



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS
SEGREGANTES DE SOJA**

Aluno (a): Paula Guimarães Rabelo

Orientador (a): Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

**UBERLÂNDIA - MG
2019**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA**

Aluno (a): Paula Guimarães Rabelo

Orientador (a): Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Uberlândia
como parte dos requisitos para
obtenção do Título de Mestre em
Genética e Bioquímica**

**UBERLÂNDIA - MG
2019**

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU com dados informados pelo (a) próprio (a) autor(a).

R114 2019	Rabelo, Paula Guimarães, 1993- ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA [recurso eletrônico] / Paula Guimarães Rabelo. - 2019. Orientador: Ana Paula Oliveira Nogueira. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Genética e Bioquímica. Modo de acesso: Internet. Disponível em: http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.2169 Inclui bibliografia. 1. Genética. I. Oliveira Nogueira, Ana Paula, 1981-, (Orient.). II. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Genética e Bioquímica. III. Título. CDU: 575
--------------	---

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2: Gizele
Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091
Nelson Marcos Ferreira - CRB6/3074

Palavras chave: *Glycine max*. Herdabilidade. Ganho de seleção.



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

ATA DE DEFESA

Programa de Pós-Graduação ou Curso de Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Dissertação Mestrado Acadêmico - PPGGB				
Data:	Vinte e cinco de julho de 2019	Hora de início:	08:00h	Hora de encerramento:	08:40h
Matrícula do Discente:	11722GBI006				
Nome do Discente:	Paula Guimarães Rabelo				
Título do Trabalho:	Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos segregantes de soja.				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Programa de melhoramento de soja.				

Reuniu-se no Auditório 4K , Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica. Assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientadora), Flávia Aparecida Amorim e Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. A participação dos dois últimos se deu por epístola.

Iniciando os trabalhos o (a) presidente da mesa Dr (a). Ana Paula Oliveira Nogueira apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente procedeu a leitura das epístolas enviadas pelos membros da banca. Em seguida os membros presentes, passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada leitura das epístolas e a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

(A) PROVADO.

Esta defesa de Dissertação de Mestrado é parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre. O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU. Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 12/08/2019, às 12:08, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **1453497** e o código CRC **A46B1BC1**.

Referência: Processo nº 23117.070245/2019-19

SEI nº 1453497



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIA DE SELEÇÃO DE
GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA**

ALUNO: Paula Guimarães Rabelo

COMISSÃO EXAMINADORA

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

Examinadores:

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Dr^a. Flávia Aparecida Amorim Barbieri

Data da Defesa: 24/06/2019.

As sugestões da Comissão Examinadora e as Normas PGGB para o formato da Dissertação/Tese foram contempladas

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

Dedicatória

Àqueles que sempre estiveram presentes durante este período, dando-me forças e incentivo, especialmente aos meus queridos pais, Flávio e Simone, meus irmãos, Matheus e Flávio e o meu namorado, Luiz Guilherme.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Após esses dois anos de dedicação, esforços e sacrifícios, agradeço a Deus e à Nossa Senhora por permitirem que tudo isso fosse possível, todos os aprendizados, conhecimentos, amadurecimento e também por cada uma das pessoas que entrou na minha vida. Mergulhar nesse mundo foi algo totalmente diferente de tudo que já experimentei e que não me arrependerei jamais, pois trouxe-me experiências magníficas e uma sabedoria adquirida imensurável.

À toda minha família, em especial meus pais, Flávio e Simone e minha vó Teresa, deixo o meu muito obrigada, obrigada por estarem ao meu lado me apoiando em tudo, por cada oração feita em minha intenção, por todos os momentos difíceis que tiveram que passar para que fosse possível me manter estudando, obrigada pelo amor incondicional passado para que eu seguisse nesse caminho de desafios e sonhos, por tudo que vocês sempre foram para mim, por toda compreensão e pelo exemplo que vou seguir por toda minha vida, obrigada.

Agradeço de todo coração ao meu sempre companheiro, amigo e namorado, Luiz Guilherme, por compartilhar comigo todas as experiências vividas e dificuldades encontradas nesta fase, e por tudo de bom e incrível que me proporcionou; com certeza alguém que foi essencial nessa longa caminhada que agora se finda.

Aos meus amigos, colegas e funcionários do Programa de Melhoramento de Soja, agradeço muito, por toda parceria, força e apoio nesse período, que sempre foram constantes e muito importantes em toda minha trajetória durante o mestrado. Ao prof. Titular Osvaldo Toshiyuki Hamawaki pela disponibilidade do acervo genético de soja, à Universidade Federal de Uberlândia e a CAPES pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado, suporte acadêmico, instalações e serviços. Em especial, agradeço à minha colega Bruna Mundim, pelo companheirismo e parceria, por juntas partilharmos de momentos de angústia, sacrifícios e muito trabalho, mas com muita alegria e descontração, dando leveza aos momentos mais difíceis.

E claro, à minha orientadora Ana Paula, pela orientação, atenção, dedicação e por passar todo o seu conhecimento para que fosse possível desenvolver este projeto. Enfim, o sentimento é de gratidão a todos que participaram de todos esses momentos, e que agora se tornam somente alegrias e realizações.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

1. Introdução	1
1.1. Importância econômica da soja	1
1.2. Melhoramento genético da soja.....	2
1.3. Parâmetros genéticos em soja	3
1.4. Estratégia de seleção em soja.....	5
2. Objetivos.....	7
2.1. Objetivo geral.....	7
2.2. Objetivos específicos	7
3. Material e métodos.....	8
3.1. Local da realização dos experimentos.....	8
3.2. Definição dos genitores	8
3.3. Condução da população segregante F ₂ TMG 801x EMGOPA 316 e seus genitores	8
3.4. Condução das progênies segregantes.....	11
3.5. Análises estatísticas.....	14
4. Resultados e discussão	20
4.1. População segregante F ₂ derivada do cruzamento TMG 801 x EMGOPA 316	20
4.2. Herdabilidade, correlações e ganho de seleção em progênies F _{2:3} e RCF ₂	30
5. Conclusão.....	36
6. Referências	38

RESUMO

O melhoramento genético de soja busca a seleção de genótipos com aspectos de alto padrão que resultem em alta produtividade de grãos. Para que isso ocorra, a seleção visa alcançar linhagens com características de produtividade, resistência à doenças e adaptabilidade. Tendo a finalidade para desenvolvimento de cultivares mais produtivas, é plausível o conhecimento da combinação entre os caracteres agronômicos e a análise de índices visando a obtenção de melhor predição de ganhos e elevada eficiência no processo seletivo. Sendo assim, o objetivo do presente estudo foi desenvolver progênies de soja e avaliar parâmetros genéticos para fins de seleção de genótipos superiores que demonstrem maior precocidade e alta produção de grãos. Este estudo foi desenvolvido na Fazenda Experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, localizada no município de Uberlândia – MG. Primeiramente, foi avaliada em campo uma população segregante F_2 no período de abril a julho de 2018. No primeiro experimento da população F_2 (TMG 801x EMGOPA 316), sementes foram dispostas em campo e foram avaliados os parâmetros genéticos dos caracteres e os ganhos genéticos obtidos pela seleção direta. Caracteres como APM e NNP na população F_2 apresentaram estimativas de herdabilidade com valores superiores a 50% nos caracteres, sugerindo genótipos favoráveis para seleção. A produção de grãos, principal caráter para estimativas de ganho de seleção, da população F_2 alcançou valores positivos de 46,31% no ganho de seleção, demonstrando ser favorável para seleção de genótipos superiores. No segundo experimento, uma população segregantes F_3 e de retrocruzamentos, foi cultivada em campo no período de outubro de 2018 a março de 2019. Avaliaram-se 60 progênies e os genitores TMG 801 e EMGOPA 316. Foram selecionadas, de forma aleatória, três plantas de cada linha para serem submetidas à avaliações fenotípicas com o intuito de selecionar àquelas que possuem genótipos superiores. A herdabilidade para produção de grãos de soja provenientes dos genitores TMG 801 e Emgopa 316 foi de 81,32%, favorecendo elevadas estimativas de ganho de seleção. O uso dos índices de seleção de Mulamba e Mock (1978) e o de distância ideótipo, considerando ciclo vegetativo, total e produção de grãos identificaram similarmente as progênies segregantes de soja. As progênies UFUS801X316-370, UFUS801X316-437 e UFUS801X316-RC2-5 destacaram-se pela maior produção de grãos e ciclo semiprecoce, sendo recomendadas para avanço de gerações e novas avaliações de desempenho agronômico.

Palavras-chave: *Glycine max*. Herdabilidade. Ganho de seleção.

ABSTRACT

The genetic improvement of soybean seeks the selection of genotypes with aspects of high standard that result in high productivity. For this to occur, the selection aims at achieving lineages with characteristics of productivity, resistance and adaptability. With the purpose to develop more productive cultivars, it is plausible the knowledge of the combination between the agronomic characters and the index analysis aiming at obtaining better prediction of gains and high efficiency in the selective process. Thus, the objective of the present study was to develop soybean progenies and to evaluate genetic parameters for the selection of superior genotypes that demonstrate a shorter total cycle and high grain yield. This study was developed at the Experimental Farm Capim Branco, belonging to the Federal University of Uberlândia, located in the city of Uberlândia - MG. First, an F₂ segregating population was evaluated in the field from April to July 2018. In the first experiment of the F₂ population (TMG 801x EMGOPA 316) seeds were arranged in the field and the genetic parameters of the characters and the genetic gains obtained by the indirect selection were evaluated. Characteristics such as APM and NNP in the F₂ population presented estimates of heritability with values higher than 50% in the characters, suggesting favorable genotypes for selection.

Grain production, the main character for selection gain estimates, of the F₂ population reached a positive value of 46.31% in the selection gain, demonstrating a favorable selection of superior genotypes. In the second experiment, a segregating F₃ and backcross population was fielded from October 2018 to March 2019. Sixty progenies and the parents TMG 801 and EMGOPA 316 were evaluated. Three plants were randomly selected of each line to be submitted to the phenotypic evaluations with the intention to select those that have superior genotypes. The heritability for soybean production from the TMG 801 and Emgopa 316 parents was 81.32%, favoring high selection gain estimates. The use of the selection indices of Mulamba and Mock (1978) and the distance of ideotype, considering the vegetative cycle, total and grain production, similarly identified the segregating soybean progenies. The progenies UFUS801X316-370, UFUS801X316-437 and UFUS801X316-RC2-5 stand out for their higher grain yield and semiprecoce cycle and are recommended for generations to come and new performance evaluations.

Keywords: *Glycine max.* Heritability. Selection Gain.

1. INTRODUÇÃO

1.1. Importância econômica da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill, atualmente é uma das plantas mais cultivadas no mundo, sendo destaque em vários ramos, como a agroindústria. Isso se dá pelo fato de disponibilizar uma grande oferta de óleo para o consumo humano e produzir um farelo rico em proteína para alimentação de animais, além de possuir outras aplicações na indústria, suprimindo uma variedade de necessidade nutricionais da população mundial (LEITE et al., 2016).

O emprego agroindustrial da soja apresentou um elevado crescimento no Brasil e também em escala global nas últimas décadas, fato ocorrido principalmente pelos aspectos tecnológicos e mercadológicos do vegetal (HIRAKURI, 2011; KELESKI, 2018). Esse crescimento ficou evidenciado no Brasil na safra 2018/2019, uma vez que o plantio de soja apresentou crescimento de 1,9% em relação ao período anterior, correspondendo a uma expressiva área de 35,9 milhões de hectares. A produção nacional conta ainda com uma grande expectativa, devendo atingir 114,4 milhões de toneladas, resultando na segunda maior produção (CONAB, COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2019).

Essa alta taxa de produção de grãos se deu principalmente pela contribuição de programas de melhoramento das oleaginosas, resultado da atuação de diversas instituições de ensino e pesquisa, além do empenho dos produtores rurais e de diversos estudiosos de áreas correlatas (MATSUO et al., 2015; ODA et al., 2015).

Segundo a *Food and Agriculture Organization of the United Nations* (FAO, 2016), há estimativa de que nos próximos dez anos, tanto o Brasil quanto a Argentina acrescentem pelo menos vinte milhões de hectares na área plantada com a cultura da soja. Ademais, neste mesmo período, estima-se que o Brasil possa figurar como o maior produtor mundial de soja, ultrapassando inclusive os Estados Unidos, maior produtor até aqui. Nesse sentido, a possibilidade do Brasil se tornar o maior produtor mundial de soja, passa cada vez mais pelo importante papel dos programas de melhoramento em disponibilizar cultivares

mais produtivas e propensas para o cultivo (TODESCHINI, 2018).

1.2. Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético de soja busca a seleção de genótipos com aspectos de alto padrão que resultem em elevada produtividade. Para que isso ocorra, visa-se no processo seletivo, linhagens com características de produtividade, resistência a doenças e adaptabilidade, possibilitando sua introdução em novas áreas, propiciando alta rentabilidade para o produtor.

A existência de variabilidade genética é fator de grande importância na seleção de genótipos superiores, situação essa, responsável pelo sucesso do melhoramento genético de plantas. As buscas por alto rendimento e as exigências do mercado fazem com que os indivíduos selecionados reúnam conjuntamente uma série de atributos favoráveis. Contudo, a seleção de progênies superiores apresenta certa complexidade, dado que a maioria apresenta baixa herdabilidade (CRUZ, 2013; LEITE, et al., 2016).

São aplicadas pelo melhorista diversas estratégias para identificação dos genótipos superiores numa determinada população. Algumas consideram inicialmente, o desempenho da família e, posteriormente, a superioridade relativa dos indivíduos que compõe a família. Em gerações com autofecundação em estágio avançado, a seleção ao nível de família deverá ser priorizada, o que facilita selecionar caracteres de baixa herdabilidade. Quando ocorre seleção em determinado caráter, geralmente há alterações em outros, provavelmente pelas correlações genéticas existentes, fenômeno este intitulado de “resposta correlacionada à seleção”, que pode ser interessante ou não para o melhorista (BÁRBARO et al., 2007).

Sendo assim, a identificação de variáveis utilizadas na seleção indireta sobre outra variável, como a produtividade de grãos, ocorrerá baseada no conhecimento de associações e correlações genéticas existentes entre os caracteres visados, principalmente, quando o caráter principal possuir herdabilidade baixa (BÁRBARO et al., 2007; ALMEIDA et al., 2010; HAMAWAKI et al., 2012; NOGUEIRA et al., 2012; LEITE et al., 2016). A escolha pela melhor estratégia de melhoramento passará pela análise de parâmetros, como

estimativa de herdabilidade, ganho de seleção e correlações genéticas (HAMAWAKI et al., 2012).

Será crucial para o aumento no rendimento de grãos da cultura a obtenção de genótipos de soja que possam apresentar elevada produtividade em uma determinada localidade (HAMAWAKI et al., 2010), atentando-se para a adaptação local de cada cultivar, pois isto determina o momento adequado de semeadura com o intuito de ampliar seu crescimento e avigorar a produtividade, com base no enfoque de cada programa de melhoramento genético (CAVASSIM, 2014).

A obtenção de elevados ganhos genéticos nos programas de melhoramento passa pela diferenciação das melhores estratégias de seleção de soja, objetivando alta produtividade, aliada a demais características desejáveis nos genótipos selecionados. Tendo como objetivo a relevância da cultura da soja e da demanda de cultivares mais produtivas, é plausível o conhecimento da combinação entre os caracteres agrônômicos e a análise de índices visando a obtenção de melhor predição de ganhos e elevada eficiência no processo seletivo (LEITE et al., 2016).

1.3. Parâmetros genéticos em soja

O procedimento de avaliação simultânea de várias gerações ou populações corresponde à análise de gerações, o que inclui avaliação dos genitores, híbridos (F1), e as gerações subsequentes, como as populações F2 e as obtidas de retrocruzamentos RC1 (P1 x F1) e RC2 (P2 x F1) (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

As gerações subsequentes fornecem dados essenciais de parâmetros genéticos, como os elementos de variância genética, coeficiente de herdabilidade e relações entre os coeficientes de variância genética por variância ambiental. É de grande importância para o melhorista a identificação dos efeitos ligados aos efeitos genéticos aditivos, epistáticos e dominantes. Efeitos genéticos aditivos resultam da ação direta de cada alelo nos cromossomos homólogos, sendo herdáveis. Já os efeitos genéticos devido à epistasia são resultados da ação conjunta dos alelos entre dois ou mais loci

(interação inter-loco), não sendo herdáveis; e os efeitos genéticos devido à dominância resultam da ação conjunta dos alelos nos cromossomos homólogos, dentro do mesmo loco (interação intra-loco), também não herdáveis. Identificar esses efeitos genéticos facilita conhecer a estrutura genética de uma população e ampara na tomada de decisão, na garantia das estratégias de seleção e na predição de ganhos (HAMAWAKI et al., 2012; MATSUO et al., 2012).

Durante o processo de seleção, é válido ter o conhecimento da natureza e da proporção dos efeitos gênicos que possuem o controle de determinado caráter. A variância aditiva é a relação entre os valores genotípicos dos indivíduos de uma população e o número de alelos favoráveis que apresentam. Quando há variância aditiva, é estabelecida uma predição de ganhos favoráveis no processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012). A variância fenotípica de uma população segregante compete a possibilidade em estimar a proporção da variação entre os fatores genéticos da população selecionada e a proporção da variação em razão dos fatores ambientais. Quando esta população é posta em ensaios em diversos ambientes, é possível determinar a proporção da variação que representa a interação genótipo x ambiente (BESPALHOK et al., 2007).

A estimativa de parâmetros genéticos, como a herdabilidade, é possível por meio das populações segregantes, como no caso de plantas autógamas, a exemplo da soja (BALDISSERA et al., 2014). A realização de cruzamentos controlados se faz necessário para o estudo de herança genética, onde se utiliza genitores homocigotos diferentes para determinada característica, que geram os híbridos F_1 , já a alta segregação é característica da geração F_2 , sendo que a homocigose completa, ou seja, uma população composta de uma amostra de linhas puras, pode ser alcançada a partir de sucessivas gerações; no caso da soja, assegura-se a homocigose completa na geração F_{10} (RAMALHO et al., 2012; BARONA et al., 2009).

Um dos parâmetros genéticos mais úteis para os melhoristas é o coeficiente de herdabilidade (H^2), que refere-se à proporção entre a variância genética e a fenotípica (VENCOVSKY e BARRIGA, 1992; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). O coeficiente de herdabilidade está relacionado aos ganhos de seleção, uma vez que, quanto maior a herdabilidade,

maior a possibilidade de sucesso na seleção.

A herdabilidade pode apresentar valores de zero a um. Quando a herdabilidade é igual a um, significa que toda a variação expressa pelo genótipo é de natureza genética, e igual a zero, a variação entre indivíduos é exclusivamente de natureza ambiental (CRUZ, 2005). Esses valores podem ser aumentados através da introdução de variação genética na população, contudo, pelo melhoramento em condições experimentais, pode-se reduzir a contribuição da variação ambiental para a variação fenotípica total.

Existem dois tipos de herdabilidade, a no sentido amplo e a no sentido restrito. A herdabilidade no sentido amplo é a razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica, e no sentido restrito, constitui-se na razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996). A herdabilidade varia de acordo com o tipo de características agrônomicas e de fatores como o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BORÉM; MIRANDA, 2013).

Estudo realizado por Mattos (2018), visando estimar a herança de caracteres relacionados à produtividade e caracteres agrônomicos em 92 genótipos de soja na geração F₂, considerando a herdabilidade no sentido amplo, encontraram coeficientes de herdabilidade variando de médios a altos, oscilando de 80,68% para número de nós na maturidade a 96,82 % para número de dias para o florescimento.

O número de genes representa o tipo de herança responsável pelo controle de um caráter, podendo ser de natureza poligênica, oligogênica e monogênica (SILVA-LOBO, et al., 2005). Quanto maior o número de genes de um caráter, maior será o número de combinações genotípicas possíveis na população, sendo que, para conseguir a homozigose completa, novamente será exigido também um maior número de gerações (BALDISSERA et al., 2014).

1.4. Estratégia de seleção em soja

Para a obtenção do sucesso em programas de melhoramento genético de

plantas, é necessária a existência de variabilidade genética, por viabilizar a seleção de genótipos. Os melhoristas procuram o genótipo que agrega características agronômicas favoráveis aliados a alto rendimento de grãos. Entretanto, a herança quantitativa de grande parte dos caracteres de interesse, assim como as correlações existente entre eles, são fatores que acabam por dificultar a seleção simultânea de diversos caracteres (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; LEITE et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017).

Os caracteres quantitativos ou poligênicos são aqueles governados por vários genes, deste modo, cada gene denota segregação com base nas “Leis de Mendel”. Além do mais, ao avaliar uma população segregante, nota-se que os caracteres de herança quantitativa indicam distribuição contínua de fenótipos. Isto é, diversos fenótipos de difícil separação em classes distintas são existentes entre os indivíduos de uma população (BESPALHOK, GUERRA; OLIVEIRA, 2010).

Vários autores identificaram a existência de resultados correlacionados entre caracteres e a influência destes no processo de seleção, para variadas espécies (VASCONCELOS et al., 2010), incluindo soja (VAL et al., 2017). Através dessas correlações, o método de seleção indireta pode ser aplicado, com o objetivo de obter ganhos com maior agilidade a partir da seleção de um caráter com maior herdabilidade, correlacionado a outro que tenha herdabilidade mais baixa e seja objetivo principal (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Este estudo teve como objetivo desenvolver progênies de soja e avaliar parâmetros genéticos para fins de seleção de genótipos superiores que demonstrem maior precocidade e alta produção de grãos.

2.2. Objetivos específicos

- Determinar parâmetros genéticos de caracteres agronômicos importantes no melhoramento genético de soja;
- Estimar o ganho de seleção em populações F_2 e F_3 de soja;
- Selecionar indivíduos F_2 e progênies F_3 para ciclo vegetativo, total e produção de grãos;
- Comparar estratégia de seleção em progênies F_3 em soja.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local da realização dos experimentos

Todos os experimentos do presente estudo foram realizados na Fazenda Capim Branco, cujas coordenadas geográficas, segundo o Laboratório de Climatologia Ambiental – CLIMA – UFU, são: 18° 52' 52,5" S e 48° 20' 37,3" W, com 805m de altitude, na unidade de experimentação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, localizada no município de Uberlândia, Minas Gerais.

3.2. Definição dos genitores

As cultivares designadas para esta avaliação foram selecionadas com a finalidade de desenvolver progênies com características agronômicas de importância no melhoramento genético da soja, como produtividade dos grãos.

Avaliaram-se sementes F_2 provenientes do cruzamento entre TMG 801 x EMGOPA 316, cujas características estão descritas na Tabela 1. Avaliaram-se também progênies F_3 decorrente da seleção de melhores genótipos para produção de grãos em F_2 e, também progênies de retrocruzamentos.

Tabela 1 - Cultivares utilizadas na obtenção da primeira população segregante, Uberlândia, 2019.

Cultivares	CF	CH	CP	Grupo de maturidade	Tipo de Crescimento
TMG 801	Roxa	Preto	Marrom	Precoce	Determinado
EMGOPA 316	Branca	Marrom	Marrom	Precoce	Indeterminado

CF: cor de flor; CH: cor de hilo; CP: cor da pubescência. Fonte: Base de dados da Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; Tropical Melhoramento Genético – TMG.

3.3. Condução da população segregante F_2 TMG 801x EMGOPA 316 e seus genitores

As sementes da população F_2 e as testemunhas TMG 801 e EMGOPA

316 foram semeadas em campo no dia 14 de abril de 2018 e dispostas em 12 linhas de 15 metros cada, com distância de 0,3m entre cada semente e espaçamento de 0,5m entre as linhas, gerando uma área de 105m².

O solo no qual o experimento foi conduzido é caracterizado como Latossolo Vermelho Escuro Distrófico, e teve sua preparação feita de modo convencional, com uma aração, duas gradagens e abertura de sulcos feita antes da semeadura. Deste solo, retirou-se uma amostra entre 0 e 20cm de profundidade para análises químicas (Tabela 2), realizadas pelo Laboratório de Análises de Solos e Calcários – UFU. Foi realizada adubação manual no sulco com NPK, nas concentrações 8:28:16, na dose de 400 kg ha⁻¹, e posterior incorporação do adubo com o solo.

Tabela 2 - Análise química do solo da área experimental na camada de 20 cm, Uberlândia, 2019.

ph H ₂ O 1-2.5	P meh ⁻¹ mg.dm ⁻³	K ⁺ -----	Ca ²⁺ cmolc dm ⁻³	Mg ²⁺ -----	Al ³⁺ -----	H + Al	M.O dag.kg ⁻¹
6,20	9,90	0,48	3,50	1,40	0	2301,9	0

Ca, Mg, Al (KCl 1 mol⁻¹); H+ Al= (Solução Tampão – SMP a pH 7,5); M.O. = Método Colorimétrico.

Realizou-se a semeadura de forma manual, sendo que, todas as sementes foram tratadas com fungicida e inseticida Fipronil, Piraclostrobina e Tiofanato-metílico com dosagem de 100mL/100kg, para, posteriormente, ocorrer a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii*. Foi efetuada a aplicação do herbicida pré-emergente S-Metolaclo, cuja dose foi de 1,4 L ha⁻¹, para o controle de plantas daninhas.

Foi feita adubação foliar com os micronutrientes Cobalto e Molibdênio e adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) com dose de 150 kg ha⁻¹ no estágio V4 da planta (FEHR e CAVINESS, 1977).

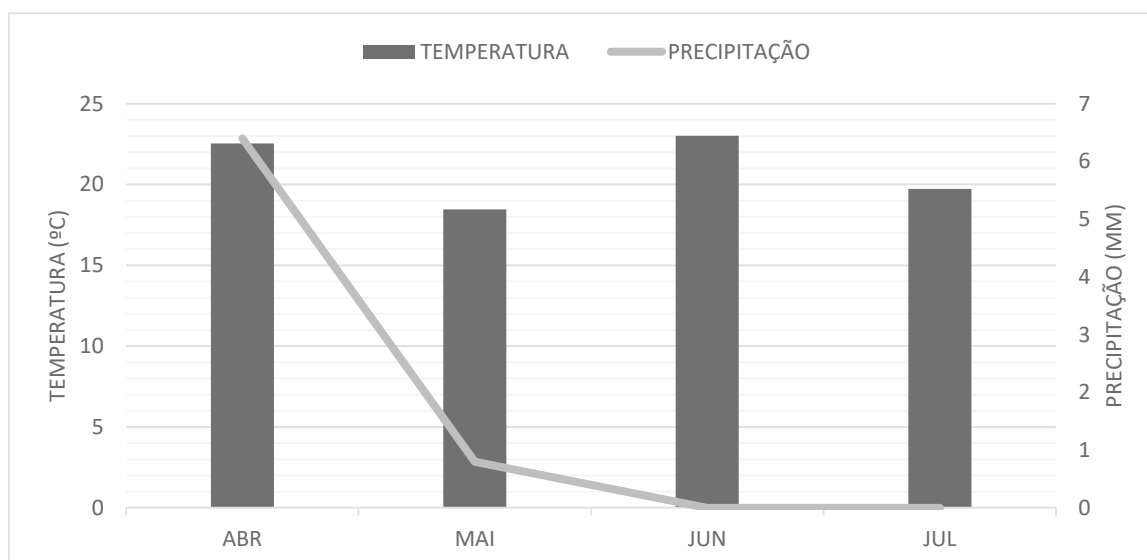
Foram realizadas três capinas manuais durante o experimento (30/04/2018; 28/05/2018 e 13/06/2018). Foi feito o controle de pragas e doenças por meio de aplicações realizadas a cada 20 dias, assim como estudos similares, contando-se após a semeadura, com o auxílio de bomba costal com capacidade de 20L, como consta Tabela 3.

Tabela 3 - Produtos aplicados durante a condução do experimento F₂ TMG 801x EMGOPA 316, Uberlândia, 2019.

Ingrediente ativo	Dose	Ação	Nº de Aplicações
Acefato	1,0 kg.ha ⁻¹	Inseticida	2
Tiametoxam e Lambda-cialotrina	150 mL.ha ⁻¹	Inseticida	3
Trifloxistrobina e Protioconazol	0,4 L.ha ⁻¹	Fungicida	2

As irrigações do experimento ocorreram pelo sistema de irrigação via aspersor duas vezes na semana, em um período de uma hora, num total de 30mm de água por dia. A Figura 1 apresenta o gráfico contendo a temperatura média e as precipitações ao longo do experimento.

Figura 1 – Temperaturas médias e precipitação nos meses de abril a julho de 2018 no município de Uberlândia. Fonte: Laboratório CLIMA - Climatologia e Meteorologia Ambiental da UFU, Uberlândia, 2019.



Ao completarem o estágio R1, todas as plantas foram contabilizadas para que os dados fenotípicos fossem obtidos. Foram analisadas 18 plantas TMG 801, 26 plantas EMGOPA 316 e 284 plantas da população F₂, sendo que, através destas avaliações para estimar os parâmetros genéticos, os genótipos considerados superiores, com base na produtividade dos grãos, foram selecionados para avanço de geração, integrando a população F₃.

Seguem abaixo as avaliações realizadas em cada planta, com estádios determinados pela escala FEHR e CAVINESS (1977):

- I. Número de dias para o florescimento (NDF): período em dias, entre a data de emergência até a data de florescimento da planta, no estádio R1;
- II. Número de dias para a maturidade (NDM): período em dias, entre a data emergência até a data da maturidade no estádio R8 da planta;
- III. Altura da planta no florescimento (APF): altura dada em centímetros da base da planta até o meristema apical na haste principal quando ocorreu o florescimento, no estádio R1;
- IV. Altura da planta na maturidade (APM): altura dada em centímetros da base da planta até o meristema apical na haste principal quando a planta atingiu a maturidade, no estádio R8;
- V. Número de nós totais (NNT): número de nós na haste principal quando a planta atingiu a maturidade no estádio R8;
- VI. Número de nós produtivos na maturidade (NNP): número de nós na haste principal que possuíam vagens quando a planta atingiu a maturidade no estádio R8;
- VII. Número total de vagens (NTV): número total de vagens que foram produzidas pela planta no estádio R8;
- VIII. Número de sementes por vagem (NSV): número gerado através da divisão do número total de sementes pelo número total de vagens;
- IX. Produtividade (PROD): peso total, em gramas, das sementes que foram produzidas por planta.

3.4. Condução das progênes segregantes

O experimento com as progênes foi composto de 62 genótipos, sendo 39 progênes F₃, 20 progênes de retrocruzamentos, confirmados por genes marcadores, como cor da flor e cor do hipocótilo, e duas cultivares (TMG 801 e EMGOPA 316).

A semeadura em campo ocorreu no dia 31 de outubro de 2018, em delineamento de blocos casualizados (DBC) contendo duas repetições. Cada

uma das progênies foi semeada em linhas de três metros contendo aproximadamente 60 sementes, com espaçamento de 0,3m entre as linhas.

Amostras do solo com profundidade aproximada de 20cm foram recolhidas para análise química realizada pelo Laboratório de Análises de Solos e Calcários – UFU, como mostra a Tabela 4:

Tabela 4 - Análise química do solo da área experimental na camada de 20 cm, Uberlândia, 2019.

ph H ₂ O	P me ⁻¹ mg.dm ⁻³	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H + Al	M.O
1-2.5		-----	cmolc dm ⁻³	-----	-----		dag.kg ⁻¹
6,00	6,40	0,41	2,40	1,30	0	2301,90	0

Ca, Mg, Al (KCl 1 mol⁻¹); H+ Al= (Solução Tampão – SMP a pH 7,5); M.O. = Método Colorimétrico.

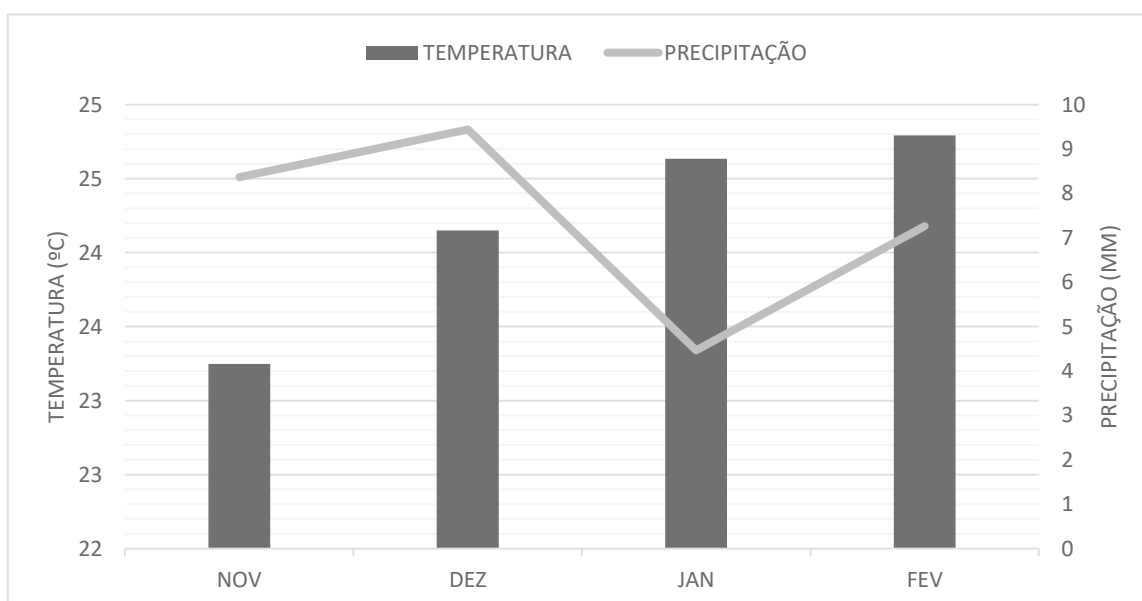
O preparo e adubação da área, tratamento e inoculação das sementes foram realizadas de forma equivalente à descritas na população antecedente. Foram realizadas três capinas manuais (13/11/2018; 17/12/2018 e 22/01/2019), e para o controle de pragas e doenças, foram feitas aplicações a cada 15 dias, a partir da ocorrência em campo, com auxílio de bomba costal, com capacidade total de 20L; e ocorrência de adubações e demais tratamentos estão exibidas conforme a Tabela 5.

Tabela 5 - Produtos aplicados durante a condução do experimento com as progênies segregantes, Uberlândia, 2019.

Ingrediente ativo	Dose	Ação	Datas/Nº de aplicações
S-Metolaclo	1,4 L.ha ⁻¹	Herbicida pré-emergente	31/10/2018
KCl	60g/linha	Adubação de cobertura	04/12/2018
Cobalto e molibdênio	150mL.ha ⁻¹	Micronutrientes	06/12/2018
Acefato	1,0 kg.ha ⁻¹	Inseticida	3
Tiametoxam e Lambda-cialotrina	150 mL.ha ⁻¹	Inseticida	3
Trifloxistrobina e Protiocanazol	0,4 L.ha ⁻¹	Fungicida	3

A região é de clima do tipo Aw, de acordo com a classificação de KÖPPEN e GEIGER (1928), com verão chuvoso (de outubro a março), possui clima tropical úmido e estação seca durante o inverno (abril a setembro). Sendo assim, os dados meteorológico de precipitações e média de temperaturas durante a condução do experimento estão indicados na Figura 2.

Figura 2 – Temperaturas médias e precipitação nos meses de novembro a fevereiro de 2019 no município de Uberlândia. Fonte: Laboratório CLIMA - Climatologia e Meteorologia Ambiental da UFU, Uberlândia, 2019.



Foram selecionadas, de forma aleatória, três plantas de cada linha para serem submetidas à avaliações fenotípicas com o intuito de selecionar àquelas que possuem genótipos superiores, com as avaliações descritas abaixo:

- I. Número de dias para o florescimento (NDF): período em dias, entre a data de emergência até a data de florescimento, quando 50% das plantas da fileiras atingiram o estágio R1;
- II. Número de dias para a maturidade (NDM): período em dias, entre a data emergência até a data da maturidade, quando 50% das plantas atingiram estágio R8 da planta;

Feita a colheita do experimento, cada linha foi trilhada separadamente, para posterior mensuração da produção de grãos, através do peso das sementes com auxílio de balança analítica.

3.5. Análises estatísticas

Com a obtenção dos dados fenotípicos de todas as populações estudadas, F₂ TMG 801 x EMGOPA 316, e progênies segregantes realizaram-se as análises genético-estatísticas com o *software* Programa GENES (CRUZ, 2016). Foram estimados os parâmetros descritos abaixo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

- **Variância genotípica**

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$: variância genética da população F₂;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$: variância fenotípica da população F₂;

$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$: variância ambiental da população F₂.

- **Variância ambiental**

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(P_1)}^2 + \hat{\sigma}_{(P_2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental

$\hat{\sigma}_{(P_1)}^2$: variância fenotípica do parental 1;

$\hat{\sigma}_{(P_2)}^2$: variância fenotípica do parental 2.

- **Herdabilidade no sentido amplo**

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

Em que:

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo;
 $\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$: variância genética da população F_2 ;
 $\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$: variância fenotípica da população F_2 .

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

$$\eta = \frac{R^2 (1 + 0,5k^2)}{8\hat{\sigma}_g^2 F_2}$$

Em que:

η : número de genes;

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

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética da F_2 .

- **Predição de ganhos por seleção**

$$GS = DS \times H^2,$$

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

$$GS\% = \frac{GS}{\bar{X}_o} \times 100$$

Em que:

GS: ganho de seleção;

H^2 : herdabilidade;

DS: diferencial de seleção;

\bar{X}_s : média dos selecionados;

\bar{X}_o : média da população F_2 .

Após feitas as estimativas para a geração F_2 , para os dados da geração F_3 , genitores e retrocruzamentos, procedeu-se à análise de variância (ANOVA), seguida do teste de média através do método de *Scott-Knott*, empregando novamente o Programa GENES. A análise de variância admitiu o modelo exibido

abaixo, considerando o efeito de genótipo aleatório.

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

Em que:

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

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito dos genótipos i;

B_j : efeito dos bloco j;

ε_{ij} : efeito do erro.

Os parâmetros avaliados na ANOVA foram:

- **Coeficiente de variação genotípico**

$$CV_g = \frac{\sigma_g}{m} \times 100$$

Em que:

CV_g : Coeficiente de variação genético;

σ_g : Estimativa do desvio padrão genotípico;

m : média observada do caráter.

- **Herdabilidade**

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

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : Herdabilidade;

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

QMT: quadrado médio de progênies na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas conforme as fórmulas a seguir:

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

Em que:

r_f : estimador de correlação fenotípica;

PMG_{xy} : produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG_x : quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;

QMG_y : quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y.

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

Em que:

r_g : Estimador de correlação genotípica;

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

$\hat{\sigma}_{g(x)}$ e $\hat{\sigma}_{g(y)}$: Estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Adotando três estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e baseada em índices, foi determinado o ganho de seleção para os caracteres. Foram selecionados 20% das progênies superiores, considerando a redução de ciclo vegetativo e total, e incremento para produção de grãos.

Os ganhos de seleção (GS) para a seleção direta e indireta foram 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 progênies selecionadas para o caráter i;

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

H_i²: Herdabilidade 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.

A classificação dos genótipos pelo índice de seleção baseado na soma de “ranks”, é realizada de acordo com a ordem de ganhos favoráveis ao melhoramento, para cada caráter, e pelos ganhos de seleção direto e indireto, e então, somar as ordens de cada caráter para o genótipo resultando uma medida 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.

Outro índice de seleção analisado foi o da distância genótipo-ideótipo, onde 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 $L_{lj} \leq X_{ij} \leq LS_{lj}$, então $Y_{ij} = X_{ij}$;

Se $X_{ij} < L_{lj}$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_{lj} - L_{lj} - C_{ij}$;

Se $X_{ij} > LS_{lj}$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_{lj} - LS_{lj} + C_{ij}$.

Em que,

L_{lj} : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j ;

LS_{lj} : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j ;

VO_{lj} : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Considerou então: $C_{ij} = LS_{lj} - L_{lj}$. Dessa forma, o valor da constante C_{ij} garantiu que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do que era satisfatório resultasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_{lj}). 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.

O 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), de acordo com a equação a seguir:

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

A ordem de seleção foi mantida como decréscimo para NDF, NDM e acréscimo para produtividade de grãos.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. População segregante F₂ derivada do cruzamento TMG 801 x EMGOPA 316

As inferências acerca do potencial genético das populações podem ser feitas baseando-se nas estimativas dos parâmetros média e variância. Os valores estimados de médias e variâncias dos parentais e da população de F₂ TMG 801 x EMGOPA 316 estão demonstradas na TABELA 6.

Tabela 6 - Médias e variâncias dos caracteres avaliados dos parentais e F₂ TMG 801 x EMGOPA 316, Uberlândia, 2019.

Caracteres		TMG 801	EMGOPA 316	F ₂
NDF	\bar{X}	46,22	50,94	47,47
	$\hat{\sigma}^2$	13,71	3,82	94,66
NDM	\bar{X}	119,66	142,72	123,48
	$\hat{\sigma}^2$	0,35	1,38	94,49
APF	\bar{X}	26,47	30,27	26,21
	$\hat{\sigma}^2$	41,66	22,83	47,11
APM	\bar{X}	46,52	39,94	42,13
	$\hat{\sigma}^2$	71,51	24,26	135,51
NNT	\bar{X}	14,33	15,50	15,57
	$\hat{\sigma}^2$	3,41	1,91	11,37
NNP	\bar{X}	10,66	12,05	12,48
	$\hat{\sigma}^2$	3,76	3,11	10,53
NTV	\bar{X}	27,00	34,16	31,66
	$\hat{\sigma}^2$	70,58	229,79	279,76
NSV	\bar{X}	1,93	2,04	1,94
	$\hat{\sigma}^2$	0,05	0,05	0,06
PROD	\bar{X}	5,70	8,94	7,21
	$\hat{\sigma}^2$	3,94	15,30	18,34

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF (cm): altura da planta na floração; APM (cm): altura da planta na maturidade; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos na maturidade; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD (g): produção de grãos por planta.

Obter êxito na seleção e estimativas de parâmetros genéticos, em gerações iniciais, está associado à utilização de genitores contrastantes para os caracteres de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Na Tabela 6, é possível observar que houve alguns contrastes entre as médias da população F₂ e seus parentais, principalmente entre os caracteres NDM, APM e NTV.

A altura da planta na maturidade é importante para adequação à colheita mecanizada. De acordo com Sedyama et al. (2016), a altura ideal para a soja está entre 60 a 110 cm, o que facilita durante a colheita e evita o acamamento.

Os baixos valores encontrados em APM na Tabela 6, possivelmente ocorreram devido o experimento ter sido realizado fora da época ideal, sofrendo influência principalmente das temperaturas mais baixas no mês de abril, resultados similares quando comparados aos de Crusciol et al. (2002). Com a semeadura realizada fora da época apropriada para o cultivo da soja, nota-se a limitação do porte da planta e adversidades pluviométricas (TECNOLOGIAS, 2013; FERRARI et al., 2015).

A época do florescimento da planta da soja é de fundamental importância para seu desenvolvimento e rendimento de grãos, uma vez que possui influência no equilíbrio entre o crescimento vegetativo e o crescimento reprodutivo. O desempenho agrônomico de uma cultivar possui relação com seu potencial genético, bem como o ambiente em que são semeadas (BARBOSA et al., 2013).

Observou-se na Tabela 6 que as variáveis APF, NNT, NNP e NSV não são contrastantes entre si, mostrando baixas variações entre os parentais e a população F₂. Os valores obtidos para a variável PROD na população F₂ só foram superiores quando comparados aos do parental TMG 801.

É possível observar na Tabela 6 que a média para a variável NDM do parental EMGOPA 316, cultivar considerada de ciclo precoce, demonstrou um alto valor de aproximadamente 142 dias para a maturidade, fato que ocorreu possivelmente pela época de semeadura entressafra, considerando temperaturas mais amenas que provavelmente ajudaram na redução do metabolismo da planta, deixando-a com o desenvolvimento mais lento e, por consequência, um ciclo mais longo. Resultados semelhantes foram encontrados no estudo de Nogueira (2007), para a mesma cultivar.

Segundo Baldissera et al. (2014), estimar componentes de média e variância para caracteres quantitativos auxiliam no surgimento de informações em relação à base genética de uma população segregante, o que facilita a obtenção de sucesso na seleção de genótipos superiores nos estágios de avanço de gerações. Dentre esses componentes, as variâncias fenotípicas, genotípicas são destaques, sendo de grande relevância em estudos dentro do programa de melhoramento (HAMAWAKI et al., 2012). No presente estudo, nota-se que a população F₂ assemelhou-se com ambos os parentais na maioria dos caracteres estudados, como mostra a Tabela 6.

Na Tabela 7, estão expostos os valores dos componentes de variância de caracteres agrônomicos e herdabilidade, obtidos na população F₂ TMG 801 x EMGOPA 316 e seus parentais.

Tabela 7 - Estimativas dos componentes de variância de caracteres agrônômicos nas gerações P₁, P₂, e F₂ TMG 801 x EMGOPA 316, Uberlândia, 2019.

Caracteres	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$h_a^2(\%)$	η
NDF	94,66	8,76	85,90	90,73	13,69
NDM	94,49	0,87	93,62	99,07	3,07
APF	47,11	32,24	14,86	31,55	11,19
APM	135,51	47,88	87,62	64,66	7,60
NNT	11,37	2,66	8,71	76,60	6,94
NNP	10,53	3,43	7,09	67,34	8,52
NTV	279,76	150,19	129,57	46,31	8,34
NSV	0,06	0,05	0,00	10,59	42,23
PROD	18,34	9,62	8,71	47,53	7,00

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos na maturidade; IPV: inserção da primeira vagem; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo (%); η : número mínimo de genes; -: estimativas negativas.

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.

Como pode ser observado na Tabela 7, a variância genotípica foi superior à variância ambiental para os caracteres NDF, NDM, APM, NNT e NNP, sugerindo uma possível seleção de genótipos superiores. Esses resultados corroboram com o estudo feito por Mattos (2018), que notou variância genotípica superior à variância ambiental para alguns destes caracteres avaliados.

Santos et al. (2018) verificaram os componentes de variância em gerações F₂ e parentais para caracteres como: número de dias para a maturidade, altura da planta, número de vagens e produção de grãos; notando que as estimativas de variância genotípica mostraram-se superiores à variância ambiental para esses caracteres avaliados, além de quê, os maiores valores de variâncias foram perceptíveis para o caráter NTV, corroborando com os resultados encontrados nesse estudo. Sendo assim, estudar a variação genotípica de um determinado caráter é essencial para o estabelecimento do

melhor método de seleção para desenvolver novas linhagens.

Em programas de melhoramento genético, faz-se necessário ter o conhecimento da natureza da variância, possibilitando a identificação da magnitude dos efeitos genéticos que possuem influência sobre o fenótipo, visto que, a variância ambiental pode intervir na seleção dos genótipos, o que dificulta reconhecer aqueles que constituem genética superior (HAMAWAKI et al., 2012).

Teixeira et al. (2017), ao avaliarem a herança do caráter precocidade em populações segregantes de soja, verificaram estimativas para os componentes de variância e perceberam que a variável NSV indicou as menores variâncias fenotípicas (0,03), genotípica (0,00) e ambiental (0,03), valores bem próximos aos do presente estudo.

Dentre os parâmetros genéticos, a herdabilidade é o de maior relevância para o melhoramento genético, dado que é o parâmetro que faz relação ao nível de associação do valor fenotípico e do valor genotípico. A herdabilidade diz respeito à porção da variabilidade fenotípica que tem causas genéticas, e é dita herdabilidade no sentido amplo em detrimento da razão entre a variância genética e a variância fenotípica (FALCONER e MACKAY, 1996)

De acordo com a Tabela 7, foram observados altos valores de herdabilidade nos caracteres NDF, NDM e NNT, nos valores de 90,73%, 99,07% e 76,60%, respectivamente; e baixas estimativas de herdabilidade, com valores superiores a 50% nos caracteres APM e NNP.

A herdabilidade é um parâmetro dependente tanto da população, quanto do ambiente em que foi mensurada, tendo variação de 0 a 100%, sendo considerada alta quando possui valores acima de 70%. (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). Através das estimativas dos parâmetros genéticos para a população segregante F_2 , percebeu-se oportunidade para seleção de genótipos superiores. Com isto, foi feita a estimativa do ganho de seleção obtido nesta população (Tabela 8).

Tabela 8 - Predição de ganhos por seleção dos caracteres agrônômicos e produção de grãos em uma população proveniente da hibridação entre TMG 801 e Emgopa 316, Uberlândia, 2019.

Caracteres	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NDF	47,47	36,57	-20,83	37,58
NDM	123,48	117,76	-4,58	117,82
APF	26,21	37,08	13,08	29,64
APM	42,13	59,44	26,57	53,32
NNT	15,57	20,42	23,90	19,29
NNP	12,48	17,16	25,21	15,63
NTV	31,66	58,80	39,69	44,23
NSV	1,94	2,29	1,95	1,97
PROD	7,21	14,23	46,31	10,55

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração (cm); APM: altura da planta na maturidade (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturidade; NNP: número de nós produtivos na maturidade; IPV: inserção da primeira vagem (cm); NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g); \bar{X}_o : média original da população F₂; \bar{X}_s : média dos indivíduos selecionados; GS (%): ganho por seleção.

O principal propósito para a seleção de NDM é selecionar genótipos com ciclo precoce, facilitando a implantação em sucessão de culturas. Dessa forma, foram selecionados indivíduos com valores mais baixos para esse caráter cujo ganho de seleção foi de -4,58%, com média predita de 117,82 (Tabela 8). Tratando-se de uma espécie cuja floração ocorre em fotoperíodo com dia curto, quando ocorre a semeadura fora da época ideal, é esperada uma redução do ciclo total da soja (TECNOLOGIAS, 2011; SILVA, SEDIYAMA, BORÉM, 2015). O caráter NDF apresentou ganho de seleção negativo de -20,83% e média predita de 37,58, indicando indivíduos possivelmente precoces, como é possível notar na Tabela 8.

Como pode ser observado na Tabela 8, os caracteres APM e NNP tiveram média predita de 53,32 cm e 15,53, respectivamente. A média dos selecionados ficou fora do limite considerado adequado para uma planta com produtividade alta, segundo Sedyama (2016). O ganho de seleção para combinação para APM foi de 26,57% e NNP de 25,21% (Tabela 8).

O ganho de seleção e média predita na seleção de indivíduos com maior número de vagens foi de 39,69% e 44,23, respectivamente. Mattos (2018) notou um ganho de seleção de 92,88 em população segregante F₂ para número de vagens, mostrando a possibilidade de ter ganhos com a seleção em gerações

iniciais. Sedyama (2016) relata que as cultivares nacionais de soja demonstram ter, em média, de 30 a 80 vagens por planta, valores que corroboram com os resultados do presente estudo.

A produção de grãos para esta população alcançou valores positivos de 46,31% no ganho de seleção. Teixeira et al. (2017), em seu estudo sobre população segregante F₂ de soja, notaram ganhos de 55,11% para produção de grãos, o que se assemelha aos resultados encontrados no presente estudo.

Os indivíduos selecionados na população segregante F₂ TMG 801 x EMGOPA 316 estão listados na Tabela 9.

Tabela 9 - Indivíduos selecionados em F₂ para caracteres agrônômicos, Uberlândia, 2019.

NDF (dias)		NDM (dias)		APF (cm)	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-239	34	UFU ₈₀₁ xEMG-1	116	UFU ₈₀₁ xEMG-248	49,0
UFU ₈₀₁ xEMG-146	34	UFU ₈₀₁ xEMG-2	116	UFU ₈₀₁ xEMG-218	48,5
UFU ₈₀₁ xEMG-10	36	UFU ₈₀₁ xEMG-3	116	UFU ₈₀₁ xEMG-234	48,5
UFU ₈₀₁ xEMG-22	36	UFU ₈₀₁ xEMG-4	116	UFU ₈₀₁ xEMG-220	48,0
UFU ₈₀₁ xEMG-25	36	UFU ₈₀₁ xEMG-6	116	UFU ₈₀₁ xEMG-49	43,5
UFU ₈₀₁ xEMG-34	36	UFU ₈₀₁ xEMG-9	116	UFU ₈₀₁ xEMG-252	43,0
UFU ₈₀₁ xEMG-56	36	UFU ₈₀₁ xEMG-14	116	UFU ₈₀₁ xEMG-277	43,0
UFU ₈₀₁ xEMG-62	36	UFU ₈₀₁ xEMG-15	116	UFU ₈₀₁ xEMG-190	42,5
UFU ₈₀₁ xEMG-84	36	UFU ₈₀₁ xEMG-16	118	UFU ₈₀₁ xEMG-150	41,5
UFU ₈₀₁ xEMG-110	36	UFU ₈₀₁ xEMG-18	118	UFU ₈₀₁ xEMG-185	41,5
UFU ₈₀₁ xEMG-128	36	UFU ₈₀₁ xEMG-21	118	UFU ₈₀₁ xEMG-187	41,5
UFU ₈₀₁ xEMG-142	36	UFU ₈₀₁ xEMG-22	118	UFU ₈₀₁ xEMG-191	41,5
UFU ₈₀₁ xEMG-143	36	UFU ₈₀₁ xEMG-23	118	UFU ₈₀₁ xEMG-229	41,5
UFU ₈₀₁ xEMG-153	36	UFU ₈₀₁ xEMG-24	118	UFU ₈₀₁ xEMG-206	41,0
UFU ₈₀₁ xEMG-157	36	UFU ₈₀₁ xEMG-25	118	UFU ₈₀₁ xEMG-263	40,5
UFU ₈₀₁ xEMG-165	36	UFU ₈₀₁ xEMG-26	118	UFU ₈₀₁ xEMG-36	39,0
UFU ₈₀₁ xEMG-169	36	UFU ₈₀₁ xEMG-27	118	UFU ₈₀₁ xEMG-224	39,0
UFU ₈₀₁ xEMG-174	36	UFU ₈₀₁ xEMG-28	118	UFU ₈₀₁ xEMG-8	38,5
UFU ₈₀₁ xEMG-181	36	UFU ₈₀₁ xEMG-29	118	UFU ₈₀₁ xEMG-18	38,5
UFU ₈₀₁ xEMG-184	36	UFU ₈₀₁ xEMG-30	118	UFU ₈₀₁ xEMG-91	38,0
UFU ₈₀₁ xEMG-204	36	UFU ₈₀₁ xEMG-31	118	UFU ₈₀₁ xEMG-127	38,0
UFU ₈₀₁ xEMG-205	36	UFU ₈₀₁ xEMG-32	118	UFU ₈₀₁ xEMG-217	38,0
UFU ₈₀₁ xEMG-213	36	UFU ₈₀₁ xEMG-34	118	UFU ₈₀₁ xEMG-60	37,5
UFU ₈₀₁ xEMG-246	36	UFU ₈₀₁ xEMG-37	118	UFU ₈₀₁ xEMG-226	37,5
UFU ₈₀₁ xEMG-276	36	UFU ₈₀₁ xEMG-38	118	UFU ₈₀₁ xEMG-58	37,0
UFU ₈₀₁ xEMG-17	38	UFU ₈₀₁ xEMG-39	118	UFU ₈₀₁ xEMG-133	37,0
UFU ₈₀₁ xEMG-31	38	UFU ₈₀₁ xEMG-40	118	UFU ₈₀₁ xEMG-55	36,0
UFU ₈₀₁ xEMG-43	38	UFU ₈₀₁ xEMG-41	118	UFU ₈₀₁ xEMG-124	36,0
UFU ₈₀₁ xEMG-50	38	UFU ₈₀₁ xEMG-42	118	UFU ₈₀₁ xEMG-149	36,0
UFU ₈₀₁ xEMG-51	38	UFU ₈₀₁ xEMG-43	118	UFU ₈₀₁ xEMG-81	35,5
UFU ₈₀₁ xEMG-107	38	UFU ₈₀₁ xEMG-45	118	UFU ₈₀₁ xEMG-106	35,5
UFU ₈₀₁ xEMG-164	38	UFU ₈₀₁ xEMG-47	118	UFU ₈₀₁ xEMG-158	35,5
UFU ₈₀₁ xEMG-180	38	UFU ₈₀₁ xEMG-48	118	UFU ₈₀₁ xEMG-189	35,5
UFU ₈₀₁ xEMG-72	39	UFU ₈₀₁ xEMG-49	118	UFU ₈₀₁ xEMG-212	35,5
UFU ₈₀₁ xEMG-75	39	UFU ₈₀₁ xEMG-51	118	UFU ₈₀₁ xEMG-12	35,0
UFU ₈₀₁ xEMG-78	39	UFU ₈₀₁ xEMG-52	118	UFU ₈₀₁ xEMG-121	34,5
UFU ₈₀₁ xEMG-80	39	UFU ₈₀₁ xEMG-53	118	UFU ₈₀₁ xEMG-21	34,0
UFU ₈₀₁ xEMG-97	39	UFU ₈₀₁ xEMG-54	118	UFU ₈₀₁ xEMG-221	34,0
UFU ₈₀₁ xEMG-101	39	UFU ₈₀₁ xEMG-55	118	UFU ₈₀₁ xEMG-260	34,0
UFU ₈₀₁ xEMG-114	39	UFU ₈₀₁ xEMG-56	118	UFU ₈₀₁ xEMG-23	33,5

POPULAÇÃO TMG 801 x EMGOPA 316 – Continuação Tabela 9					
UFU ₈₀₁ xEMG-119	39	UFU ₈₀₁ xEMG-57	118	UFU ₈₀₁ xEMG-231	33,5
NDF (dias)		NDM (dias)		APF (cm)	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-126	39	UFU ₈₀₁ xEMG-58	118	UFU ₈₀₁ xEMG-136	33,0
UFU ₈₀₁ xEMG-156	39	UFU ₈₀₁ xEMG-59	118	UFU ₈₀₁ xEMG-54	32,5
UFU ₈₀₁ xEMG-170	39	UFU ₈₀₁ xEMG-60	118	UFU ₈₀₁ xEMG-129	32,5
UFU ₈₀₁ xEMG-210	39	UFU ₈₀₁ xEMG-61	118	UFU ₈₀₁ xEMG-166	32,5
UFU ₈₀₁ xEMG-211	39	UFU ₈₀₁ xEMG-62	118	UFU ₈₀₁ xEMG-193	32,5
UFU ₈₀₁ xEMG-255	39	UFU ₈₀₁ xEMG-63	118	UFU ₈₀₁ xEMG-24	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-264	39	UFU ₈₀₁ xEMG-64	118	UFU ₈₀₁ xEMG-83	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-265	39	UFU ₈₀₁ xEMG-65	118	UFU ₈₀₁ xEMG-113	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-1	42	UFU ₈₀₁ xEMG-66	118	UFU ₈₀₁ xEMG-167	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-3	42	UFU ₈₀₁ xEMG-67	118	UFU ₈₀₁ xEMG-182	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-162	42	UFU ₈₀₁ xEMG-68	118	UFU ₈₀₁ xEMG-219	32,0
UFU ₈₀₁ xEMG-172	42	UFU ₈₀₁ xEMG-69	118	UFU ₈₀₁ xEMG-155	31,5
UFU ₈₀₁ xEMG-186	42	UFU ₈₀₁ xEMG-70	119	UFU ₈₀₁ xEMG-171	31,5
UFU ₈₀₁ xEMG-189	42	UFU ₈₀₁ xEMG-71	119	UFU ₈₀₁ xEMG-6	31,0
UFU ₈₀₁ xEMG-203	42	UFU ₈₀₁ xEMG-72	119	UFU ₈₀₁ xEMG-111	31,0
APM (cm)		NNT		NNP	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-220	90,5	UFU ₈₀₁ xEMG-220	30	UFU ₈₀₁ xEMG-220	27
UFU ₈₀₁ xEMG-186	86,0	UFU ₈₀₁ xEMG-152	26	UFU ₈₀₁ xEMG-152	21
UFU ₈₀₁ xEMG-50	80,0	UFU ₈₀₁ xEMG-36	24	UFU ₈₀₁ xEMG-161	20
UFU ₈₀₁ xEMG-254	79,5	UFU ₈₀₁ xEMG-50	24	UFU ₈₀₁ xEMG-213	20
UFU ₈₀₁ xEMG-250	78,0	UFU ₈₀₁ xEMG-93	24	UFU ₈₀₁ xEMG-222	20
UFU ₈₀₁ xEMG-152	77,5	UFU ₈₀₁ xEMG-126	24	UFU ₈₀₁ xEMG-229	20
UFU ₈₀₁ xEMG-190	74,5	UFU ₈₀₁ xEMG-135	24	UFU ₈₀₁ xEMG-121	19
UFU ₈₀₁ xEMG-161	73,0	UFU ₈₀₁ xEMG-186	24	UFU ₈₀₁ xEMG-232	19
UFU ₈₀₁ xEMG-263	72,5	UFU ₈₀₁ xEMG-199	24	UFU ₈₀₁ xEMG-244	19
UFU ₈₀₁ xEMG-187	71,0	UFU ₈₀₁ xEMG-208	24	UFU ₈₀₁ xEMG-126	18
UFU ₈₀₁ xEMG-227	67,0	UFU ₈₀₁ xEMG-254	24	UFU ₈₀₁ xEMG-139	18
UFU ₈₀₁ xEMG-93	66,0	UFU ₈₀₁ xEMG-161	23	UFU ₈₀₁ xEMG-151	18
UFU ₈₀₁ xEMG-223	65,0	UFU ₈₀₁ xEMG-187	23	UFU ₈₀₁ xEMG-187	18
UFU ₈₀₁ xEMG-199	63,0	UFU ₈₀₁ xEMG-227	23	UFU ₈₀₁ xEMG-227	18
UFU ₈₀₁ xEMG-226	62,5	UFU ₈₀₁ xEMG-250	23	UFU ₈₀₁ xEMG-250	18
UFU ₈₀₁ xEMG-135	60,0	UFU ₈₀₁ xEMG-263	23	UFU ₈₀₁ xEMG-257	18
UFU ₈₀₁ xEMG-151	60,0	UFU ₈₀₁ xEMG-133	21	UFU ₈₀₁ xEMG-258	18
UFU ₈₀₁ xEMG-234	60,0	UFU ₈₀₁ xEMG-229	21	UFU ₈₀₁ xEMG-264	18
UFU ₈₀₁ xEMG-189	59,5	UFU ₈₀₁ xEMG-121	20	UFU ₈₀₁ xEMG-50	17
UFU ₈₀₁ xEMG-72	59,0	UFU ₈₀₁ xEMG-139	20	UFU ₈₀₁ xEMG-72	17
UFU ₈₀₁ xEMG-235	59,0	UFU ₈₀₁ xEMG-213	20	UFU ₈₀₁ xEMG-93	17
UFU ₈₀₁ xEMG-126	58,5	UFU ₈₀₁ xEMG-222	20	UFU ₈₀₁ xEMG-223	17
UFU ₈₀₁ xEMG-193	58,0	UFU ₈₀₁ xEMG-223	20	UFU ₈₀₁ xEMG-253	17
UFU ₈₀₁ xEMG-150	57,0	UFU ₈₀₁ xEMG-232	20	UFU ₈₀₁ xEMG-254	17
UFU ₈₀₁ xEMG-28	56,5	UFU ₈₀₁ xEMG-257	20	UFU ₈₀₁ xEMG-272	17
UFU ₈₀₁ xEMG-36	56,0	UFU ₈₀₁ xEMG-20	19	UFU ₈₀₁ xEMG-274	17
UFU ₈₀₁ xEMG-221	55,5	UFU ₈₀₁ xEMG-88	19	UFU ₈₀₁ xEMG-275	17
UFU ₈₀₁ xEMG-272	55,5	UFU ₈₀₁ xEMG-150	19	UFU ₈₀₁ xEMG-277	17
UFU ₈₀₁ xEMG-136	55,0	UFU ₈₀₁ xEMG-166	19	UFU ₈₀₁ xEMG-278	17
UFU ₈₀₁ xEMG-188	55,0	UFU ₈₀₁ xEMG-185	19	UFU ₈₀₁ xEMG-281	17
UFU ₈₀₁ xEMG-251	55,0	UFU ₈₀₁ xEMG-190	19	UFU ₈₀₁ xEMG-282	17
UFU ₈₀₁ xEMG-244	54,0	UFU ₈₀₁ xEMG-193	19	UFU ₈₀₁ xEMG-28	16
UFU ₈₀₁ xEMG-257	54,0	UFU ₈₀₁ xEMG-218	19	UFU ₈₀₁ xEMG-75	16
UFU ₈₀₁ xEMG-101	53,5	UFU ₈₀₁ xEMG-221	19	UFU ₈₀₁ xEMG-91	16
UFU ₈₀₁ xEMG-185	53,5	UFU ₈₀₁ xEMG-230	19	UFU ₈₀₁ xEMG-118	16
UFU ₈₀₁ xEMG-133	53,0	UFU ₈₀₁ xEMG-235	19	UFU ₈₀₁ xEMG-120	16
UFU ₈₀₁ xEMG-139	53,0	UFU ₈₀₁ xEMG-238	19	UFU ₈₀₁ xEMG-140	16
UFU ₈₀₁ xEMG-225	53,0	UFU ₈₀₁ xEMG-244	19	UFU ₈₀₁ xEMG-163	16
UFU ₈₀₁ xEMG-98	52,5	UFU ₈₀₁ xEMG-251	19	UFU ₈₀₁ xEMG-166	16
UFU ₈₀₁ xEMG-194	52,5	UFU ₈₀₁ xEMG-253	19	UFU ₈₀₁ xEMG-199	16
UFU ₈₀₁ xEMG-253	52,5	UFU ₈₀₁ xEMG-278	19	UFU ₈₀₁ xEMG-201	16
UFU ₈₀₁ xEMG-48	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-279	19	UFU ₈₀₁ xEMG-203	16
UFU ₈₀₁ xEMG-91	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-10	18	UFU ₈₀₁ xEMG-208	16
UFU ₈₀₁ xEMG-120	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-28	18	UFU ₈₀₁ xEMG-218	16

POPULAÇÃO TMG 801 x EMGOPA 316 – Continuação – Tabela 9

APM (cm)		NNT		NNP	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-184	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-35	18	UFU ₈₀₁ xEMG-221	16
UFU ₈₀₁ xEMG-213	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-72	18	UFU ₈₀₁ xEMG-249	16
UFU ₈₀₁ xEMG-231	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-78	18	UFU ₈₀₁ xEMG-251	16
UFU ₈₀₁ xEMG-249	52,0	UFU ₈₀₁ xEMG-91	18	UFU ₈₀₁ xEMG-259	16
UFU ₈₀₁ xEMG-118	51,5	UFU ₈₀₁ xEMG-96	18	UFU ₈₀₁ xEMG-279	16
UFU ₈₀₁ xEMG-121	51,5	UFU ₈₀₁ xEMG-118	18	UFU ₈₀₁ xEMG-51	15
UFU ₈₀₁ xEMG-51	51,0	UFU ₈₀₁ xEMG-120	18	UFU ₈₀₁ xEMG-78	15
UFU ₈₀₁ xEMG-166	51,0	UFU ₈₀₁ xEMG-151	18	UFU ₈₀₁ xEMG-92	15
UFU ₈₀₁ xEMG-230	51,0	UFU ₈₀₁ xEMG-163	18	UFU ₈₀₁ xEMG-135	15
UFU ₈₀₁ xEMG-266	51,0	UFU ₈₀₁ xEMG-203	18	UFU ₈₀₁ xEMG-150	15
UFU ₈₀₁ xEMG-224	50,5	UFU ₈₀₁ xEMG-216	18	UFU ₈₀₁ xEMG-156	15
UFU ₈₀₁ xEMG-229	50,5	UFU ₈₀₁ xEMG-225	18	UFU ₈₀₁ xEMG-159	15
NTV		NSV		PROD (g)	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-223	96	UFU ₈₀₁ xEMG-2	2,81	UFU ₈₀₁ xEMG-177	24,6
UFU ₈₀₁ xEMG-218	84	UFU ₈₀₁ xEMG-16	2,70	UFU ₈₀₁ xEMG-223	23,3
UFU ₈₀₁ xEMG-118	81	UFU ₈₀₁ xEMG-106	2,56	UFU ₈₀₁ xEMG-257	21,6
UFU ₈₀₁ xEMG-152	80	UFU ₈₀₁ xEMG-25	2,53	UFU ₈₀₁ xEMG-118	19,7
UFU ₈₀₁ xEMG-229	79	UFU ₈₀₁ xEMG-18	2,50	UFU ₈₀₁ xEMG-182	19,7
UFU ₈₀₁ xEMG-182	77	UFU ₈₀₁ xEMG-38	2,50	UFU ₈₀₁ xEMG-218	18,6
UFU ₈₀₁ xEMG-157	76	UFU ₈₀₁ xEMG-151	2,46	UFU ₈₀₁ xEMG-277	17,8
UFU ₈₀₁ xEMG-221	75	UFU ₈₀₁ xEMG-104	2,41	UFU ₈₀₁ xEMG-281	17,8
UFU ₈₀₁ xEMG-139	74	UFU ₈₀₁ xEMG-24	2,40	UFU ₈₀₁ xEMG-221	17,4
UFU ₈₀₁ xEMG-282	73	UFU ₈₀₁ xEMG-15	2,39	UFU ₈₀₁ xEMG-151	17,0
UFU ₈₀₁ xEMG-241	69	UFU ₈₀₁ xEMG-49	2,38	UFU ₈₀₁ xEMG-90	16,9
UFU ₈₀₁ xEMG-231	68	UFU ₈₀₁ xEMG-9	2,38	UFU ₈₀₁ xEMG-139	16,7
UFU ₈₀₁ xEMG-281	68	UFU ₈₀₁ xEMG-22	2,38	UFU ₈₀₁ xEMG-244	16,7
UFU ₈₀₁ xEMG-213	67	UFU ₈₀₁ xEMG-71	2,37	UFU ₈₀₁ xEMG-229	16,4
UFU ₈₀₁ xEMG-90	64	UFU ₈₀₁ xEMG-1	2,36	UFU ₈₀₁ xEMG-213	16,2
UFU ₈₀₁ xEMG-264	64	UFU ₈₀₁ xEMG-157	2,35	UFU ₈₀₁ xEMG-231	15,4
UFU ₈₀₁ xEMG-277	64	UFU ₈₀₁ xEMG-162	2,35	UFU ₈₀₁ xEMG-152	15,2
UFU ₈₀₁ xEMG-249	63	UFU ₈₀₁ xEMG-181	2,32	UFU ₈₀₁ xEMG-254	15,2
UFU ₈₀₁ xEMG-235	62	UFU ₈₀₁ xEMG-204	2,31	UFU ₈₀₁ xEMG-253	15,0
UFU ₈₀₁ xEMG-121	61	UFU ₈₀₁ xEMG-254	2,30	UFU ₈₀₁ xEMG-282	15,0
UFU ₈₀₁ xEMG-185	61	UFU ₈₀₁ xEMG-23	2,30	UFU ₈₀₁ xEMG-264	14,6
UFU ₈₀₁ xEMG-222	60	UFU ₈₀₁ xEMG-70	2,30	UFU ₈₀₁ xEMG-259	14,5
UFU ₈₀₁ xEMG-244	60	UFU ₈₀₁ xEMG-254	2,29	UFU ₈₀₁ xEMG-189	14,4
UFU ₈₀₁ xEMG-253	60	UFU ₈₀₁ xEMG-257	2,29	UFU ₈₀₁ xEMG-249	14,1
UFU ₈₀₁ xEMG-140	58	UFU ₈₀₁ xEMG-269	2,29	UFU ₈₀₁ xEMG-241	13,8
UFU ₈₀₁ xEMG-232	57	UFU ₈₀₁ xEMG-54	2,29	UFU ₈₀₁ xEMG-120	13,7
UFU ₈₀₁ xEMG-274	57	UFU ₈₀₁ xEMG-125	2,28	UFU ₈₀₁ xEMG-185	13,7
UFU ₈₀₁ xEMG-126	56	UFU ₈₀₁ xEMG-270	2,27	UFU ₈₀₁ xEMG-156	13,5
UFU ₈₀₁ xEMG-91	55	UFU ₈₀₁ xEMG-165	2,25	UFU ₈₀₁ xEMG-232	13,5
UFU ₈₀₁ xEMG-189	55	UFU ₈₀₁ xEMG-55	2,25	UFU ₈₀₁ xEMG-121	13,4
UFU ₈₀₁ xEMG-225	54	UFU ₈₀₁ xEMG-155	2,25	UFU ₈₀₁ xEMG-225	13,4
UFU ₈₀₁ xEMG-234	54	UFU ₈₀₁ xEMG-259	2,23	UFU ₈₀₁ xEMG-235	12,8
UFU ₈₀₁ xEMG-254	54	UFU ₈₀₁ xEMG-107	2,23	UFU ₈₀₁ xEMG-70	12,7
UFU ₈₀₁ xEMG-156	53	UFU ₈₀₁ xEMG-224	2,23	UFU ₈₀₁ xEMG-266	12,4
UFU ₈₀₁ xEMG-78	51	UFU ₈₀₁ xEMG-239	2,22	UFU ₈₀₁ xEMG-27	12,1
UFU ₈₀₁ xEMG-210	51	UFU ₈₀₁ xEMG-6	2,21	UFU ₈₀₁ xEMG-48	12,0
UFU ₈₀₁ xEMG-259	51	UFU ₈₀₁ xEMG-168	2,21	UFU ₈₀₁ xEMG-73	12,0
UFU ₈₀₁ xEMG-28	50	UFU ₈₀₁ xEMG-272	2,20	UFU ₈₀₁ xEMG-92	12,0
UFU ₈₀₁ xEMG-146	50	UFU ₈₀₁ xEMG-19	2,20	UFU ₈₀₁ xEMG-91	11,9
UFU ₈₀₁ xEMG-92	49	UFU ₈₀₁ xEMG-73	2,20	UFU ₈₀₁ xEMG-140	11,8
UFU ₈₀₁ xEMG-258	49	UFU ₈₀₁ xEMG-199	2,19	UFU ₈₀₁ xEMG-234	11,8
UFU ₈₀₁ xEMG-74	48	UFU ₈₀₁ xEMG-26	2,18	UFU ₈₀₁ xEMG-184	11,7
UFU ₈₀₁ xEMG-134	48	UFU ₈₀₁ xEMG-238	2,18	UFU ₈₀₁ xEMG-272	11,7
UFU ₈₀₁ xEMG-266	48	UFU ₈₀₁ xEMG-27	2,17	UFU ₈₀₁ xEMG-28	11,6
UFU ₈₀₁ xEMG-275	48	UFU ₈₀₁ xEMG-102	2,17	UFU ₈₀₁ xEMG-75	11,5
UFU ₈₀₁ xEMG-120	47	UFU ₈₀₁ xEMG-211	2,17	UFU ₈₀₁ xEMG-251	11,5
UFU ₈₀₁ xEMG-130	47	UFU ₈₀₁ xEMG-109	2,16	UFU ₈₀₁ xEMG-258	11,4
UFU ₈₀₁ xEMG-184	47	UFU ₈₀₁ xEMG-212	2,16	UFU ₈₀₁ xEMG-150	11,1

POPULAÇÃO TMG 801 x EMGOPA 316 – Continuação – Tabela 9					
NTV		NSV		PROD (g)	
G	VF	G	VF	G	VF
UFU ₈₀₁ xEMG-219	47	UFU ₈₀₁ xEMG-243	2,16	UFU ₈₀₁ xEMG-158	11,1
UFU ₈₀₁ xEMG-238	47	UFU ₈₀₁ xEMG-91	2,16	UFU ₈₀₁ xEMG-222	11,1
UFU ₈₀₁ xEMG-251	47	UFU ₈₀₁ xEMG-150	2,15	UFU ₈₀₁ xEMG-274	11,1
UFU ₈₀₁ xEMG-272	47	UFU ₈₀₁ xEMG-180	2,14	UFU ₈₀₁ xEMG-242	10,9
UFU ₈₀₁ xEMG-48	46	UFU ₈₀₁ xEMG-97	2,14	UFU ₈₀₁ xEMG-211	10,8
UFU ₈₀₁ xEMG-132	46	UFU ₈₀₁ xEMG-251	2,13	UFU ₈₀₁ xEMG-49	10,7
UFU ₈₀₁ xEMG-72	46	UFU ₈₀₁ xEMG-195	2,13	UFU ₈₀₁ xEMG-51	10,6
UFU ₈₀₁ xEMG-73	46	UFU ₈₀₁ xEMG-203	2,13	UFU ₈₀₁ xEMG-132	10,4

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturidade; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós na maturidade; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g); G: genótipo selecionado; VF: Valor fenotípico dos caracteres agrônômicos.

Foram selecionados 56 indivíduos que apresentaram o melhor desempenho agrônômico de acordo com os caracteres analisados, levando-se em conta valores mais expressivos para as plantas mais produtivas.

A seleção para caracteres relacionados ao ciclo possui a finalidade de encontrar genótipos mais precoces em campo. Sendo assim, indivíduos com menores valores de NDF e NDM foram selecionados. Os genótipos selecionados para NDF tiveram ciclo entre 34 a 42 dias para o florescimento, já os genótipos selecionados para NDM tiveram entre 116 e 119 dias para atingir a maturidade, como pode ser observado na Tabela 9.

Para a seleção do restante dos caracteres, foram selecionados os genótipos com maiores valores fenotípicos. De acordo com a Tabela 9, os caracteres APF e APM apresentaram genótipos selecionados com alturas entre 31 e 49cm, e 50,5 e 90,5cm, respectivamente. Para essas variáveis, boa parte dos indivíduos selecionados exibiram altura dentro do definido como adequados por Sedyama; Silva; Borém (2015), de 60 a 100 cm para soja. As avaliações realizadas no período do florescimento tornou possível selecionar plantas que atingiram maior altura e que possuíam maior número de nós. A época de semeadura, fertilidade, nível de umidade do solo e tipo de crescimento, dentre outras condições do ambiente, são fatores que influenciam fortemente na altura das plantas (PITOL; BROCH, 2012; GUIMARÃES, et al., 2008).

Os genótipos selecionados para NNT superaram os 18 nós totais, considerados ideais para uma planta com alta produção, apresentando valores entre 18 e 30 nós atingidos na maturidade (Tabela 9). Foi possível observar também os indivíduos selecionados para o caractere NNP, com valores entre 15

a 27 nós produtivos; e NTV e NSV, com valores de genótipos selecionados entre 46 e 96, e 2,13 a 2,81, respectivamente.

O NTV numa planta de soja depende da época de semeadura, que se realizadas após o período adequado, pode gerar menor altura de planta, menor número de nós e, por consequência, redução da quantidade de vagens por planta (OLIVEIRA, 2010). O caráter NSV é um componente considerável em relação à produtividade da planta, auxiliando na seleção de indivíduos superiores aos genitores.

A produção de grãos é considerada o principal caráter de interesse para programas de melhoramento genético. Observando a Tabela 9, notou-se que os indivíduos selecionados para produção de grãos apresentaram valores fenotípicos oscilando entre 10,4 e 24,6g, resultados que são similares aos encontrados por Muniz et al., (2007).

4.2. Herdabilidade, correlações e ganho de seleção em progênies F_{2:3} E RCF₂

A condição fundamental para viabilidade do processo seletivo é a existência de variância genética, a qual foi constatada para o ciclo vegetativo, ciclo total e produção de grãos de soja, em razão da significância do teste F (Tabela 10). Os três caracteres analisados são alvos de melhoramento de soja, especialmente o ciclo total, cujo mercado tem exigido cultivares mais precoces aliado ao elevado potencial produtivo.

Tabela 10 - Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos para ciclo vegetativo, ciclo total e produção de grãos em 60 progênies e duas cultivares de soja, no município de Uberlândia – MG, safra 2018/19, Uberlândia, 2019.

Caracteres	QMG	CV (%)	H ² (%)	CVg/CVe
NDF	14,80**	5,77	47,56	0,67
NDM	78,67*	5,70	42,34	0,61
PROD	2603,74**	33,32	81,32	1,48

NDF: ciclo vegetativo, que compreende o número de dias da emergência até o florescimento; NDM: ciclo total, que compreende o número de dias da emergência até a maturidade; H²: herdabilidade no sentido amplo; CV: coeficiente de variação geral; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação experimental; ** e * significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Constatou-se que o coeficiente de variação experimental oscilou de 5,77% a 33,32%, respectivamente para NDF e PROD (Tabela 10), indicando um alto desvio padrão e provável heterogeneidade do material analisado. Estimativas de coeficiente de variação mais elevado para produção de grãos, também foi verificado por Volpato et al. (2019) na avaliação de progênie F_{2:4} de soja. Cabe ainda comentar, que os coeficientes mais elevado neste estudo, ainda aproxima-se de valores considerados adequados para experimentos de campo, assim como no estudo de Bernardes (2019), que encontrou valores de coeficiente de variação para NDF e PROD em população segregante de F₃ semelhantes ao presente trabalho.

Estimativa de herdabilidade de alta magnitude, isto é, superior a 70% e a razão CV_g/CV_e superior à unidade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012) demonstraram também situação favorável à seleção de progênies de soja para a produção de grãos (Tabela 10). Possivelmente, as estimativas mais baixas para ciclo vegetativo e total ocorreram pela origem das progênies analisadas, as quais foram oriundas de dois parentais de ciclos semelhantes.

O número de dias para o florescimento e maturidade oscilaram respectivamente de 43 a 55 e 107 a 130, cujas médias de ambos caracteres constituíram dois grupos (Tabela 11). Constatou-se predominância de progênies de ciclos mais longos, não obstante, quatro progênies tiveram ciclo total inferior a 110 dias, indicando ainda assim a possibilidade de seleção de genótipos mais precoces, que é atualmente uma demanda do produtor de soja, visando a sucessão de culturas e exploração de soja no verão e milho em safrinha (MEOTTI et al., 2012).

A média de produção de grãos dos genótipos avaliados variou de 25,25g a 173,3g, distribuídas em dois grupos (Tabela 11) indicando a potencialidade de identificação de progênies superiores para o caráter em questão. Notou-se que cerca de 29% de genótipos constituíram o grupos de maiores médias, o qual incluiu o genitor TMG 801.

Tabela 11 - Médias do número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM) e produção de grãos (PROD) de 62 genótipos de soja, avaliados em Uberlândia-MG, safra 2018/2019, Uberlândia, 2019.

Código	Genótipos	NDF	NDM	PROD
1	UFUS801X316-160	45,50 b	120,00 a	118,60 a
2	UFUS801X316-202	46,50 b	119,50 a	124,55 a
3	UFUS801X316-208	44,50 b	113,00 b	100,35 a
4	UFUS801X316-238	45,00 b	113,00 b	49,40 b
5	UFUS801X316-240	44,00 b	111,00 b	31,80 b
6	UFUS801X316-282	46,00 b	121,50 a	58,65 b
7	UFUS801X316-283	46,00 b	113,50 b	94,65 a
8	UFUS801X316-288	45,50 b	120,50 a	38,30 b
9	UFUS801X316-293	51,50 a	121,50 a	43,25 b
10	UFUS801X316-296	45,50 b	118,50 a	53,35 b
11	UFUS801X316-308	44,50 b	108,00 b	130,55 a
12	UFUS801X316-321	45,00 b	118,50 a	60,90 b
13	UFUS801X316-323	54,00 a	130,00 a	41,60 b
14	UFUS801X316-327	46,00 b	111,00 b	37,00 b
15	UFUS801X316-360	46,00 b	113,00 b	113,85 a
16	UFUS801X316-370	44,00 b	114,50 b	135,45 a
17	UFUS801X316-384	44,00 b	113,00 b	25,25 b
18	UFUS801X316-395	47,00 b	113,00 b	120,55 a
19	UFUS801X316-407	48,00 a	121,00 a	64,05 b
20	UFUS801X316-409	49,50 a	121,00 a	96,15 a
21	UFUS801X316-420	50,00 a	120,50 a	39,05 b
22	UFUS801X316-421	49,00 a	114,00 b	120,15 a
23	UFUS801X316-424	50,00 a	114,50 b	57,75 b
24	UFUS801X316-429	49,00 a	120,00 a	56,90 b
25	UFUS801X316-435	48,50 a	123,50 a	61,30 b
26	UFUS801X316-437	49,00 a	114,50 b	137,35 a
27	UFUS801X316-439	50,50 a	120,50 a	35,85 b
28	UFUS801X316-443	50,50 a	122,50 a	54,60 b
29	UFUS801X316-445	49,50 a	120,00 a	69,05 b
30	UFUS801X316-448	55,00 a	129,00 a	42,90 b
31	UFUS801X316-451	49,00 a	112,00 b	36,25 b
32	UFUS801X316-452	48,50 a	108,00 b	39,20 b
33	UFUS801X316-454	48,50 a	130,00 a	61,50 b
34	UFUS801X316-459	50,50 a	113,50 b	48,80 b
35	UFUS801X316-462	50,00 a	121,50 a	63,05 b
36	UFUS801X316-468	50,00 a	120,50 a	49,95 b
37	UFUS801X316-472	50,50 a	130,00 a	47,80 b
38	UFUS801X316-480	50,00 a	120,50 a	45,15 b
39	UFUS801X316-481	49,00 a	119,50 a	37,25 b
40	TMG 801	50,00 a	121,00 a	99,50 a

Continuação – Tabela 11

Código	Genótipos	NDF	NDM	PROD
41	EMGOPA 316	50,00 a	122,00 a	79,00 b
42	UFUS801X316-RC1-1	49,50 a	127,00 a	134,70 a
43	UFUS801X316-RC1-5	53,50 a	130,00 a	40,75 b
44	UFUS801X316-RC1-6	45,00 b	113,00 b	82,30 a
45	UFUS801X316-RC1-7	52,00 a	129,00 a	36,90 b
46	UFUS801X316-RC1-8	43,00 b	112,00 b	34,45 b
47	UFUS801X316-RC1-9	48,50 a	113,00 b	39,10 b
48	UFUS801X316-RC2-1	45,00 b	111,00 b	116,15 a
49	UFUS801X316-RC2-3	46,00 b	111,00 b	101,65 a
50	UFUS801X316-RC2-5	45,00 b	111,00 b	173,30 a
51	UFUS801X316-RC2-7	44,00 b	107,00 b	102,45 a
52	UFUS801X316-RC2-9	50,00 a	112,00 b	52,25 b
53	UFUS801X316-RC2-10	48,50 a	109,00 b	61,90 b
54	UFUS801X316-RC2-11	50,00 a	122,50 a	29,10 b
55	UFUS801X316-RC2-12	50,00 a	119,50 a	37,85 b
56	UFUS801X316-RC2-13	49,50 a	113,00 b	34,25 b
57	UFUS801X316-RC2-14	51,00 a	115,00 b	25,65 b
58	UFUS801X316-RC2-15	50,50 a	115,00 b	42,70 b
59	UFUS801X316-RC2-16	50,50 a	128,00 a	27,60 b
60	UFUS801X316-RC2-17	49,50 a	121,00 a	36,90 b
61	UFUS801X316-RC2-18	50,00 a	120,00 a	36,35 b
62	UFUS801X316-RC2-19	50,50 a	129,00 a	36,75 b

Médias com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo, ao nível de 5% de significância.

Visando analisar as relações entre os caracteres analisados nos genótipos, estimaram-se as correlações fenotípicas e genotípicas, cujas estimativas constam na Tabela 12. Para sua interpretação, analisam-se as magnitudes, direções e significância (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), no qual constatou-se correlações relevantes para NDF e NDM, que foram as mais elevadas e de mesma direção, concordando com resultados obtidos por Nogueira et al. (2012) que encontraram altas correlações para os mesmos caracteres em estudos com 90 genótipos de soja.

Embora seja considerado que uma correlação é de alta magnitude quando assume-se valores iguais ou superiores a 0,7, é comum entre melhoristas admitir-se correlações relevantes quando estas assumem valores iguais ou superiores a 0,5 (LOPES et al., 2002). Neste sentido, observou-se que a correlação genotípica entre NDM e PROD foi negativa e 0,51 (Tabela 12)

evidenciando uma possível viabilidade de selecionar genótipos produtivos e também com ciclos totais inferiores. Correlação significativa e negativa entre número de dias para maturidade e produtividade de grãos, também foi observado por Bisinotto et al. (2017) em estudos com 35 genótipos de soja em Uberlândia-MG.

Tabela 12 - Correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres relacionados a ciclo e produção de grãos em soja, Uberlândia-MG, safra 2018/19, Uberlândia, 2019.

Pares de caracteres	Correlação fenotípica
NDF x NDM	0,64**
NDF x PROD	-0,41**
NDM X PROD	-0,29*
Correlação genotípica	
NDF x NDM	1,00++
NDF x PROD	-0,51+
NDM X PROD	-0,29 ^{ns}

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; PROD: produção de grãos. ** significativo ao nível de 1% e 5% pelo teste t. ns: não significativo; ++ e + significativos pelo teste bootstrap com 5 mil simulações.

Visando a seleção de progênes superiores e de acordo com objetivos almejados no melhoramento de soja, praticou-se seleção no sentido de decréscimo para ciclo vegetativo e total e acréscimo para produção de grãos, cujos ganhos de seleção estão apresentados na Tabela 13. As maiores estimativas de ganhos diretos e indiretos foram para a produção de grãos, corroborando com resultados obtidos por Bizari et al. (2017), que constataram ganhos de seleção superiores para produção de grãos em comparação aos ganhos obtidos para número de dias para maturidade, na análise de 386 progênes segregantes de soja.

Tabela 13 - Estimativas de ganho de seleção, pela seleção direta para três caracteres, considerando cada caráter como principal, em progênes de soja, avaliadas em Uberlândia-MG, safra 2018/19, Uberlândia, 2019.

Caracteres	Ganhos de seleção (%)		
	NDF	NDM	PROD
NDF	-3,69	-1,73	23,93
NDM	-2,36	-2,66	12,29
PROD	-2,18	-1,45	70,47

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; PROD: produção de grãos; negrito na diagonal indicam ganho de seleção direta, e os demais ganhos pela seleção indireta.

Durante o processo seletivo, almeja-se melhorar mais de um caráter simultaneamente e, nesta perspectiva adotar estratégias de seleção que permitem atingir ganhos mais relevantes em maior número de caracteres torna-se fundamental. Neste aspecto, os índices de seleção agregam as informações de vários caracteres e permitem realizar a seleção com eficiência, viabilizando a possibilidade de sucesso de um programa de melhoramento (VIANNA et al., 2013; LEITE et al., 2016).

Neste estudo, estimaram-se os ganhos de seleção a partir dos índices de Mulamba e Mock (1978) e pelo índice distância ideótipo, cujas estimativas estão apresentados na Tabela 14. Observou-se que os acréscimos nos ganhos de seleção para os caracteres de ciclo foram nulos ou de baixa magnitude e inferiores a 1% (Tabela 14) comparativamente aos ganhos de seleção indireto quando praticou-se seleção direta para produção de grãos (Tabela 13). Nesse contexto, com poucos caracteres, o uso de índice não promoveu o impacto esperado com seu uso, logo, o ideal é a inclusão de outros caracteres importante no melhoramento de soja, como a altura de plantas, componentes de produtividade.

Bárbaro et al. (2007), analisando estratégias de seleção no melhoramento de populações F₅ de soja, observaram que a seleção direta promoveu maior ganho individual para um caráter, porém os índices de seleção apresentaram maiores ganhos totais, o que diferencia do presente estudo por não apresentar os ganhos esperados baseando-se no mesmo critério utilizado.

Tabela 14 - Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para três caracteres pela seleção pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo para 60 progênies de soja, no município de Uberlândia – MG, safra 2018/19, Uberlândia, 2019.

Caracteres	GS (%) ¹	
	Mulamba & Mock (1978)	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-1,96	-2,71
NDM	-2,71	-1,82
PROD	57,02	63,64
Total	49,56	59,38

GS: ganho de seleção; NDF: Número de dias para florescimento, NDM: número de dias para maturidade, PROD: produção de grãos; ¹ Sentido favorável de seleção negativo para NDF e NDM, e positivo para PROD.

As progênies de soja indicadas como superiores pelos índices constam na Tabela 15. Constatou-se semelhança de 93,33% na identificação das progênies superiores entre ambos os índices, distinguindo apenas pelas progênies UFUS801X316-RC2-10 e UFUS801X316-437 que foram selecionadas respectivamente pelo índice de Mulamba e Mock (1978) e índice distância-ideótipo respectivamente.

Tabela 15 - Progênies selecionadas pelos índice de Mulamba e Mock (1978) e pelo índice distância-ideótipo, Uberlândia, 2019.

Código	Genótipos	NDF (dias)	NDM (dias)	PROD (g)
1	UFUS801X316-160	45,50 b	120,00 a	118,60 a
2	UFUS801X316-202	46,50 b	119,50 a	124,55 a
3	UFUS801X316-208	44,50 b	113,00 b	100,35 a
7	UFUS801X316-283	46,00 b	113,50 b	94,65 a
11	UFUS801X316-308	44,50 b	108,00 b	130,55 a
15	UFUS801X316-360	46,00 b	113,00 b	113,85 a
16	UFUS801X316-370	44,00 b	114,50 b	135,45 a
18	UFUS801X316-395	47,00 b	113,00 b	120,55 a
26 ⁺	UFUS801X316-437	49,00 a	114,50 b	137,35 a
44	UFUS801X316-RC1-6	45,00 b	113,00 b	82,30 a
48	UFUS801X316-RC2-1	45,00 b	111,00 b	116,15 a
49	UFUS801X316-RC2-3	46,00 b	111,00 b	101,65 a
50	UFUS801X316-RC2-5	45,00 b	111,00 b	173,30 a
51	UFUS801X316-RC2-7	44,00 b	107,00 b	102,45 a
53 ⁺⁺	UFUS801X316-RC2-10	48,50 a	109,00 b	61,90 b

+ : progênie selecionada apenas no índice distância ideótipo; ++: progênie selecionada apenas no índice Mulamba e Mock (1978).

Para dar continuidade ao programa, a seleção indireta é um método mais completo e que avalia um maior número de variáveis, sendo então mais pertinente quando comparado à seleção direta.

5. CONCLUSÃO

Os caracteres agronômicos na população F₂, NDF, NDM e NNT obtiveram os maiores valores de herdabilidade, sendo estes de 90,73%, 99,07% e 76,60%, respectivamente, o que favorece as estimativa de ciclos mais curtos para ganho de seleção.

Caracteres como APM e NNP na população F₂ apresentaram estimativas

de herdabilidade com valores superiores a 50% nos caracteres, o que provavelmente sugere genótipos com altura favorável para seleção.

A produção de grãos, principal caráter para estimativas de ganho de seleção, da população F₂ alcançou valores positivos de 46,31% no ganho de seleção, demonstrando ser favorável para seleção de genótipos superiores.

As herdabilidades para ciclo vegetativo e total em progênies segregantes de soja provenientes dos genitores TMG 801 e EMGOPA 316 foram de baixa magnitude, o que indica um desempenho associado ao ambiente às progênies.

A herdabilidade para produção de grãos em progênies segregante de soja provenientes dos genitores TMG 801 e Emgopa 316 foi de 81,32% favorecendo elevadas estimativas de ganho de seleção.

O uso dos índices de seleção de Mulamba e Mock (1978) e o de distância ideótipo, considerando ciclo vegetativo, total e produção de grãos, conseguiram identificar as progênies segregantes de soja de forma similar.

As progênies UFUS801X316-370, UFUS801X316-437 e UFUS801X316-RC2-5 destacaram-se pela maior produção de grãos e ciclo semiprecoce, sendo recomendadas para avanço de gerações e novas avaliações de desempenho.

6. REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, R.D., PELUZIO, J.M., AFFERRI, F.S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal** 26: 95-99. 2010.
- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; & COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias (Journal of Agroveterinary Sciences)**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BÁRBARO, I.M., Centurion, M.A.P.C., Mauro, A.O., Unêda-Trevisoli, S.H., Costa, M.M. Comparação de estratégia de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres** 54: 250-261. 2007.
- BARBOSA, M. C.; BRACCINI, A. L.; SCAPIM, C. A.; PAIOLA, L. A., PICCININ, G. G.; ZUCARELI, C. Desempenho agrônômico e componentes da produção de cultivares de soja em duas épocas de semeadura no arenito caiuí. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 34, n. 3, 2013. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n3p945-960>
- BARONA, M. A. A. et al. Epistasia para a produção de grãos em soja. **Bragantia**. vol.68 no.2 Campinas. 2009. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052009000200004>
- BESPALHOK, J. C.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de Plantas. Disponível em: < www.bespa.agrarias.ufpr.br/conteudo (2007) >.
- BESPALHOK, J. C. F.; GUERRA, E. P.; OLIVEIRA, R. A. cap. 5. Noções de genética quantitativa. 2010. Disponível em: < <http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/paginas/livro/capitulo%205.pdf> >. Acesso em: 09/07/2019.
- CÂMARA, G. M. S. Preparo do solo e plantio. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 66-109p.
- CARVALHO, N. M.; NAKAGAWA, J. **Sementes: ciência, tecnologia e produção**. 5. ed. Jaboticabal: FUNEP, 590 p. 2012.
- CAVASSIM, J. E. **Classificação em grupos de maturidade relativa para a soja comparando metodologias de estabilidade**. Tese (Doutorado em Agronomia). Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2014.
- CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos**. v. 6 - Safra 2018/19 - Nono levantamento, Companhia nacional de abastecimento (CONAB). Brasília, p. 1-113 junho 2019. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos> > Acesso em: 02/06/2019.

CRUSCIOL, C. A. C. et al. Produção e qualidade fisiológica de sementes de soja avaliadas na semeadura de inverno. **Scientia Agricola**. Piracicaba, Braz. vol.59 no.1 Piracicaba Jan/Mar. 2002. <https://doi.org/10.1590/S0103-90162002000100012>

CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, 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, 514 p. 2012.

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

FARIA, L. C. et al. **Descrição da cultivar de soja Emgopa-316** (Rio Verde). In: Congresso Brasileiro de soja, 1999, Londrina. Anais. Londrina: Embrapa Soja, p. 494.1999. Disponível em: <<https://www.bdpa.cnptia.embrapa.br/consulta/busca?b=ad&id=460812&biblioteca=CNPSO&busca=autoria:%22M.%22&qFacets=autoria:%22M.%22&sort=&paginaacao=t&paginaAtual=265>>. Acesso em: 02/06/2019.

FERRARI, E.; DA PAZ, A.; DA SILVA, A. C. Déficit hídrico no metabolismo da soja em semeaduras antecipadas no Mato Grosso. **Nativa**, v. 03, n. 01, p. 67-77, 2015. <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n01a12>

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977.

GUIMARÃES, F.S.; REZENDE, P.M.; CASTRO, E.M.; CARVALHO, E.A; ANDRADE, M.J.B.; E CARVALHO, E.R. (2008) - Cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] para cultivo de verão na região de Lavras-MG. **Ciência e Agrotecnologia**, vol. 32, n. 4, p. 1099-1106. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542008000400010>

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** 3: 76-83. 2012.

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** 1: 43-47. 2010.

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **Evolução e Perspectivas de Desempenho Econômico Associadas com a Produção de Soja nos Contextos Mundial e Brasileiro**. 2011 Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/download/Doc319_3ED.pdf>. Acesso em 30/05/2019.

KELESKI, A. et al. Análise da viabilidade econômica da cultura da soja na região de Campo Mourão/pr, safra 2013/14. Campo Digit@l: **Rev. Ciências Exatas e da Terra e Ciências Agrárias**, v. 13, n. 1, p.09-18, jul./dez., 2018.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. Klimate der Erde. Gotha: Verlag Justus Perthes. 1928

LEITE, W. SOUSA de. et al. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**. Vol. 7, N^o. 3, 2016, págs. 302-310. 2016. Doi.org/10.14295/CS.v7i3.1176.

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

MATSUO, É. et al. Hibridação. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenaz, 2015, p. 57-72.

MUNDSTOCK, C. M. & THOMAS, A. L. **SOJA: Fatores que afetam o crescimento e o rendimento de grãos**. Universidade Federal do Rio Grande do Sul. Porto Alegre. 2005.

MUNIZ, F. R. S., et al. Seleção indireta e estudo genético entre gerações de cruzamentos biparentais em soja. **Revista Ceres**, 2007.

NOGUEIRA, A.P.O., Sedyama, T., Sousa, L.B., Hamawaki, O.T., Cruz, C.D., Pereira, D.G., Matsuo, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal** 28: 877-888. 2021.

NOGUEIRA, A.P.O. **Análise discriminante na caracterização de novos descritores em soja [*Glycine max* (L.) Merrill]**. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento). Universidade Federal de Viçosa. Viçosa. 2007.

ODA, M.C. et al. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015. <https://doi.org/10.33158/ASB.2015v1i1p1>

OLIVEIRA, S. S. C. et al. Seleção de progênies de nabo forrageiro para germinação sob altas temperaturas. **Ciência Rural**, v. 44, n. 2, p. 217-222, 2014. doi.org/10.1590/S0103-84782014000200004.

OLIVEIRA, A. B. **Fenologia, desenvolvimento e produtividade de cultivares de soja em função de épocas de sementeira e densidades de plantas**. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 78 p. 2010.

PITOL, C.; BROCH, D.L. Soja: Lavoura mais produtiva e Tolerante à Seca. Boletim técnico. **Fundação MS**, vol. 6, n. 1, p. 140-146, 2012.

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.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In:SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A(Ed). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa:UFV. 2015. p. 149-67.

SILVA-LOBO, V.L., GIORDANO, L.B. & LOPES, C.A. **Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro**. Fitopatologia Brasileira 30:343-349. 2005.

TECNOLOGIAS de produção de soja: Região central do Brasil, 2013 e 2014. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p. (EMBRAPA SOJA, Sistemas de Produção, 16).

TECNOLOGIAS de produção de soja: Região central do Brasil, 2012 e 2013. Londrina: Embrapa Soja, 2011.264 p. (EMBRAPA SOJA, Sistemas de Produção, 15).

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**, v. 16, n. 3, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

TEÓFILO, E. M.; DUTRA, A. S.; DIAS, F. T. C. Potencial fisiológico de sementes de soja produzidas no Estado do Ceará. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 38, p. 401-406, 2007.

TODESCHINI, Matheus Henrique. Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agronômicos. 2018. 49 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 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>

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**, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>

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/10.1590/S0034-737X2010000200011>

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

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>