seguida à semeadura, na dosagem de 1,4 L ha<sup>-1</sup>, com o auxílio de um pulverizador costal manual. Posteriormente, foram realizadas duas capinas manuais com intervalo de 15 dias e no estágio V4 da soja (FEHR; CALVINESS, 1977) foi aplicado herbicida pós-emergente, Cletodim, na dose de 1,0 L ha<sup>-1</sup>.

Para o controle de percevejos e de besouros crisomélídeos (vaquinha) foram feitas quatro aplicações de inseticidas Acefato (1,0 g ha<sup>-1</sup>) e o controle de lagartas da soja foi realizado com duas aplicações de Lufenurom (150 mL ha<sup>-1</sup>). O controle de fungos causadores da ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) e oídio (*Erysiphe diffusa*) foi realizado com quatro aplicações do fungicida Tryfloxystrobin (400 mL ha<sup>-1</sup>).

Todas as aplicações realizadas no experimento ocorreram por meio de aplicador costal manual com volume de calda de 20L.

Os dados pluviométricos e de temperatura da região para o período de cultivo do experimento estão dispostos na FIGURA 2. A fim de complementar a necessidade hídrica da cultura, foram realizadas irrigações por aspersão durante o período de uma hora com volume de 35 mm, duas vezes por semana.

FIGURA 2. Temperatura média e precipitação em Uberlândia – MG entre os meses fevereiro/2018 a maio/2018



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA – UFU.

As plantas foram avaliadas uma a uma para os seguintes caracteres:

1. Número de Dias para o Florescimento (NDF): compreendeu o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que a planta se encontrava com pelo menos uma flor aberta na haste principal (R1);
2. Número de Dias para a Maturidade (NDM): compreendeu o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que a planta se encontrava com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo (R8);
3. Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida com o auxílio de uma régua em centímetros na haste principal da superfície do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);
4. Número de Nós no Florescimento (NNF): Número de nós na haste principal no florescimento (R1);
5. Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida com o auxílio de uma régua em centímetros na haste principal da superfície do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);

6. Altura da Inserção da primeira Vagem (IPV): altura medida com o auxílio de uma régua em centímetros da superfície do solo até o nó em que ocorreu a inserção da primeira vagem na haste principal;
7. Número de Nós Totais (NNT): número de nós totais na haste principal na maturidade (R8);
8. Número de Vagens Totais (NVT): contagem do número de vagens totais, na planta, posterior à colheita;
9. Número de Sementes por Vagens (NSV): contagem do número de vagens com uma, duas, três ou quatro sementes e posterior cálculo da média do número de sementes por vagem;
10. Produção de grãos (PG): após a colheita as plantas foram trilhadas e beneficiadas manualmente, e seus grãos tiveram sua massa determinada em balança analítica, com quatro casas decimais;

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016). Os dados fenotípicos dos genitores e das gerações F2 foram utilizados para cada uma das populações para estimar os parâmetros, cujas equações estão apresentadas a seguir (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

#### **Variância Ambiental:**

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

Em que:

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

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

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

#### **Variância Fenotípica em F2:**

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

Em que:

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

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

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

**Variância genotípica em F2:**

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

Em que:

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

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

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

**Herdabilidade no sentido amplo:**

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G(F2)}^2}{\hat{\sigma}_{F(F2)}^2} \times 100$$

Em que:

$h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo;

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

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

**Número de genes envolvidos na determinação do caractere:**

$$n = \frac{R^2(1 \pm 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_{G(F2)}^2}$$

Em que:

n: número de genes;

R: amplitude entre as médias dos genitores;

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

### **Predição de ganhos por seleção:**

$$\Delta G = DS h^2 ,$$

$$DS = \overline{X_s} - \overline{X_o} \text{ e}$$

$$\Delta G\% = \frac{\Delta G}{\overline{X_o}} \times 100$$

Em que:

$\Delta G$ : ganho de seleção;

$h^2$ : herdabilidade;

DS: diferencial de seleção;

$\overline{X_s}$ : média dos selecionados;

$\overline{X_o}$ : média da população F2.

O ganho de seleção foi estimado a partir da seleção de 20% dos indivíduos superiores para cada caráter e considerando o sentido da seleção inferior para os valores de NDM e NDF e superior para os demais caracteres avaliados.

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As inferências em torno do potencial genético das populações podem ser feitas com base nas estimativas dos parâmetros média e variância. Os valores estimados para os caracteres avaliados das duas populações estão dispostos na TABELA 2.

TABELA 2. Médias e estimativas de variância fenotípica para 12 caracteres, nas gerações P1, P2 e F2, de duas populações de soja, FP-A: Emgopa-316 x UFUS 6901; e FP-B: Emgopa-316 x UFUS 7415

População A										
Gerações	NDF		NDM		APF		NNF		APM	
	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$
P1	31,87	4,52	86,84	5,2	26,10	8,96	9,32	1,03	42,87	33,78
P2	32,23	1,42	88,23	3,15	38,57	27,15	11,23	3,49	59,07	39,24
F2	32,58	1,87	84,28	9,62	33,30	43,98	9,22	2,63	48,99	77,58
Gerações	IPV		NNT		NTV		NSV		PG	
	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$
P1	6,97	7,63	15,52	4,72	50,65	351,30	1,78	0,02	10,85	23,91
P2	8,2	4,72	18,6	3,70	100,33	963,40	2,29	0,03	24,16	68,70
F2	8,87	7,99	15,96	6,49	61,96	977,39	2,01	0,48	13,50	54,80
População B										
Gerações	NDF		NDM		APF		NNF		APM	
	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$
P1	31,87	4,52	86,84	5,21	26,10	8,96	9,32	1,03	42,87	33,78
P2	32,63	0,72	84,03	1,27	39,17	21,39	9,33	2,02	44,9	15,95
F2	32,07	13,86	83,67	19,82	37,23	58,18	10,26	3,94	53,85	176,20
Gerações	IPV		NNT		NTV		NSV		PG	
	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$	$\bar{X}$	$\sigma_F^2$
P1	6,97	7,63	15,52	4,72	50,65	351,30	1,78	0,02	10,85	23,91
P2	6,33	10,09	12,2	0,92	78,7	363,94	2,02	0,22	24,67	30,37
F2	8,39	11,66	15,64	9,72	87,86	1542,73	2,10	0,46	22,14	107,07

P1: Emgopa-316; P2 (Pop. FP-A): UFUS 6901; P2 (Pop. FP-B): UFUS 7415; F2: primeira geração de autofecundação a partir dos cruzamentos;  $\bar{X}$ : média;  $\sigma_F^2$ : variância fenotípica; NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura de plantas no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; APM: altura de plantas na maturidade (cm); IPV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNT: número de nós totais; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos (g planta<sup>-1</sup>); Fonte: Autora.

O sucesso na seleção e estimativas de parâmetros genéticos, em gerações iniciais, está relacionado à utilização de genitores contrastantes para os caracteres de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Observando as médias de P1 e P2 (TABELA 2)

verificou-se a maior diferença entre os genitores da população FP-A para os caracteres APF, NNF, APM, NNT, NTV e PG e em FP-B para os caracteres APF, NNT, NTV e PG.

Atualmente existe uma tendência de mercado para cultivares precoces, pois reflete em menos tempo de exposição das plantas a doenças, além de permitir ao produtor a realização de segunda safra. Os caracteres relacionados a ciclo, NDF e NDM, são importantes por auxiliar na seleção de genótipos mais precoces, constatou-se que todas as cultivares avaliadas nesse trabalho apresentaram ciclos inferiores a 100 dias (TABELA 2), evidenciando o potencial de seleção para precocidade. Observou-se médias de ciclo para a geração F2 intermediárias entre os dois genitores, 38,57 dias de NDF e 84,28 dias para NDM na população FP-A; e na população FP-B observou-se 32,07 dias até o florescimento e 83,67 dias para a maturidade (TABELA 2).

A cultivar Emgopa-316, apresentou ciclo inferior ao indicado pelas informações relatadas pela Embrapa. Esse resultado pode ser justificado pela época de semeadura tardia do experimento, em que há ocorrência de dias mais curtos, inferior ao fotoperíodo crítico para a cultura. Mattos (2017) observou um ciclo de 139,20 dias com semeadura em agosto. Mendes *et al.* (2008) e Diniz *et al.* (2014) ao realizarem semeadura na época indicada observaram ciclo de 116 e 112 dias, respectivamente.

Assim como observado para ciclo o caráter altura de plantas pode ter sido influenciado pela época de semeadura. Constatou-se que as médias de APM para as gerações parentais e F2 nas duas populações oscilou entre 42,87 e 59,07 cm para as cultivares Emgopa-316 e UFUS 6901 respectivamente (TABELA 2).

Rodrigues *et al.* (2018), em um estudo sobre o desempenho de plantas de soja, em duas épocas de semeadura, constataram que as plantas apresentaram aproximadamente 8% a mais em sua altura final quando cultivadas na segunda época, após o estabelecimento das chuvas, em relação à primeira época em que houve a ocorrência de veranico.

A cultivar Emgopa-316 apresentou a menor média de alturas: 26,10 cm no florescimento e 42,87 cm na maturidade. A cultivar UFUS 6901 apresentou APF de 38,57 cm e APM de 59,07 cm, elevando a média dos indivíduos F2, em relação à Emgopa-316. Na população FP-A houve um incremento para 33,30 e 48,99 cm de APF e APM, respectivamente. O mesmo ocorreu na população FP-B, em que, UFUS 7415 superou a Emgopa-316, alcançando 39,17 cm em APF e 44,9 cm em APM. Isso impulsionou a média da população segregante, 37,23 e 53,85 cm para os caracteres APF e APM, respectivamente (TABELA 2). Assunção-Filho (2016) ao avaliarem gerações de parentais



e F2, provenientes de cruzamentos dialélicos, também observaram que a média de altura de plantas na geração F2 eram intermediárias em relação as de seus genitores.

A altura de inserção da primeira vagem é importante para a possibilidade de colheitas mecanizadas, sem que haja perdas ocasionadas pela altura da barra de corte das colhedoras, considera-se que uma planta de soja deva ter sua primeira vagem inserida a pelo menos 10 cm do solo (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Em ambas as populações, a inserção da primeira vagem foi inferior ao ideal, um reflexo das plantas mais baixas, contudo, foi observado, que esse caráter apresentou média superior nas gerações F2, em relação aos dois genitores, nas duas populações de estudo. Na população FP-A a média de inserção da primeira vagem foi de 6,97 cm para Emgopa-316, 8,20 cm para UFUS 6901 e 8,87 cm para F2. Na população FP-B foi notada uma superioridade ainda maior da F2 com valores médios de 8,39 cm, enquanto seus parentais apresentaram 6,97 cm para Emgopa-316, 6,33 cm para UFUS 7415 (TABELA 2). Segundo Kang *et al.* (2017) existe uma correlação positiva, de alta magnitude e significativa entre a altura de plantas e a altura de inserção da primeira vagem. Tal fato explica o observado neste estudo, plantas que se apresentaram mais baixas coincidiram com valores de IPV inferiores ao limite estabelecido na literatura.

A avaliação do número de nós é importante para o melhoramento de soja, por se tratar de caráter em que predominam a ocorrência de correlações positivas com a produção de grãos (NOGUEIRA *et al.*, 2012). Ao analisar o número de nós no florescimento, constatou-se um comportamento distinto entre as duas populações. Considerando a população FP-A, verificou-se que a média da geração F2 foi menor do que a de seus genitores. Por outro lado, em FP-B, durante a floração ocorreu um aumento do número médio de nós na geração F2 comparada aos parentais (TABELA 2).

Considerando o número de nós totais na maturidade a geração F2 da população FP-A, aproximou-se em média do parental com menor NNT, por sua vez, a população FP-B manteve o padrão apresentado no florescimento, superando os dois genitores (TABELA 2).

A produção de grãos é o principal objetivo dos programas de melhoramento. Os genótipos superiores devem apresentar características agronômicas desejáveis aliadas a uma alta produtividade por planta. Alguns caracteres analisados têm suma importância no resultado final da produtividade e por isso conhecer seus padrões de herança genética favorecem estratégias de seleção. Entre esses caracteres destaca-se o número total de vagens (NTV) e o número de sementes por vagem (NSV).

Segundo Sedyama; Silva; Borém (2015) uma planta de soja tem entre 30 e 80 vagens, que podem conter de um a cinco grãos. A cultivar UFUS 6901 apresentou a maior média de vagens totais por planta, 100,33 vagens. Por outro lado, a cultivar Emgopa-316 obteve o menor valor, em média 50,65 vagens, e os indivíduos F2 provenientes do cruzamento entre essas cultivares apresentaram um valor intermediário de 61,96 vagens totais. Na segunda população, tendo a cultivar UFUS 7415, com 78,70 vagens em média, os genótipos da geração F2 superaram ambos os parentais, alcançando a média de 87,86 vagens (TABELA 2).

Os valores de NVT dessa pesquisa superam o observado por Vianna (2013), que estudando uma população F4 de cruzamentos de soja com parentais contrastantes para a resistência a ferrugem, encontrou em média 45 vagens por planta nos genótipos avaliados. Por outro lado, Bizari *et al.* (2017) avaliaram seis linhagens F5 provenientes de cruzamentos biparentais e observaram em seus genótipos, em média, a produção de 95,7 vagens por planta.

Avaliando a população FP-A a cultivar Emgopa-316 apresentou o menor NSV, com 1,78 sementes por vagem, enquanto UFUS 6901 resultou em 2,29 sementes, a geração segregante dessa população manteve um valor intermediário com 2,01 sementes por vagem em média, resultados superiores foram observados em FP-B, onde a média de 2,10 sementes apresentadas na geração F2 superou ambos genitores, que tiveram 1,78 e 2,02 sementes por vagem (TABELA 2).

A produção de grãos refletiu os resultados obtidos para NVT e NSV, com isso, a cultivar Emgopa-316 (10,85 g) foi a mais baixa entre os genitores avaliados, por outro lado, UFUS 6901 (24,16 g) e UFUS 7415 (24,67 g) apresentaram resultados similares. Ao observar o comportamento das gerações F2, constatou-se que na população FP-A a média de produção foi intermediária em relação aos genitores, mais próxima do menos produtivo, com 13,50 g. Já na população FP-B a média de produção assemelhou-se a cultivar mais produtiva, atingindo 22,14 g por planta (TABELA 2).

Conhecer o controle genético de um caráter e os parâmetros genéticos a ele associados é fundamental ao processo de melhoramento genético de uma espécie, garantindo informações úteis para desenvolver estratégias de seleção (TEIXEIRA *et al.*, 2017). As estimativas de componentes de variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes envolvidos para cada caráter avaliado estão apresentados na TABELA 3.

TABELA 3. Estimativas dos componentes de médias e variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes, para 12 caracteres de interesse agrônômicos em populações segregantes de soja

População FP-A										
Parâmetros	Caracteres									
	NDF	NDM	APF	NNF	APM	IPV	NNT	NTV	NSV	PG
$\hat{\sigma}_G^2$	5,82	5,44	25,92	0,36	41,07	1,82	2,28	320,04	0,02	8,49
$\hat{\sigma}_F^2$	8,79	9,62	43,98	2,23	77,58	7,99	6,49	977,39	0,05	46,31
$\hat{\sigma}_E^2$	2,97	4,18	18,05	2,26	36,51	6,17	4,21	657,35	0,02	54,79
$h_a^2$ (%)	66,20	56,55	58,95	13,88	52,94	22,72	35,12	32,74	49,04	15,49
Nº Genes	13,42	9,19	6,25	34,30	7,61	15,49	19,79	20,30	8,19	35,41
População FP-B										
Parâmetros	Caracteres									
	NDF	NDM	APF	NNF	APM	IPV	NNT	NTV	NSV	PG
$\hat{\sigma}_G^2$	11,24	16,57	43,01	2,41	151,33	2,80	6,89	1185,10	0,02	79,93
$\hat{\sigma}_F^2$	13,86	19,82	58,18	3,94	176,20	11,66	9,72	1542,73	0,05	107,07
$\hat{\sigma}_E^2$	2,62	3,24	15,17	1,52	24,87	8,86	2,82	357,62	0,02	27,14
$h_a^2$ (%)	81,10	83,64	73,92	61,30	85,89	23,99	70,93	76,82	53,50	74,65
Nº Genes	5,88	3,99	3,98	5,18	2,97	17,88	3,07	5,11	10,78	5,59

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura de plantas no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; APM: altura de plantas na maturidade; IPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos.  $\hat{\sigma}_G^2$ : variância genética;  $\hat{\sigma}_F^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_E^2$ : variância ambiental; Nº genes: número de genes. Fonte: Autora.

Segundo Baldissera *et al.* (2014) as estimativas de componentes de média e variância para caracteres quantitativos geram informações acerca da estrutura genética de uma população segregante, facilitando a predição de sucesso na seleção de genótipos superiores nas fases de avanço de gerações, dentre esses componentes destaca-se as variâncias fenotípicas, genéticas e ambientais.

A variância fenotípica, no presente trabalho, oscilou em ambas populações, contudo a maior e menor variabilidade foi observada para os mesmos caracteres. Na população FP-A a variância fenotípica ficou entre 0,05 e 977,39, para os caracteres NSV e NTV, respectivamente. Enquanto a variância genética teve uma variação de 0,02 a 320,04 para os mesmos caracteres. Avaliando a população FP-B a variância fenotípica oscilou de 0,05 (NSV) a 1542,73 (NTV), enquanto a variância genética esteve entre 0,02 (NSV) e 1185,10 (NTV) (TABELA 3). A existência de variância genética na população indica condições favoráveis à prática do melhoramento e seleção desses indivíduos.

Em programas de melhoramento genético é importante conhecer a natureza da variância, e assim identificar a magnitude dos efeitos genéticos que influenciam o fenótipo, uma vez que, a variância ambiental pode interferir na seleção dos genótipos dificultando o reconhecimento daqueles que possuem constituição genética superior (HAMAWAKI *et al.*, 2012). A análise comparativa entre as duas populações, permitiu inferir que a população FP-B apresentou maior variabilidade genética, excetuando IPV (TABELA 3).

Avaliando a herança do caráter precocidade em populações segregantes de soja, Teixeira *et al.* (2017) determinaram estimativas para os componentes de variância e observaram que o caráter NSV apresentou as menores variâncias fenotípicas (0,03), genotípica (0,00) e ambiental (0,03), assim como no presente trabalho.

Santos *et al.* (2017) estimaram os componentes de variância em gerações F2 e parentais para os caracteres número de dias para a maturidade, altura da planta e de inserção da primeira vagem, número de vagens e produção de grãos. Observaram estimativas de variância genética superiores à variância ambiental para os caracteres avaliados, além disso, as maiores estimativas de variâncias foram encontradas para o caráter NTV concordando com os resultados obtidos nesse estudo.

Dentre os parâmetros genéticos, a herdabilidade é aquele de maior contribuição ao melhoramento genético, visto que é o parâmetro que remete ao grau de associação do valor fenotípico e do valor genotípico (HAMAWAKI *et al.*, 2012). A herdabilidade refere-se à porção da variabilidade fenotípica que tem causas genéticas, e é denominada herdabilidade no sentido amplo, isto é, a razão entre a variância genética e a variância fenotípica; ou herdabilidade no sentido restrito, isto é, a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (HAMAWAKI *et al.*, 2012; BALDISSERA *et al.*, 2014).

A herdabilidade é um parâmetro que depende da população e do ambiente em que foi avaliada, sua estimativa varia de 0 a 100% e é considerada alta quando assume valores acima de 70%. (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). Foram observados altos valores de herdabilidade na população FP-B para os caracteres NDF (81,10%); NDM (83,64%); APF (73,92%); APM (85,89%); NNT (70,93%); NTV (76,82%); PG (74,65%) o que indica a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores em gerações iniciais nessa combinação de parentais. A população FP-A apresentou baixas estimativas de herdabilidade, com valores superiores a 50% apenas para os caracteres NDF, NDM, APF e APM (TABELA 3).

Castro (2008) ao realizar análise de geração em campo, para os caracteres componentes de produção e produção de grãos, estimou 16% de herdabilidade para o caráter produção de grãos, a menor entre os caracteres avaliados, semelhante ao encontrado nesse estudo para a população FP-A.

Costa *et al.* (2008) estimaram a herdabilidade no sentido amplo para o caráter produção de grãos por planta em geração F3 para 6 populações constituídas por genitores diferentes e obtiveram resultados que oscilaram entre 49 e 93% de herdabilidade. Esse trabalho confirma que a herdabilidade é um parâmetro que varia entre populações diferentes para um mesmo caráter e isso pode acontecer em função da divergência genética dos genitores envolvidos.

A estimativa do número de genes que estão envolvidos no controle de um caráter tem importância na identificação do caráter como monogênico, oligogênico ou poligênico, como também permite inferir sobre o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo (BALDISSERA *et al.*, 2014).

Na população FP-A o número de genes oscilou de 6,25 a 35,41 para os caracteres APF e PG, respectivamente e na população FP-B o observado foi de 2,97 (APM) a 17,88 genes (IPV) (TABELA 3). Esses resultados comprovam que os caracteres avaliados apresentam herança quantitativa e são poligênicos.

Genótipos com elevado potencial para os caracteres de interesse e distintos geneticamente podem apresentar alelos distintos controlando um mesmo caráter, assim, expressam elevada capacidade de combinação favorecendo o surgimento de segregantes transgressivos (STRECK *et al.*, 2017).

Segregantes transgressivos são uma fração dos indivíduos da população segregante que excedem os valores fenotípicos dos pais, seja o valor superior ou inferior (REISEMBERG *et al.*, 1999). A comparação entre os valores máximos e mínimos observados em cada geração permitiu inferir sobre a existência de segregantes transgressivos nas populações F2 (TABELA 4).

TABELA 4. Valores máximos e mínimos das gerações parentais e F2, e presença de segregantes transgressivos

População A										
Parâmetros	Caracteres									
	NDF	NDM	APF	NNF	APM	IPV	NNT	NTV	NSV	PG
Máximo nos pais	33,0	93,0	46,0	14,0	69,0	12,0	22,0	162,0	2,5	43,5
Mínimo nos pais	22,0	79,0	20,0	6,0	33,0	2,0	12,0	19,0	1,6	2,1
Máximo na F2	47,0	93,0	50,0	14,0	68,0	16,0	22,0	235,0	2,6	50,0
Mínimo na F2	22,0	73,0	14,0	4,0	18,0	1,0	3,0	7,0	1,4	1,0
Transgressivo	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM
População B										
Parâmetros	Caracteres									
	NDF	NDM	APF	NNF	APM	IPV	NNT	NTV	NSV	PG
Máximo nos pais	33,0	90,0	44,0	11,0	54,0	15,0	20,0	124,0	2,4	32,1
Mínimo nos pais	22,0	79,0	20,0	5,0	33,0	1,0	11,0	19,0	1,6	2,1
Máximo na F2	45,0	96,0	55,0	15,0	85,0	20,0	21,0	229,0	2,7	60,8
Mínimo na F2	22,0	73,0	18,0	5,0	25,0	1,0	8,0	9,0	1,2	1,0
Transgressivo	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM	SIM

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturação; APF: altura de plantas no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; APM: altura de plantas na maturação; IPV: altura de inserção da primeira vagem; NNT: número de nós totais; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos. Fonte: Autora.

Avaliando a população FP-A, os valores máximos na geração F2 superaram o máximo entre os parentais para os caracteres NDF, APF, IPV, NTV, NSV e PG, enquanto na população FP-B, constatou-se que em todos os caracteres avaliados houve pelo menos um genótipo da geração F2 que superou o valor fenotípico máximo encontrado nos pais. Segundo Hamawaki *et al.* (2012) a presença de segregantes transgressivos é um reflexo da escolha de genitores com alto grau de divergência genética.

Mattos (2017) ao avaliar a herança de caracteres em geração F2 de soja, também observou presença de transgressivos no sentido positivo os caracteres NDF, NDM, APM, NNT e PG assim como observado na população FP-B desse estudo.

A partir das estimativas dos parâmetros genéticos em ambas as populações foi constatada a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores na geração F2. Assim, praticou-se a seleção direta, em ambas as populações, e estimou-se o ganho de seleção obtido na população de selecionados. Nas Tabelas 5 a 8 estão expostos os indivíduos selecionados para cada caráter, bem como seus valores fenotípicos e o ganho de seleção.

TABELA 5. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 6901, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados ao ciclo, altura e número de nós no florescimento

Selec.	NDF	Selec.	NDM	Selec.	APF	Selec.	NNF	Selec.	IPV
FP-A_11	32	FP-A_17	82	FP-A_38	40	FP-A_3	11	FP-A_2	14
FP-A_17	31	FP-A_21	83	FP-A_42	40	FP-A_5	11	FP-A_5	12
FP-A_22	31	FP-A_22	82	FP-A_61	42	FP-A_12	11	FP-A_9	11
FP-A_23	31	FP-A_26	83	FP-A_93	41	FP-A_13	11	FP-A_20	12
FP-A_39	31	FP-A_44	83	FP-A_122	41	FP-A_15	11	FP-A_22	11
FP-A_40	31	FP-A_64	80	FP-A_179	40	FP-A_18	11	FP-A_23	13
FP-A_41	29	FP-A_66	83	FP-A_180	45	FP-A_27	11	FP-A_24	12
FP-A_53	31	FP-A_71	80	FP-A_181	42	FP-A_35	12	FP-A_26	14
FP-A_63	31	FP-A_72	82	FP-A_183	42	FP-A_38	12	FP-A_30	11
FP-A_64	29	FP-A_75	83	FP-A_187	40	FP-A_43	11	FP-A_33	11
FP-A_85	29	FP-A_76	82	FP-A_188	41	FP-A_47	11	FP-A_34	11
FP-A_96	27	FP-A_83	83	FP-A_189	44	FP-A_50	12	FP-A_39	13
FP-A_98	31	FP-A_86	83	FP-A_192	45	FP-A_58	11	FP-A_40	13
FP-A_101	29	FP-A_92	83	FP-A_201	44	FP-A_90	12	FP-A_41	11
FP-A_103	31	FP-A_110	78	FP-A_220	40	FP-A_130	11	FP-A_47	12
FP-A_106	31	FP-A_112	83	FP-A_225	42	FP-A_175	12	FP-A_48	12
FP-A_110	27	FP-A_113	83	FP-A_226	42	FP-A_177	11	FP-A_52	13
FP-A_116	31	FP-A_116	82	FP-A_230	40	FP-A_180	11	FP-A_53	13
FP-A_117	31	FP-A_117	82	FP-A_234	40	FP-A_181	11	FP-A_54	14
FP-A_123	29	FP-A_118	83	FP-A_235	44	FP-A_182	14	FP-A_55	12
FP-A_130	29	FP-A_120	83	FP-A_243	40	FP-A_183	13	FP-A_57	13
FP-A_134	29	FP-A_123	80	FP-A_244	42	FP-A_185	12	FP-A_60	12
FP-A_135	27	FP-A_125	83	FP-A_246	41	FP-A_187	11	FP-A_63	13
FP-A_137	31	FP-A_127	83	FP-A_247	40	FP-A_188	14	FP-A_64	11
FP-A_141	33	FP-A_128	83	FP-A_252	40	FP-A_190	11	FP-A_65	12
FP-A_151	32	FP-A_129	83	FP-A_253	41	FP-A_192	11	FP-A_70	13
FP-A_154	38	FP-A_130	80	FP-A_254	40	FP-A_196	11	FP-A_71	15
FP-A_165	33	FP-A_132	83	FP-A_255	40	FP-A_198	11	FP-A_87	13
FP-A_175	33	FP-A_135	78	FP-A_256	45	FP-A_207	11	FP-A_96	13
FP-A_176	33	FP-A_136	83	FP-A_257	43	FP-A_210	11	FP-A_134	12
FP-A_179	32	FP-A_137	82	FP-A_260	43	FP-A_214	11	FP-A_161	12
FP-A_182	33	FP-A_139	83	FP-A_268	40	FP-A_217	11	FP-A_166	16
FP-A_183	33	FP-A_141	82	FP-A_269	40	FP-A_220	11	FP-A_171	14
FP-A_187	32	FP-A_147	83	FP-A_273	40	FP-A_225	11	FP-A_174	12
FP-A_191	33	FP-A_165	82	FP-A_280	41	FP-A_226	12	FP-A_184	13
FP-A_192	32	FP-A_175	73	FP-A_285	40	FP-A_228	11	FP-A_185	12
FP-A_193	29	FP-A_176	80	FP-A_296	43	FP-A_229	11	FP-A_186	15
FP-A_195	31	FP-A_179	82	FP-A_297	40	FP-A_230	11	FP-A_187	14
FP-A_197	27	FP-A_182	78	FP-A_298	44	FP-A_234	11	FP-A_191	12
FP-A_198	32	FP-A_183	73	FP-A_299	45	FP-A_241	11	FP-A_198	12
FP-A_199	31	FP-A_187	83	FP-A_301	40	FP-A_244	11	FP-A_202	12
FP-A_200	29	FP-A_193	82	FP-A_302	44	FP-A_246	11	FP-A_222	12
FP-A_202	31	FP-A_195	78	FP-A_303	46	FP-A_252	11	FP-A_236	15
FP-A_203	40	FP-A_197	78	FP-A_304	48	FP-A_253	11	FP-A_239	12
FP-A_204	31	FP-A_200	82	FP-A_305	45	FP-A_254	11	FP-A_243	12
FP-A_205	29	FP-A_203	80	FP-A_306	45	FP-A_255	11	FP-A_246	13
FP-A_209	41	FP-A_204	73	FP-A_307	41	FP-A_257	13	FP-A_248	12
FP-A_210	32	FP-A_205	82	FP-A_308	43	FP-A_280	13	FP-A_254	12
FP-A_227	32	FP-A_209	80	FP-A_309	46	FP-A_284	11	FP-A_258	13

...continua...

TABELA 5, Cont. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 6901, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados ao ciclo, altura e número de nós no florescimento

Selec.	NDF	Selec.	NDM	Selec.	APF	Selec.	NNF	Selec.	IPV
FP-A_233	33	FP-A_210	82	FP-A_310	41	FP-A_287	11	FP-A_265	16
FP-A_251	32	FP-A_227	82	FP-A_311	50	FP-A_288	11	FP-A_267	12
FP-A_252	32	FP-A_233	82	FP-A_312	46	FP-A_294	11	FP-A_289	12
FP-A_253	22	FP-A_251	79	FP-A_314	40	FP-A_295	12	FP-A_295	14
FP-A_257	33	FP-A_253	73	FP-A_315	41	FP-A_299	11	FP-A_297	13
FP-A_279	32	FP-A_257	80	FP-A_318	41	FP-A_301	11	FP-A_298	12
FP-A_282	32	FP-A_279	80	FP-A_319	41	FP-A_302	11	FP-A_299	14
FP-A_284	31	FP-A_282	82	FP-A_321	42	FP-A_305	11	FP-A_301	13
FP-A_290	33	FP-A_284	82	FP-A_326	42	FP-A_310	11	FP-A_303	12
FP-A_299	32	FP-A_290	82	FP-A_327	44	FP-A_312	12	FP-A_308	12
FP-A_303	33	FP-A_299	82	FP-A_329	43	FP-A_318	11	FP-A_309	12
FP-A_304	32	FP-A_303	82	FP-A_330	41	FP-A_319	12	FP-A_313	13
FP-A_305	31	FP-A_304	82	FP-A_333	44	FP-A_320	11	FP-A_315	13
FP-A_308	32	FP-A_305	82	FP-A_334	45	FP-A_326	13	FP-A_319	13
FP-A_310	31	FP-A_308	82	FP-A_335	43	FP-A_327	12	FP-A_328	13
FP-A_314	33	FP-A_310	82	FP-A_337	42	FP-A_328	11	FP-A_329	16
FP-A_315	33	FP-A_314	80	FP-A_338	44	FP-A_329	12	FP-A_350	13
FP-A_322	32	FP-A_315	80	FP-A_343	42	FP-A_330	12	FP-A_351	12
FP-A_323	32	FP-A_322	80	FP-A_344	50	FP-A_332	12	FP-A_353	12
FP-A_324	29	FP-A_324	79	FP-A_345	45	FP-A_333	11	FP-A_357	14
FP-A_352	33	FP-A_352	82	FP-A_346	43	FP-A_338	12	FP-A_358	13
FP-A_359	33	FP-A_359	82	FP-A_353	43	FP-A_343	11	FP-A_359	12
FP-A_361	31	FP-A_361	82	FP-A_354	46	FP-A_344	12	FP-A_362	14
FP-A_364	33	FP-A_364	80	FP-A_359	42	FP-A_346	13	FP-A_363	16
Média	29,36	Média	80,88	Média	42,49	Média	11,44	Média	12,78
GS %	-6,55	GS %	-2,28	GS %	16,27	GS %	3,32	GS %	10,03

Selec.: Indivíduos selecionados; NDF: número de dias para o florescimento; (dias) NDM: número de dias para a maturação (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento. Fonte: Autora.

A seleção para caracteres relacionados ao ciclo tem como objetivo os genótipos que levam menos tempo em campo para atingir a maturidade. Com isso, foram selecionados os indivíduos com os menores valores de NDF e NDM. Na população FP-A, foram selecionados 73 genótipos com o melhor desempenho, considerando os caracteres NDF e NDM, os genótipos selecionados apresentaram de 27 a 41 dias para florescimento, o que representa 6,55% a menos que os parentais e para NDM apresentaram ganho de seleção de -2,28% com valores oscilando de 73 a 83 dias (TABELA 5).

Teixeira *et al.* (2017) fizeram um estudo de herança para a precocidade de genótipos de soja em população segregante, no município de Uberlândia – MG, com semeadura no mês de fevereiro, e selecionaram plantas com 99 a 102 dias para a maturidade, resultados superiores ao encontrado nesse estudo.



A seleção dos demais caracteres seguiu a ordem de escolha dos maiores valores fenotípicos. Para os caracteres APF, NNF e IPV os indivíduos selecionados apresentaram em média 42,49 cm de altura, 11,44 nós e 12,78 cm de altura da primeira vagem, com ganhos de seleção de 16,27%; 3,32% e 10,03% respectivamente (TABELA 5).

Os caracteres APM e NNT também foram submetidos a seleção, e os resultados encontram-se na TABELA 6. Para esses caracteres, todos os indivíduos selecionados apresentaram valores dentro do estabelecidos como ideais por Sedyama; Silva; Borém (2015) de 60 a 100 cm para soja. A média para altura das plantas selecionadas na maturidade foi de 60,33 cm. A população de selecionados superou ainda os 18 nós totais, considerados ideais para uma planta altamente produtiva, atingindo a média de 18,99 nós. O ganho de seleção foi de 12,23% para APM e 6,44% NNT (TABELA 6).

Constatou-se a possibilidade de selecionar indivíduos com elevado número de vagens totais por planta e com maior número de sementes por vagem. Na população FP-A verificou-se uma média de 107,77 vagens com ganho de seleção de 24,21%. Para o caráter NSV foram selecionados indivíduos com média de 2,31 sementes por vagem, um ganho de seleção 7,17% em relação aos parentais.

A produção de grãos é o principal caráter de interesse para o melhoramento genético. Para o caráter PG obteve-se uma população de selecionados com média de 24,35 g por planta, superando a média da população do parental mais produtivo, gerando um ganho de seleção de 12,46% (TABELA 6).

Costa et al. (2004) avaliaram populações F2, em soja, e compararam os ganhos de seleção obtidos por diferentes métodos e observaram que a seleção direta para o caráter PG apresentou ganho de seleção de 55,11%.

Ao selecionar a proporção de 20% dos indivíduos superiores, na população FP-B, identificaram-se 56 indivíduos, considerando os menores valores para NDF e NDM aos demais caracteres, foram selecionados os maiores valores fenotípicos. Em comparação entre ambas populações, notou-se que a população FP-B apresentou melhores resultados para a seleção, com médias superiores e ganhos de seleção mais expressivos.

TABELA 6. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 6901, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados a altura de plantas, número de nós, vagens e sementes, e produção de grãos

Selec	APM	Selec	NNT	Selec	NTV	Selec	NSV	Selec	PG
FP-A_34	58	FP-A_10	18	FP-A_12	93	FP-A_6	2,38	FP-A_12	23,52
FP-A_37	60	FP-A_12	19	FP-A_34	106	FP-A_11	2,21	FP-A_13	23,52
FP-A_43	60	FP-A_15	18	FP-A_36	98	FP-A_16	2,25	FP-A_34	23,75
FP-A_51	58	FP-A_28	19	FP-A_37	106	FP-A_35	2,31	FP-A_37	20,12
FP-A_55	60	FP-A_34	19	FP-A_42	132	FP-A_37	2,36	FP-A_42	26,28
FP-A_62	67	FP-A_37	18	FP-A_43	127	FP-A_38	2,24	FP-A_43	28,83
FP-A_63	60	FP-A_39	19	FP-A_45	110	FP-A_40	2,39	FP-A_45	21,31
FP-A_119	58	FP-A_43	18	FP-A_46	88	FP-A_44	2,36	FP-A_48	29,31
FP-A_123	60	FP-A_50	18	FP-A_48	110	FP-A_47	2,33	FP-A_49	20,20
FP-A_125	58	FP-A_51	20	FP-A_51	105	FP-A_48	2,27	FP-A_51	24,32
FP-A_126	60	FP-A_52	18	FP-A_54	88	FP-A_49	2,31	FP-A_54	20,21
FP-A_178	57	FP-A_53	18	FP-A_59	97	FP-A_50	2,28	FP-A_59	23,06
FP-A_179	65	FP-A_55	18	FP-A_62	89	FP-A_51	2,24	FP-A_62	23,76
FP-A_180	62	FP-A_59	18	FP-A_63	94	FP-A_58	2,33	FP-A_63	27,68
FP-A_181	60	FP-A_60	18	FP-A_83	89	FP-A_59	2,39	FP-A_79	21,15
FP-A_183	60	FP-A_61	18	FP-A_100	107	FP-A_60	2,39	FP-A_103	20,18
FP-A_184	58	FP-A_62	19	FP-A_103	89	FP-A_61	2,21	FP-A_107	21,08
FP-A_187	65	FP-A_63	19	FP-A_105	92	FP-A_62	2,21	FP-A_108	21,52
FP-A_189	57	FP-A_66	18	FP-A_108	95	FP-A_65	2,32	FP-A_111	23,78
FP-A_192	65	FP-A_79	19	FP-A_113	91	FP-A_67	2,37	FP-A_112	21,08
FP-A_193	58	FP-A_92	18	FP-A_114	101	FP-A_72	2,23	FP-A_113	21,43
FP-A_196	57	FP-A_98	18	FP-A_117	101	FP-A_79	2,24	FP-A_114	23,48
FP-A_198	65	FP-A_104	18	FP-A_119	96	FP-A_85	2,26	FP-A_117	25,97
FP-A_199	62	FP-A_107	20	FP-A_125	100	FP-A_88	2,25	FP-A_119	23,50
FP-A_200	60	FP-A_111	18	FP-A_131	91	FP-A_100	2,38	FP-A_125	26,36
FP-A_201	62	FP-A_112	19	FP-A_176	99	FP-A_106	2,21	FP-A_126	21,60
FP-A_202	59	FP-A_114	18	FP-A_179	135	FP-A_111	2,48	FP-A_131	21,23
FP-A_225	57	FP-A_118	18	FP-A_180	143	FP-A_115	2,23	FP-A_143	26,70
FP-A_243	60	FP-A_125	19	FP-A_181	101	FP-A_132	2,44	FP-A_175	21,60
FP-A_244	57	FP-A_126	19	FP-A_183	98	FP-A_133	2,32	FP-A_179	27,00
FP-A_253	60	FP-A_130	19	FP-A_185	114	FP-A_138	2,29	FP-A_180	32,12
FP-A_256	57	FP-A_131	19	FP-A_186	89	FP-A_166	2,29	FP-A_181	20,85
FP-A_257	60	FP-A_152	18	FP-A_187	147	FP-A_175	2,28	FP-A_182	21,17
FP-A_258	60	FP-A_175	18	FP-A_188	111	FP-A_178	2,30	FP-A_183	23,17
FP-A_260	62	FP-A_176	18	FP-A_193	101	FP-A_182	2,63	FP-A_185	25,19
FP-A_261	59	FP-A_177	18	FP-A_199	103	FP-A_186	2,25	FP-A_187	35,64
FP-A_263	58	FP-A_178	18	FP-A_200	145	FP-A_189	2,24	FP-A_188	27,43
FP-A_264	57	FP-A_180	20	FP-A_202	89	FP-A_190	2,48	FP-A_192	22,81
FP-A_269	61	FP-A_181	18	FP-A_203	94	FP-A_191	2,35	FP-A_193	27,71
FP-A_272	66	FP-A_182	19	FP-A_205	95	FP-A_194	2,28	FP-A_195	20,82
FP-A_273	62	FP-A_183	19	FP-A_212	106	FP-A_197	2,21	FP-A_197	22,74
FP-A_274	63	FP-A_185	18	FP-A_213	92	FP-A_198	2,36	FP-A_198	22,10
FP-A_275	61	FP-A_187	18	FP-A_226	89	FP-A_199	2,31	FP-A_199	24,50
FP-A_281	63	FP-A_188	20	FP-A_252	95	FP-A_207	2,40	FP-A_200	20,48
FP-A_282	60	FP-A_189	18	FP-A_253	113	FP-A_209	2,26	FP-A_202	24,70
FP-A_283	57	FP-A_192	21	FP-A_259	92	FP-A_212	2,36	FP-A_203	22,80
FP-A_285	59	FP-A_193	20	FP-A_260	124	FP-A_222	2,23	FP-A_205	28,26
FP-A_286	59	FP-A_196	18	FP-A_261	90	FP-A_227	2,27	FP-A_212	19,86
FP-A_288	58	FP-A_198	19	FP-A_272	129	FP-A_236	2,33	FP-A_253	23,71

...continua...

TABELA 6, Cont. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 6901, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados a altura de plantas, número de nós, vagens e sementes, e produção de grãos

Selec	APM	Selec	NNT	Selec	NTV	Selec	NSV	Selec	PG
FP-A_309	58	FP-A_199	20	FP-A_273	111	FP-A_241	2,23	FP-A_260	25,07
FP-A_315	57	FP-A_201	18	FP-A_274	88	FP-A_246	2,30	FP-A_261	20,01
FP-A_326	64	FP-A_214	20	FP-A_286	90	FP-A_255	2,45	FP-A_272	21,88
FP-A_327	61	FP-A_217	19	FP-A_315	106	FP-A_256	2,48	FP-A_273	21,82
FP-A_328	57	FP-A_218	19	FP-A_318	94	FP-A_258	2,25	FP-A_310	20,59
FP-A_329	60	FP-A_226	19	FP-A_326	235	FP-A_261	2,31	FP-A_318	19,93
FP-A_332	59	FP-A_234	19	FP-A_327	121	FP-A_263	2,29	FP-A_326	50,04
FP-A_335	64	FP-A_243	19	FP-A_330	137	FP-A_270	2,24	FP-A_327	29,53
FP-A_336	61	FP-A_246	19	FP-A_331	135	FP-A_275	2,41	FP-A_330	23,29
FP-A_339	61	FP-A_251	20	FP-A_333	97	FP-A_276	2,26	FP-A_331	30,26
FP-A_340	62	FP-A_252	21	FP-A_334	105	FP-A_281	2,25	FP-A_333	20,29
FP-A_341	59	FP-A_253	20	FP-A_335	165	FP-A_288	2,27	FP-A_334	20,50
FP-A_342	61	FP-A_273	20	FP-A_336	104	FP-A_289	2,48	FP-A_335	39,37
FP-A_343	68	FP-A_302	19	FP-A_338	98	FP-A_290	2,28	FP-A_336	22,47
FP-A_344	61	FP-A_318	20	FP-A_339	89	FP-A_292	2,25	FP-A_338	23,44
FP-A_346	59	FP-A_326	19	FP-A_340	135	FP-A_293	2,33	FP-A_339	20,30
FP-A_347	62	FP-A_331	22	FP-A_341	11	FP-A_306	2,22	FP-A_340	28,47
FP-A_353	62	FP-A_334	20	FP-A_342	105	FP-A_312	2,24	FP-A_341	24,86
FP-A_354	58	FP-A_336	20	FP-A_343	128	FP-A_324	2,25	FP-A_342	20,82
FP-A_355	60	FP-A_338	20	FP-A_344	111	FP-A_328	2,33	FP-A_343	27,94
FP-A_356	63	FP-A_339	19	FP-A_346	123	FP-A_332	2,30	FP-A_346	29,02
FP-A_357	62	FP-A_340	19	FP-A_348	91	FP-A_339	2,27	FP-A_353	22,86
FP-A_358	60	FP-A_360	19	FP-A_353	108	FP-A_341	2,21	FP-A_355	23,43
FP-A_366	59	FP-A_367	19	FP-A_355	91	FP-A_356	2,29	FP-A_356	21,93
Média	60,33	Média	18,89	Média	107,77	Média	2,31	Média	24,35
GS %	12,23	GS %	6,44	GS %	24,21	GS %	7,17	GS %	12,46

Selec.: Indivíduos selecionados; NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias para a maturação (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento.

Na TABELA 7 estão apresentados os indivíduos selecionados com seus respectivos valores e ganho de seleção para os caracteres NDF, NDM, APF e NNF e IPV. Foi possível selecionar plantas de ciclo mais precoce, as médias dos selecionados para os caracteres NDF e NDM foram de 27,16 e 77,84 dias, respectivamente, com ganhos de seleção de -12,41% e -5,82%. As avaliações realizadas no florescimento permitiram selecionar plantas mais altas e com maior número de nós. Foram obtidos em média 47,55cm para APF e 12,80 nós (TABELA 7).

TABELA 7. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 7415, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados ao ciclo, altura e número de nós no florescimento

Selec	NDF	Selec	NDM	Selec	APF	Selec	NNF	Selec	IPV
FP-B_6	29	FP-B_6	80	FP-B_2	45	FP-B_1	12	FP-B_8	20
FP-B_11	27	FP-B_11	78	FP-B_39	47	FP-B_3	12	FP-B_9	13
FP-B_26	29	FP-B_29	80	FP-B_41	47	FP-B_10	12	FP-B_11	13
FP-B_27	27	FP-B_35	80	FP-B_44	47	FP-B_14	12	FP-B_12	12
FP-B_28	27	FP-B_38	80	FP-B_45	47	FP-B_36	15	FP-B_17	20
FP-B_29	29	FP-B_44	80	FP-B_53	47	FP-B_39	13	FP-B_19	13
FP-B_31	29	FP-B_45	80	FP-B_54	46	FP-B_40	13	FP-B_24	14
FP-B_38	29	FP-B_49	80	FP-B_58	45	FP-B_41	13	FP-B_27	11
FP-B_44	29	FP-B_50	78	FP-B_59	45	FP-B_42	12	FP-B_30	17
FP-B_45	29	FP-B_57	80	FP-B_62	45	FP-B_43	12	FP-B_35	11
FP-B_49	29	FP-B_62	73	FP-B_68	48	FP-B_44	12	FP-B_36	12
FP-B_50	27	FP-B_70	78	FP-B_69	45	FP-B_45	12	FP-B_41	11
FP-B_55	29	FP-B_91	80	FP-B_78	52	FP-B_46	13	FP-B_44	11
FP-B_57	29	FP-B_99	80	FP-B_79	46	FP-B_47	13	FP-B_45	16
FP-B_62	22	FP-B_101	78	FP-B_81	46	FP-B_50	15	FP-B_47	11
FP-B_80	22	FP-B_102	80	FP-B_82	45	FP-B_53	13	FP-B_52	15
FP-B_91	29	FP-B_104	76	FP-B_84	50	FP-B_54	12	FP-B_57	12
FP-B_95	27	FP-B_109	73	FP-B_86	45	FP-B_55	13	FP-B_58	11
FP-B_99	29	FP-B_113	78	FP-B_92	45	FP-B_56	13	FP-B_59	11
FP-B_102	29	FP-B_119	80	FP-B_93	45	FP-B_58	15	FP-B_60	13
FP-B_104	29	FP-B_121	80	FP-B_94	50	FP-B_59	13	FP-B_61	13
FP-B_109	22	FP-B_123	80	FP-B_96	48	FP-B_65	12	FP-B_62	13
FP-B_113	27	FP-B_129	78	FP-B_102	45	FP-B_67	12	FP-B_63	11
FP-B_119	29	FP-B_137	78	FP-B_115	45	FP-B_78	15	FP-B_65	13
FP-B_123	29	FP-B_141	73	FP-B_126	48	FP-B_79	13	FP-B_66	15
FP-B_137	27	FP-B_146	80	FP-B_127	45	FP-B_81	12	FP-B_67	12
FP-B_141	22	FP-B_148	80	FP-B_128	47	FP-B_82	13	FP-B_78	11
FP-B_147	29	FP-B_157	73	FP-B_131	45	FP-B_84	13	FP-B_80	12
FP-B_148	29	FP-B_158	73	FP-B_133	55	FP-B_86	14	FP-B_82	12
FP-B_156	27	FP-B_161	80	FP-B_134	50	FP-B_92	12	FP-B_108	14
FP-B_162	22	FP-B_162	73	FP-B_138	45	FP-B_93	13	FP-B_109	12
FP-B_165	22	FP-B_165	73	FP-B_141	47	FP-B_96	12	FP-B_115	16
FP-B_168	29	FP-B_168	80	FP-B_144	45	FP-B_97	13	FP-B_132	12
FP-B_169	27	FP-B_169	78	FP-B_145	49	FP-B_109	12	FP-B_142	12

...continua...

TABELA 7, Cont. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 7415, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados ao ciclo, altura e número de nós no florescimento

Seleç	NDF	Seleç	NDM	Seleç	APF	Seleç	NNF	Seleç	IPV
FP-B_183	29	FP-B_183	80	FP-B_153	50	FP-B_110	13	FP-B_143	13
FP-B_187	29	FP-B_187	80	FP-B_154	45	FP-B_111	13	FP-B_159	17
FP-B_188	29	FP-B_210	76	FP-B_155	46	FP-B_113	13	FP-B_165	15
FP-B_204	27	FP-B_217	73	FP-B_163	52	FP-B_115	13	FP-B_167	13
FP-B_217	22	FP-B_218	80	FP-B_169	55	FP-B_127	13	FP-B_168	16
FP-B_218	29	FP-B_225	73	FP-B_174	45	FP-B_128	12	FP-B_190	13
FP-B_225	22	FP-B_228	73	FP-B_180	50	FP-B_131	12	FP-B_191	14
FP-B_228	29	FP-B_231	80	FP-B_190	46	FP-B_133	13	FP-B_196	13
FP-B_231	29	FP-B_237	78	FP-B_234	46	FP-B_134	12	FP-B_214	12
FP-B_237	27	FP-B_239	80	FP-B_235	55	FP-B_136	12	FP-B_227	15
FP-B_238	27	FP-B_249	78	FP-B_238	47	FP-B_138	12	FP-B_229	17
FP-B_239	29	FP-B_253	78	FP-B_243	49	FP-B_145	13	FP-B_235	14
FP-B_246	29	FP-B_255	78	FP-B_245	49	FP-B_153	13	FP-B_241	12
FP-B_249	27	FP-B_258	78	FP-B_246	49	FP-B_159	12	FP-B_244	12
FP-B_253	27	FP-B_268	78	FP-B_249	47	FP-B_163	13	FP-B_245	12
FP-B_258	27	FP-B_269	78	FP-B_254	47	FP-B_232	13	FP-B_259	20
FP-B_268	27	FP-B_270	78	FP-B_262	49	FP-B_243	13	FP-B_262	14
FP-B_269	27	FP-B_271	80	FP-B_268	48	FP-B_268	13	FP-B_265	13
FP-B_270	27	FP-B_276	78	FP-B_272	50	FP-B_269	12	FP-B_270	15
FP-B_273	27	FP-B_280	73	FP-B_273	48	FP-B_273	13	FP-B_277	13
FP-B_276	27	FP-B_281	80	FP-B_274	52	FP-B_274	14	FP-B_278	13
FP-B_280	22	FP-B_283	78	FP-B_275	46	FP-B_275	13	FP-B_279	12
Média	27,16	Média	77,84	Média	47,55	Média	12,80	Média	13,45
GS %	-12,41	GS %	-5,82	GS %	20,49	GS %	15,92	GS %	14,47

Seleç.: Indivíduos selecionados; NDF: número de dias para o florescimento (dias); NDM: número de dias para a maturação (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; IPV: altura de inserção da primeira vagem (cm). Fonte: Autora.

Assim como foi observado na população FP-A, os caracteres APM, NNT e NTV nos indivíduos selecionados foram superiores ao considerado ideal na literatura. Para esses caracteres a média da população selecionada foi de 13,45 cm, 70,70 cm, 19,38 nós e 146,15 vagens por planta (TABELA 8).

O caráter NSV é um importante componente de produção e possibilitou a seleção de indivíduos superiores aos genitores, esse caráter assumiu uma média de 2,39 sementes dentre os selecionados, com ganho de seleção de 7,31%.

TABELA 8. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 7415, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados a altura de plantas e primeira vagem, número de nós e de vagens

Selec	APM	Selec	NNT	Selec	NTV	Selec	NSV	Selec	PG
FP-B_2	67	FP-B_1	19	FP-B_14	132	FP-B_2	2,42	FP-B_2	30,95
FP-B_9	67	FP-B_2	18	FP-B_20	136	FP-B_3	2,40	FP-B_14	33,77
FP-B_10	69	FP-B_7	18	FP-B_22	128	FP-B_8	2,32	FP-B_20	35,00
FP-B_30	67	FP-B_9	19	FP-B_30	145	FP-B_10	2,35	FP-B_22	38,80
FP-B_35	65	FP-B_10	18	FP-B_37	173	FP-B_11	2,59	FP-B_26	31,22
FP-B_37	69	FP-B_14	18	FP-B_52	153	FP-B_14	2,30	FP-B_30	36,50
FP-B_41	70	FP-B_20	19	FP-B_54	161	FP-B_15	2,42	FP-B_37	36,50
FP-B_45	67	FP-B_26	19	FP-B_64	132	FP-B_18	2,30	FP-B_52	35,36
FP-B_47	66	FP-B_31	19	FP-B_71	119	FP-B_22	2,35	FP-B_54	36,75
FP-B_52	73	FP-B_37	18	FP-B_79	190	FP-B_29	2,34	FP-B_64	34,87
FP-B_54	72	FP-B_38	19	FP-B_81	135	FP-B_31	2,40	FP-B_79	38,14
FP-B_55	72	FP-B_39	20	FP-B_85	154	FP-B_56	2,29	FP-B_81	33,70
FP-B_59	75	FP-B_41	19	FP-B_102	156	FP-B_60	2,38	FP-B_85	41,59
FP-B_61	71	FP-B_43	18	FP-B_131	153	FP-B_61	2,46	FP-B_102	32,87
FP-B_65	73	FP-B_44	18	FP-B_133	157	FP-B_65	2,33	FP-B_122	30,89
FP-B_66	68	FP-B_52	19	FP-B_135	136	FP-B_66	2,53	FP-B_131	33,28
FP-B_78	71	FP-B_53	19	FP-B_136	229	FP-B_70	2,40	FP-B_133	39,27
FP-B_79	68	FP-B_54	19	FP-B_141	121	FP-B_72	2,32	FP-B_135	36,95
FP-B_80	67	FP-B_55	20	FP-B_142	129	FP-B_87	2,40	FP-B_136	60,78
FP-B_93	66	FP-B_57	20	FP-B_144	125	FP-B_88	2,49	FP-B_138	33,51
FP-B_94	73	FP-B_58	19	FP-B_152	160	FP-B_103	2,41	FP-B_141	30,72
FP-B_96	67	FP-B_67	19	FP-B_158	162	FP-B_108	2,33	FP-B_142	37,26
FP-B_115	69	FP-B_68	20	FP-B_159	162	FP-B_116	2,38	FP-B_143	31,45
FP-B_126	67	FP-B_115	20	FP-B_168	122	FP-B_118	2,38	FP-B_144	31,12
FP-B_128	68	FP-B_126	21	FP-B_174	156	FP-B_119	2,34	FP-B_152	31,28
FP-B_133	75	FP-B_128	20	FP-B_179	133	FP-B_123	2,37	FP-B_158	45,26
FP-B_134	69	FP-B_131	19	FP-B_180	127	FP-B_124	2,44	FP-B_159	50,00
FP-B_136	71	FP-B_133	20	FP-B_182	127	FP-B_130	2,50	FP-B_173	30,83
FP-B_138	70	FP-B_136	20	FP-B_184	217	FP-B_135	2,29	FP-B_174	42,29
FP-B_142	68	FP-B_141	20	FP-B_192	156	FP-B_136	2,43	FP-B_179	32,35
FP-B_144	67	FP-B_145	21	FP-B_193	154	FP-B_137	2,38	FP-B_180	35,86
FP-B_145	72	FP-B_152	20	FP-B_194	140	FP-B_139	2,31	FP-B_182	30,55
FP-B_152	72	FP-B_158	20	FP-B_198	121	FP-B_143	2,43	FP-B_183	30,94
FP-B_158	70	FP-B_163	21	FP-B_199	150	FP-B_147	2,34	FP-B_184	59,68
FP-B_159	71	FP-B_164	20	FP-B_201	172	FP-B_149	2,35	FP-B_186	31,38
FP-B_163	85	FP-B_168	21	FP-B_207	136	FP-B_155	2,37	FP-B_192	42,69
FP-B_164	75	FP-B_180	21	FP-B_210	171	FP-B_156	2,31	FP-B_193	38,86
FP-B_168	83	FP-B_181	21	FP-B_212	124	FP-B_157	2,56	FP-B_194	38,52
FP-B_173	66	FP-B_184	20	FP-B_215	126	FP-B_158	2,33	FP-B_201	51,93
FP-B_174	75	FP-B_190	20	FP-B_217	122	FP-B_162	2,48	FP-B_207	36,05
FP-B_180	68	FP-B_192	19	FP-B_219	173	FP-B_169	2,41	FP-B_210	40,03
FP-B_181	83	FP-B_193	19	FP-B_222	123	FP-B_176	2,34	FP-B_217	31,06
FP-B_190	80	FP-B_194	19	FP-B_232	134	FP-B_180	2,39	FP-B_219	40,62

...continua...

TABELA 8, Cont. Indivíduos selecionados na população F2 de soja, proveniente do cruzamento Emgopa-316 x UFUS 7415, média dos selecionados e ganho de seleção (GS%), para caracteres relacionados a altura de plantas e primeira vagem, número de nós e de vagens

Selec	APM	Selec	NNT	Selec	NTV	Selec	NSV	Selec	PG
FP-B_191	75	FP-B_197	19	FP-B_235	120	FP-B_	2,37	FP-B_222	36,56
FP-B_192	68	FP-B_200	19	FP-B_236	138	FP-B_186	2,31	FP-B_230	30,75
FP-B_193	66	FP-B_201	19	FP-B_237	130	FP-B_189	2,38	FP-B_235	37,73
FP-B_194	68	FP-B_203	21	FP-B_243	181	FP-B_190	2,67	FP-B_243	52,27
FP-B_201	67	FP-B_204	19	FP-B_244	119	FP-B_193	2,32	FP-B_244	31,33
FP-B_219	67	FP-B_210	19	FP-B_249	134	FP-B_195	2,39	FP-B_245	35,10
FP-B_235	75	FP-B_231	19	FP-B_250	121	FP-B_196	2,34	FP-B_249	38,70
FP-B_242	68	FP-B_246	19	FP-B_254	179	FP-B_199	2,50	FP-B_250	31,55
FP-B_246	75	FP-B_249	19	FP-B_260	131	FP-B_203	2,38	FP-B_251	31,34
FP-B_249	75	FP-B_250	19	FP-B_262	123	FP-B_204	2,43	FP-B_254	42,73
FP-B_262	68	FP-B_254	19	FP-B_265	125	FP-B_230	2,31	FP-B_260	32,69
FP-B_268	70	FP-B_260	19	FP-B_272	123	FP-B_259	2,32	FP-B_272	36,34
FP-B_272	70	FP-B_262	19	FP-B_274	228	FP-B_260	2,30	FP-B_274	48,98
Média	70,70	Média	19,38	Média	146,15	Média	2,39	Média	37,28
GS %	26,86	GS %	16,95	GS %	50,95	GS %	7,31	GS %	51,06

Selec.: Indivíduos selecionados; APM: altura de plantas na maturação (cm); NNT: número de nós totais; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos (g). Fonte: Autora.

A produção de grãos na população FP-B foi o caráter com segundo maior ganho de seleção dentre os caracteres avaliados. Todos os indivíduos selecionados para PG foram mais produtivos do que a média do melhor genitor, cujos valores fenotípicos oscilaram entre 30,55 e 60,78 g TABELA 8, explicitando o sucesso de seleção na população segregante.

Os ganhos de seleção da população FP-B oscilaram entre -5,82% e 51,06% para os caracteres NDM e PG, respectivamente, com destaque para o caráter NTV com ganho de seleção de 50,95% (TABELA 8). Esses resultados corroboram com Teixeira *et al.* (2017) que encontraram os maiores ganhos de seleção os mesmos caracteres.

Comparando as informações de parâmetros genéticos e da seleção entre as duas populações em estudo, verificou-se a superioridade da população FP-B para os parâmetros variância genotípica e herdabilidade refletindo, consequentemente, em ganhos de seleção superiores.

Pela análise das TABELAS 5 a 8 constatou-se a seleção de indivíduos superiores para a produção de grãos e também de menores ciclos. Na população FP-A dos 73 indivíduos selecionados, 18 foram coincidentes na seleção para PG e NDM, ao passo que

na população FP-B, dos 56 indivíduos selecionados, 7 foram encontrados entre os melhores para PG e NDM.



#### 4 CONCLUSÕES

O cruzamento entre Emgopa-316 e UFUS 7415 apresentou parâmetros genéticos superiores na população segregante para os caracteres de interesse agrônomo relacionados a ciclo, altura de plantas, número de nós e de vagens por planta e produção de grãos.

A análise dos caracteres agronômicos permitiu estimar herdabilidade oscilando entre 13,88 e 66,20% para a população do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 6901 e entre 23,99 e 85,89% na população do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 7415. Os ganhos de seleção para esses caracteres foram de -6,55% a 24,21% na população do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 6901 e -12,41% a 50,95% na população do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 7415.

As estimativas de herdabilidade para produção de grãos foram de 15,49% na população FP-A e 74,65% na população do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 7415 com ganhos de seleção de 12,46% e 51,06% para as populações do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 6901 e do cruzamento Emgopa-316 com UFUS 7415 respectivamente.

Os cruzamentos entre Emgopa-316 e UFUS 6901 ou UFUS 7415 possibilitaram a seleção de genótipos com menor ciclo e maior produção de grãos concomitante.

## REFERÊNCIAS

ASSUNÇÃO FILHO, José Ribamar, **Potencial de cruzamentos dialélicos de soja para a precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem**. Tese (Doutorado em Ciências), Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2016.

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, [s.l.], v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

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

CASTRO, Larissa Pereira de. **Herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja**. Tese (Doutorado), Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

CATELLI, Lizandra Lucy **Resistência da soja à ferrugem asiática e ao oídio: herança de caracteres quali-quantitativos e mapeamento genético**. Tese (Doutorado) Faculdade de ciências agrárias - UNESP, Jaboticabal, 2009.

CATTELAN, A. J.; DALL’AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, [s.l.], v. 5, n. 1, D102, 2018. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017058>

CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 87-97, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.02.0158>

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19 Segundo levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 6, n. 2, p. 1-134 2018, ISSN: 2318-6852. 2018b.

CONAB. Análise mensal – Soja Maio 2018. **Companhia Nacional de Abastecimento**. 3p. 2018a.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, [s.l.], v. 67, n. 1, p. 101-108, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100012>

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], 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**, [s.l.], v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

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

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

GARCIA, R. Á.; MEYER, M. C.; ÁVILA, K. A. G. B.; DA CUNHA, M. G. Métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 50, n. 8, p. 726-729, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000800011>

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

HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAKI, R. L.; NOGUEIRA, A. P. O.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; JULIATTI, F. C.; DE SOUSA, L. B.; SHIGIHARA, D. Development of Brazilian Soybean Cultivars Well Adapted to Cerrado and Rust-Tolerant. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science**, [s.l.], v. 5, n. 7, 2018. <https://doi.org/10.22161/ijaers.5.7.19>

JULIATTI, F. C.; FIGUEIRÓ, A. A.; GARCIA, R. Á.; SANTOS, J. B. *Sclerotinia sclerotiorum* e Mofo branco: Estudos básicos e aplicados. **Ver. Anual de Patol. Plantas**, [s.l.], v. 23, p. 159-194, 2015.

JULIATTI, F. C.; SAGATA, E.; JULIATTI, B. C. M. Ranqueamento de genótipos de soja com resistência parcial por diferentes métodos de inoculação de *Sclerotinia Sclerotiorum* submetidos à análise de correlação. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 3, 2013.

KANG, B. K.; KIM, H. T.; CHOI, M. S.; KOO, S. C.; SEO, J. H.; KIM, H. S.; SHIN, S.; YUN, H.; OH, I.; KULKARNI, K. P.; LEE, J. D. Genetic and environmental variation of first pod height in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.]. **Plant Breeding and Biotechnology**, [s.l.], v. 5, n. 1, p. 36-44, 2017. <https://doi.org/10.9787/PBB.2017.5.1.36>

MATTOS, Thúlio Pereira **Herança de caracteres agrônômicos e efeito da época de semeadura sobre desempenho da soja**. Dissertação (Mestrado em agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MENDES, I. C.; DOS REIS JUNIOR, F. B.; HUNGRIA, M.; DE SOUSA, D. M. G.; CAMPOS, R. J. Adubação nitrogenada suplementar tardia em soja cultivada em latossolos do Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, [s.l.], v. 43, n. 8, p. 1053-1060, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000800015>

MORCELI JUNIOR, A. A.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto. **Ceres**, Viçosa, v. 55, n. 3, 2015.

MOREIRA, G. R.; DA SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S.; PICANÇO, M. C.; VASCONCELOS, A. A.; PINTO, C. M. F. Herança de caracteres de resistência por antixenose de *Solanum pennellii* (LA 716) à traça-do-tomateiro em cruzamento com ‘Santa Clara’. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 31, n. 4, p. 574-581, 2018.  
<https://doi.org/10.1590/S0102-05362013000400011>

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

PEREIRA, G.; NASCIMENTO, N. Cenário das Exportações Brasileiras de Soja: uma análise do mercado chinês. **Caderno Científico Ceciesa-Gestão**, [s.l.], v. 3, n. 1, 2017.

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>

RODRIGUES, D. S.; SCHUCH, L. O. B.; MENEGHELLO, G. E.; PESKE, S. T. Desempenho de plantas de soja em função do vigor das sementes e do estresse hídrico. **Revista Científica Rural**, [s.l.], v. 20, n. 2, p. 144-158, 2018.  
<https://doi.org/10.30945/rcr-v20i2.260>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênie f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018.  
<https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

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

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in response to sowing date in the lower latitude Brazilian Savannah Highlands. **The Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 153, n. 6, p. 1059-1068, 2014.  
<https://doi.org/10.1017/S0021859614000781>

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FACCHINELLO, P. H. K.; DE OLIVEIRA, A. C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170011>

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, n. 4, p. 1-16, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

TODESCHINI, Matheus Henrique. **Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agronômicos**. Dissertação (Mestrado) Universidade Tecnológica Federal do Paraná. 2018.

VASCONCELOS, E. S.; SILVA REIS, M.; SEDIYAMA, T.; DAMIÃO CRUZ, C. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. **Semina: Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 36, n. 3, 2015.  
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3p1203>

VIANNA, Viviane Formice, **Estudo genético e influência de caracteres na seleção de genótipos superiores de soja**. Tese (Doutorado) Faculdade de ciências agrarias e veterinárias – UNESP. Jaboticabal, 2013.

VISSCHER, P. M.; HILL, W. G.; WRAY, N., R. Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. **Nature reviews genetics**, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 255, 2008.  
<https://doi.org/10.1038/nrg2322>

WESTPHAL, A.; ABNEY, T. S.; SHANER, G. Diseases of Soybean: White Mold, **Historical Documents of the Purdue Cooperative Extension Service**. [s.l.], Paper 1092. 2015.

WILLBUR, J.; BLOOMINGDALE, C.; CHAPMAN, S.; KABBAGE, M.; SMITH, D. L. Integrated management of white mold in soybean. **Wisconsin Agri-Business Association Distinguished Service Awards**, v. 55, 2016.