



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

**ANÁLISE DE GERAÇÕES E SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES PARA
PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA**

Aluna: Bruna Alves Mundim Borges

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

UBERLÂNDIA - MG

2019



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA**

**ANÁLISE DE GERAÇÕES E SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES PARA
PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA**

Aluna: Bruna Alves Mundim Borges

Orientadora: 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 (Área Genética)**

UBERLÂNDIA - MG

2019

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

B732 Borges, Bruna Alves Mundim, 1994-
2019 ANÁLISE DE GERAÇÕES E SELEÇÃO DE
PROGÊNIES SUPERIORES PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS EM
SOJA
[recurso eletrônico] / Bruna Alves Mundim Borges. - 2019.

Orientadora: 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.2019.2099>
Incluibibliograf
ia. Inclui
ilustrações.

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



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

ATA DE DEFESA

Programa de Pós-Graduação ou Curso de Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico - PPGGB				
Data:	Vinte e cinco de julho de 2019	Hora de início:	10:40h	Hora de encerramento:	11:20h
Matrícula do Discente:	11722GBI002				
Nome do Discente:	Bruna Alves Mundim Borges				
Título do Trabalho:	Análise de gerações e seleção de progênes superiores para produção de grãos em soja.				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento de cultivares 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), Osvaldo Toshiyuki Hamawaki e Mauro Sérgio de Oliveira Leite. 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 12:09, 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 **1453417** e o código CRC **DF917701**.

Referência: Processo nº 23117.070225/2019-30

SEI nº 1453417



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

**ANÁLISE DE GERAÇÕES E SELEÇÃO DE PROGÊNIES SUPERIORES PARA
PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA**

Aluna: Bruna Alves Mundim Borges

COMISSÃO EXAMINADORA

Presidente: Prof^ª. Dr^ª. Ana Paula Oliveira Nogueira (orientadora) - UFU

Examinadores: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU
Mauro Sergio de Oliveira Leite - Bayer Brasil

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

À todos que me estenderam as mãos durante essa jornada, em especial aos meus pais Jurandir e Alessandra, que sempre estiveram ao meu lado me presenteando com apoio incondicional,

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço à **Deus** e à **Nossa Senhora** por me manterem firme nos meus propósitos e se mostrarem presentes em toda essa jornada, me enchendo de força e fé.

Agradeço ainda, pelo imenso apoio que recebi de toda a minha família. Em especial ao meu pai **Jurandir Gonçalves Borges** por viver intensamente esse mestrado ao meu lado e por não medir esforços para facilitar meu dia-a-dia. À minha mãe **Alessandra Alves Mundim Borges** que me encorajou em todo o meu percurso e me protegeu com seu amor e carinho incondicional. Ao meu irmão **Matheus Alves Mundim Borges** por estar ao meu lado, sempre me alegrando e me tornando uma pessoa melhor.

Obrigada também à minha avó **Cirlene Silva Mundim** e à minha madrinha **Alcione Silva Mundim** que dedicaram seu tempo e suas orações a mim.

Agradeço ao meu namorado **Artur Henrique Cabral** que me ajudou a trilhar esse caminho com muito amor e me encheu de forças para, finalmente, concluir essa etapa.

Umobrigada especial para todos os **integrantes do Programa de Melhoramento de Soja** da Universidade Federal de Uberlândia que estiveram presentes nesses dois anos permitindo que todo o trabalho fosse concluído.

Aos **meus amigos** que me apoiaram e me ajudaram, agradeço com muito amor.

Por fim, agradeço à **Ana Paula Oliveira Nogueira** por me transmitir tantos ensinamentos e por ser um exemplo de pessoa e profissional para mim.

Obrigada a todos!

SUMÁRIO

1)	INTRODUÇÃO.....	5
2)	OBJETIVOS.....	6
2.1.	Objetivos Gerais.....	6
2.2.	Objetivos Específicos.....	6
3)	REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO.....	7
3.1.	Importância econômica da cultura da soja.....	7
3.2.	Aspectos botânicos e morfológicos da soja.....	8
3.3.	Melhoramento genético da soja.....	9
3.4.	Parâmetros genéticos.....	10
3.5.	Seleção de genótipos superiores.....	11
4)	MATERIAL E MÉTODOS.....	13
4.1.	Instalação dos experimentos.....	13
4.2.	Seleção dos genitores.....	13
4.3.	Obtenção dos híbridos e da população F₁.....	14
4.4.	Condução das populações F₂, RC₁ e RC₂ com seus respectivos genitores (TMG 801 e BMX Desafio RR).....	15
4.5.	Condução das progênes F₃, retrocruzamentos e genitores.....	17
4.6.	Análise genético-estatística da população F₂.....	20
4.7.	Análises estatísticas das progênes F₃ e de retrocruzamento.....	22
5)	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	25
5.1.	Parâmetros genéticos e ganho de seleção em população F₂ e de retrocruzamento.....	25
5.2.	Parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênie F₃.....	35
6)	CONCLUSÕES.....	40
7)	REFERÊNCIAS.....	42

APOIO

Este trabalho foi conduzido na Fazenda Experimental Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (Uberlândia - Minas Gerais, Brasil), com os seguintes apoios:

- Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior (CAPES);
- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq);
- Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG);
- Universidade Federal de Uberlândia (UFU);
- Programa de Melhoramento de Soja (UFU);
- Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental da UFU (CLIMA);
- Laboratório de Análises de Solo da UFU (LABAS).

RESUMO

Os programas de melhoramento genético buscam o constantemente desenvolvimento de cultivares com alto potencial produtivo e que agreguem caracteres agronômicos favoráveis. Neste aspecto, estimativas de parâmetros genéticos como os obtidos em análises de gerações e estimativas de ganho de seleção, permitem melhor orientação dos programas de melhoramento. Neste contexto, objetivou-se neste trabalho, analisar parâmetros genéticos e estatísticos e selecionar genótipos superiores que apresentem ciclo mais curto e maior produção de grãos. O presente estudo foi realizado na fazenda experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, e foi subdividido em dois experimentos nos quais foram avaliados caracteres agronômicos e a produção de grãos para população segregante F_2 e os retrocruzamentos oriundos dos genitores BMX Desafio RR e TMG 801. A condução de uma população F_2 , com seus respectivos genitores e retrocruzamentos, foi realizada em campo, com plantio em cova. A partir dos dados obtidos, foi possível estimar parâmetros genéticos que indicaram variabilidade para F_2 , RC_1 e RC_2 . Além disso, ganhos genéticos foram obtidos para a maioria dos caracteres analisados, com destaque para número de dias para maturação (NDM) com - 16,16% e produção de grãos (PROD) com 154,27%. Os genótipos superiores quanto a produção de grãos foram selecionados para gerar a população F_3 . O segundo experimento foi realizado em campo no município de Uberlândia, MG na safra 2018/2019, onde foram avaliadas 70 progênies F_3 de soja com as testemunhas TMG 801 e BMX Desafio RR. O delineamento utilizado foi o de blocos completos casualizados com duas repetições nos quais foram determinados os caracteres agronômicos e a produção de grãos. Constatou-se existência de variância genética para os caracteres NDM, NDR e PROD entre as progênies F_3 ao nível de 1% pelo Teste F. A seleção direta para a produção de grãos nas progênies F_3 proporcionou ganho de seleção estimado em 47,49%. O uso do índice de seleção de Mulamba & Mock (1978) agregando redução ciclo total e incremento na produção de grãos proporcionou ganho de seleção de 38,10% para a produção de grãos. As progênies UFU 9 e UFU 127 foram superiores quanto a produção de grãos e apresentaram ciclos semiprecoce.

Palavras-chave: *Glycine max*, parâmetros genéticos, seleção de genótipos.

ABSTRACT

Genetic improvement programs seek the constant development of cultivars with high productive potential and that add favorable agronomic characteristics. In this respect, estimates of genetic parameters such as those obtained in analyzes of generations and estimates of selection gain, allow better orientation of breeding programs. In this context, the objective of this work was to analyze genetic parameters and to select superior genotypes that present shorter cycle and higher grain yield. The present study was carried out at the Capim Branco experimental farm of the Federal University of Uberlândia, and was subdivided into two experiments where agronomic traits and grain yield for the F₂ segregating population and the backcrosses from the RR and TMG 801 BMX breeders were evaluated. driving an F₂ population, with their respective parents and backcrossing, in the field, with planting in a pit. From the obtained data, it was possible to estimate genetic parameters that indicated variability for F₂, RC₁ and RC₂. In addition, genetic gains were obtained for most of the characters analyzed, with a highlight number of days for maturity (NDM) with - 16.16% and grain yield (PROD) with 154.27%. The superior genotypes for grain yield were selected to generate the F₃ population. The second experiment was carried out in the field of Uberlândia, MG, in the 2018/2019 harvest, where 70 soybean F₃ progenies were evaluated with the TMG 801 and RR Challenge BMX controls. The design was a randomized complete block with two replicates in which the agronomic traits and the grain yield were determined. It was verified the existence of genetic variance for the NDM, NDR and PROD characters between the F₃ progenies at the level and 1% for the Test F. The direct selection for the grain production in the F₃ progenies provided an estimated selection gain of 47.49%. The use of the selection index of Mulamba and Mock (1978), adding total cycle reduction and increase in grain yield provided a selection gain of 38.10% for grain production. The progenies UFU 9 and UFU 127 were superior in grain yield and presented semiprecious cycles.

Key words: *Glycine max*, genetic parameters, genotype selection.

1) INTRODUÇÃO

A soja é uma das principais culturas cultivadas no Brasil e no mundo, devido, principalmente, ao seu potencial de gerar vários produtos de importância econômica, como ração animal, óleos e farinhas, biocombustível e alimentos para a população humana (COSTA; SANTANA, 2013).

O Brasil é o segundo maior produtor mundial da oleaginosa e de acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), sua produtividade na safra de 2018/19 foi de 3206 kg ha⁻¹. Além disso, é o país que mais exporta soja no mundo, sendo previsto um total de 75 milhões de toneladas para a mesma safra.

O investimento em pesquisas e a crescente contribuição dos programas de melhoramento com o lançamento de novas cultivares é um dos fatores que têm contribuído para alavancar a produção (SEAB, 2012).

O melhoramento genético da soja, uma planta autógama, é realizado principalmente pelo método de hibridação artificial, seguindo algumas etapas básicas que são: a escolha dos parentais que sejam bons e divergentes, a hibridação desses genitores, obtenção da população segregante e escolha do método de condução e seleção das melhores progênies (SANTOS, 2016).

Após a escolha dos genitores e o cruzamento entre eles, as populações segregantes podem ser conduzidas por diversos métodos. O estudo dos parâmetros genéticos como a herdabilidade e os componentes de variância, permite que o método de condução das populações segregantes seja escolhido de maneira adequada (VASCONCELOS et al., 2012).

Quando a homozigose já está restaurada nos indivíduos estudados, realiza-se, então, a seleção dos genótipos superiores (BACAXIXI et al., 2011). Muitas estratégias são utilizadas pelos melhoristas para esse fim, dentre elas a seleção direta, indireta e a utilização de índices de seleção (BÁRBARO et al., 2007).

Quando a seleção é praticada em determinado caráter, pode acarretar alterações em outros, devido a correlações genéticas, que podem ser ou não de interesse para o melhorista (NOGUEIRA et al., 2012). Uma alternativa para aumentar a eficiência na seleção dos caracteres de baixa herdabilidade é a

seleção indireta (ALMEIDA; PELUZIO e AFFERRI, 2010). Além dessa estratégia, a seleção também pode ser aplicada para um conjunto de caracteres simultaneamente por meio do índice de seleção (REZENDE et al., 2014).

Esse índice consiste em um valor numérico correspondente a um caráter adicional, resultante da combinação de caracteres de importância escolhidos pelo pesquisador (SANTOS, 2016). Uma das maneiras de calcular esse parâmetro, foi desenvolvida por Mulamba & Mock (1978) e consiste na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter (BIZARI, 2014).

Considerando a relevância da sojicultura no Brasil e a demanda por novas cultivares, torna-se essencial o contínuo desenvolvimento de novas populações segregantes e o desenvolvimento de novos genótipos que atendam à demanda do mercado. Nesse aspecto, a seleção de genótipos que agreguem caracteres agronômicos favoráveis, precocidade e alta produção de grãos tem sido alvos nos programas de melhoramento genético de soja.

2) OBJETIVOS

2.1. Objetivos Gerais

Analisar parâmetros genéticos e estatísticos e selecionar genótipos superiores que apresentem ciclo mais curto e maior produção de grãos.

2.2. Objetivos Específicos

Estimar parâmetros genéticos para caracteres agronômicos e produção de grãos em populações F_2 e F_3 de soja.

Analisar ganhos de seleção visando precocidade e produção de grãos em progênies F_3 de soja, por meio de seleção direta e pelo índice de Mulamba & Mock.

Identificar progênies F_3 de soja superiores quanto ao ciclo total e produção de grãos.

3) REFERENCIAL BIBLIOGRÁFICO

3.1. Importância econômica da cultura da soja

Um dos setores que mais contribuem para o PIB (Produto Interno Bruto) brasileiro é o setor de agronegócios, que está fortemente presente no país, principalmente pelas condições favoráveis que o país apresenta, como o clima, a disponibilidade de grandes áreas para cultivo e mão de obra abundante e qualificada (RONCON, 2011).

A produção agrícola é um dos principais ramos do agronegócio, sendo a sojicultura, a cafeicultura e a fruticultura as mais significativas para o setor (PACHECO et al., 2012).

A importância da cultura da soja está ligada, principalmente, à diversidade de produtos que o grão pode originar, como óleos, combustíveis biodegradáveis, ração animal, alimento humano e outros (TODESCHINI, 2018).

Devido a essa importância, a demanda da oleaginosa é sempre crescente (HOLTZ et al., 2019), e graças à investimentos em tecnologias e em programas de melhoramento, sua produção foi de 3206 kg ha⁻¹ na safra 2018/19, cerca de 13,6% superior se comparado com a safra de 2006/07, que obteve produção média de 2823 kg ha⁻¹ (CONAB, 2018).

Os Estados que mais contribuíram para a elevada produção da soja no Brasil na safra de 2017/18 foram o Mato Grosso (MT), com 27,2% da produção, o Paraná (PR) com 16,1%, o Rio Grande do Sul (RS) com 14,4% e Goiás (GO), com 9,9%, representando, sozinhos, 67,6% do total do país. O estado de Minas Gerais contribui com 4,6% para a produção nacional, o que equivale a 5,5 milhões de toneladas (IEA: Instituto de Economia Agrícola, 2018).

Além de segundo maior produtor, o Brasil é o país que mais exporta soja no mundo. Na safra de 2018/19, de acordo com a USDA (United States Department of Agriculture), as estimativas previstas é para que 75 milhões de toneladas sejam exportadas, o que corresponde a um aumento de 0,47% em relação à safra anterior.

3.2. Aspectos botânicos e morfológicos da soja

A soja é uma leguminosa pertencente à tribo Phaseoleae, família Fabaceae, gênero *Glycine* e espécie *Glycine max* (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). É uma planta autógama que realiza autofecundação a uma taxa superior à 99%, herbácea e que apresenta ciclo anual (BORÉM, 2009).

A germinação da soja é epígea e seu ciclo de vida varia entre 70 à 200 dias (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015), sendo que as cultivares comerciais brasileiras apresentam ciclo de 100 à 160 dias, podendo ser classificadas de acordo com sua maturação em precoce, semiprecoce, média, semitardia e tardia (BORÉM, 2009).

As raízes da planta de soja são axiais, contendo uma raiz principal de onde surgem raízes secundárias que se originam da radícula do embrião que se desenvolve para baixo e posteriormente se ramifica. Essas raízes são capazes de se aprofundar no solo devido à sua flexibilidade e crescimento geotrópico positivo, permitindo que a planta seja capaz de utilizar água armazenada em grandes profundidades do solo (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

O caule da soja é ereto podendo apresentar diversos tipos de ramificações de acordo com as características de cada cultivar (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Ele cresce à medida que o epicótilo se desenvolve e os internódios começam a surgir nos nós da planta. As folhas emergem dos nós e nas axilas, gemas laterais podem se modificar formando ramificações e inflorescências (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A soja apresenta quatro tipos de folhas durante todo o seu ciclo, as cotiledonares que estão presentes logo no início do desenvolvimento e são responsáveis por nutrir a plântula; as unifolioladas que surgem no nó acima dos cotilédones; as trifolioladas que compõem toda a planta acima da unifoliolada e os prófilos que se encontram na base das ramificações (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

As flores da soja são completas ou perfeitas, apresentando todas as estruturas femininas e masculinas em sua constituição, protegidas pela corola. Elas se desenvolvem nos racemos axilares ou terminais e podem ser de coloração branca ou roxa (BORÉM, 2009).

As vagens, que são os frutos da soja, podem ser constituídas de até 5

sementes, sendo as vagens com 2 ou 3 grãos mais comuns. O crescimento da vagem é interrompido após cerca de 25 dias após a floração, quando as sementes já se desenvolveram totalmente (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). A altura da inserção da primeira vagem está entre 10 a 20cm. Além disso, suas vagens podem apresentar pubescências de coloração cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média e marrom escura e as plantas de soja apresentam resistência à deiscência das vagens (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Tal leguminosa possui hábito de crescimento ereto a prostrado e tipo de crescimento que pode ser determinado, semideterminado ou indeterminado (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

No tipo determinado as plantas possuem inflorescência racemosa terminal e axial e, portanto, ocorre a estagnação ou desaceleração do crescimento vegetativo após o florescimento, sendo comum que as plantas apresentem menor altura e mais ramificações. Já no tipo semideterminado as plantas também apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, mas na floração já possuem quase a altura total, podendo crescer após essa ocasião. As plantas de tipo de crescimento indeterminado possuem inflorescência apenas axial, logo, mesmo após a floração, a gema terminal continua o crescimento, podendo dobrar sua altura (NOGUEIRA, 2011).

3.3. Melhoramento genético da soja

Segundo Borém; Miranda e Neto (2017), a população mundial vai chegar a 9 bilhões de pessoas no ano de 2050, o que acarretará uma necessidade de incremento na produção agrícola de cerca de 60%. Uma das alternativas para atender a essa demanda é o melhoramento genético de plantas que visa um aumento de produtividade ao longo dos anos, bem como um incremento na expansão das fronteiras agrícolas (BACAXIXI, 2011).

De acordo com Bernardo (2010), o melhoramento genético pode ser definido como a arte, ciência e negócio de alteração genética das plantas para benefício do homem. Seu principal objetivo é o lançamento de novas cultivares que possuam características de interesse econômico e que atendam às exigências do mercado consumidor visando também, o aumento da lucratividade aos produtores (BIZARI, 2014).

No processo de melhoramento genético da soja estão envolvidas várias etapas, sendo as principais a escolha de genitores e realização de hibridação artificial; o avanço de gerações e seleção; a avaliação das linhagens, observando as mais produtivas, mais estáveis e mais bem adaptadas aos ambientes avaliados (DINIZ et al., 2014).

Para que o melhoramento seja bem-sucedido, é indispensável que os genitores sejam geneticamente distintos, para gerar uma população com alta variabilidade e facilitar o processo de seleção (BIZARI, 2014). Portanto, no melhoramento da soja por hibridação, a seleção de genitores bons e contrastantes para os caracteres de interesse, é fundamental (SANTOS, 2016).

Após a seleção dos genitores e o cruzamento entre eles, as populações segregantes podem ser conduzidas por diversos métodos, como o método de população, método genealógico e método descendente de uma única semente (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Todos visam restaurar a homozigose da soja e obter linhagens promissoras que serão testadas nos ensaios preliminares, intermediários e finais até que uma linhagem elite seja escolhida para ser lançada no mercado como uma nova cultivar (LEITE, 2016).

3.4. Parâmetros genéticos

Para que o melhoramento seja efetivo, o estudo dos parâmetros genéticos é de grande importância pois permite que o método de condução das populações segregantes seja escolhido de maneira adequada, bem como possibilita a seleção de alguns caracteres nas fases iniciais ou avançadas do processo (VASCONCELOS et al., 2012).

Estimar os parâmetros genéticos como componentes de variância, herdabilidade (H^2) e razão entre coeficiente de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) de uma população segregante permite inferir acerca da variabilidade genética e da possibilidade de ganho genético com a seleção. Isso é, então, usado pelo melhorista para definir as melhores estratégias de seleção para a obtenção de genótipos superiores (CORREA et al., 2012).

Os componentes de variância genotípica, são utilizadas na avaliação da potencialidade genética das populações segregantes, na orientação de esquemas

de seleção e na predição de ganhos a serem obtidos com a seleção (ROCHA, 2018). Quando o componente de variância aditiva está presente, os ganhos obtidos tendem a ser altos (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

A herdabilidade, por sua vez, é um dos parâmetros mais importantes aplicados ao melhoramento e pode ser definida como a estimativa que expressa a proporção da variância fenotípica que é devido às causas genéticas da progênie (SANTOS et al., 2018). Dessa forma, valores altos de H^2 sugerem que métodos de seleção simples podem gerar ganhos genéticos elevados, uma vez que o ambiente apresenta pouca influência (BORÉM; MIRANDA; NETO, 2017).

A razão CVg/CVe pode ser definida como um índice indicativo do grau de eficiência da seleção das progênies superiores para cada caráter (NETO et al., 2012). Quando a razão CVg/CVe for igual ou maior que a unidade, tem-se uma situação favorável à seleção, ou seja, a variação genética é a maior responsável pelas diferenças entre progênies (SANTOS et al., 2018).

3.5. Seleção de genótipos superiores

Muitas estratégias são utilizadas pelos melhoristas para identificar os genótipos superiores em uma população. Algumas consideram primeiramente, o desempenho da família e, posteriormente, a superioridade dos indivíduos dentro da família. Em populações segregantes, a seleção ao nível de família deve ser priorizada, uma vez que facilita a seleção de caracteres de baixa herdabilidade (BÁRBARO et al., 2007).

Quando a seleção é praticada em determinado caráter, pode acarretar alterações em outros, devido a correlações genéticas, que podem ser ou não de interesse para o melhorista (NOGUEIRA et al., 2012). Uma alternativa para aumentar a eficiência na seleção dos caracteres de baixa herdabilidade é a seleção indireta, realizada por intermédio de um caráter de alta herdabilidade e alta correlação genética com o caráter principal (ALMEIDA; PELUZIO e AFFERRI, 2010).

Na cultura da soja, a prática da seleção não é um procedimento fácil porque os caracteres de importância econômica, geralmente são controlados por vários genes e estes, são altamente influenciados pelo ambiente (LEITE et al., 2016). Além disso, não se costuma realizar a seleção baseada em apenas um ou

poucos caracteres, porque isso conduz a um genótipo superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho menos favorável em relação aos outros caracteres (BARBARO et al., 2007).

Para aumentar as chances de êxito em um programa de melhoramento, geralmente a seleção é feita para um conjunto de caracteres (REZENDE et al., 2014). Isso pode ser feito pelo emprego dos índices de seleção, que é um valor numérico que corresponde a um caráter adicional, resultante da combinação de caracteres de importância escolhidos pelo pesquisador, sobre os quais se deseja praticar a seleção simultânea (SANTOS, 2016).

Existem diversos métodos de calcular os índices de seleção, sendo a desenvolvido por Mulamba & Mock (1978) um deles. Essa metodologia consiste na soma de “ranks” para classificar os genótipos em relação a cada caráter (BIZARI, 2014). Após essa classificação, os valores de cada característica são somados para os genótipos, resultando em um valor geral que é o índice de seleção propriamente dito (SANTIAGO, 2014).

Bárbaro (2007) comparou as diferentes estratégias de seleção no melhoramento de população F_5 em soja e concluiu que apesar de o ganho de seleção direto ser promissor, o uso de índices também se mostrou viável uma vez que gera ganhos mais distribuídos em todos os caracteres avaliados, sem prejuízo para o caráter principal. Além disso, ele afirmou que o índice obtido pela soma de “ranks” foi vantajoso ao considerar os ganhos totais.

Costa et al. (2004), ao avaliar 1200 genótipos de soja, obteve as maiores estimativas de ganhos pela seleção direta. Porém, os índices de seleção foram mais adequados para a seleção dos genótipos superiores porque possibilitou maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados.

Bizari et al. (2017) e Rosado et al. (2012), ao compararem diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja e maracujá, respectivamente, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proposto por Mulamba & Mock (1978) proporcionou os ganhos mais favoráveis.

Teixeira (2017) ao estudar 35 linhagens de soja na geração F_7 também concluiu que o índice de Mulamba & Mock (1978), apesar de gerar menores valores de ganho de seleção para produtividade, apresentou maiores valores de ganho de seleção total.

4) MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Instalação dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos em condições casa de vegetação e campo, no Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), que se localiza na Fazenda Experimental Capim Branco na cidade de Uberlândia – Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 18°52'S; 48°20'W.

4.2. Seleção dos genitores

Os genótipos foram selecionados de forma que apresentassem bom desempenho *per si*, fossem contrastantes entre si e tivessem pelo menos um caráter de interesse para o estudo.

Desta forma, as cultivares TMG 801 e BMX Desafio RR desenvolvidas pela Tropical Melhoramento Genético e pela Brasmax Genética, respectivamente, foram escolhidas para compor o bloco de cruzamentos. Suas principais características estão apresentadas na Tabela 1:

Tabela 1: Cultivares selecionadas para compor o bloco de cruzamento e suas características.

CULTIVAR	Instituição de origem	Cor de flor	Prod. Média (SC/ha)	Tipo de crescimento	Ciclo
TMG 801	Tropical Melhoramento Genético	Roxa	68,3 3	Determinado	Precoce
BMX Desafio RR	Brasmax Genética	Branca	90,8 5	Indeterminado	Semi-precoce

CF: cor da flor; CP: cor da pubescência; CH: cor do hilo; Prod: Produção de grãos; Fonte: Tropical Melhoramento Genético – TMG e Brasmax Genética (2019).

4.3. Obtenção dos híbridos e da população F₁

O bloco de cruzamento foi conduzido em casa de vegetação, com

semeadura escalonado de três em três dias dos parentais TMG 801 e BMX Desafio RR, para coincidir o florescimento desses genitores.

Foram semeadas quatro sementes de cada parental em vasos de 3,6L com o solo preparado de forma a conter 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Após a emergência, duas plântulas foram desbastadas para permitir o melhor manuseio das flores no momento dos cruzamentos.

Os vasos foram regados duas vezes ao dia e foram adubados quinzenalmente com MAP (Mono-Amônio-Fosfato) e NPK (Nitrogênio-Fósforo-Potássio) intercalados. O controle das plantas daninhas foi feito manualmente com o desbaste e as pragas e doenças foram controladas com a aplicação inseticidas e fungicidas de acordo com a necessidade.

Os cruzamentos foram realizados de forma unilateral, em que a cultivar BMX Desafio RR foi utilizada como parental feminino e a cultivar TMG 801 como genitor masculino, devido à presença de genes marcadores, como os que controlam a cor da flor e do hipocótilo para a confirmação das hibridações.

Após a realização e confirmação dos cruzamentos, as sementes F_1 foram semeadas novamente em vaso, nas mesmas condições dos parentais, para que se autofecundassem, gerando as sementes F_2 em que se observa a segregação máxima dos genes. Além disso, foram feitos retrocruzamentos entre $F_1 \times$ TMG 801 e $F_1 \times$ BMX Desafio RR. A população obtida originou 500 sementes F_2 , 50 RC_1 e 50 RC_2 .

4.4. Condução das populações F_2 , RC_1 e RC_2 com seus respectivos genitores (TMG 801 e BMX Desafio RR)

As populações segregantes F_2 , RC_1 e RC_2 e os parentais foram avaliados em campo, cuja área experimental foi preparada de forma convencional, com uma aração seguida por duas gradagens. Posteriormente foi sulcada e adubada no sulco com NPK (8:28:16) na dosagem de 400 kg ha⁻¹ e o adubo foi incorporado manualmente com o auxílio de uma enxada. As sementes foram previamente tratadas com Fipronil, Piraclostrobina e Tiofanato-metílico (fungicida e inseticida) e inoculadas com *Bradyrhizobium elkanii* e *Bradyrhizobium japonicum*.

As populações e os parentais foram semeados manualmente no dia 13 de abril de 2018 com os seguinte número de indivíduos: 500 sementes F_2 e 50

sementes de cada retrocruzamento e de cada parental. As sementes de TMG 801 e BMX Desafio RR foram dispostas na área de forma intercalada em 12 linhas de 15 metros, com espaçamento de 0,5m entre linhas e de 0,5m entre cada planta.

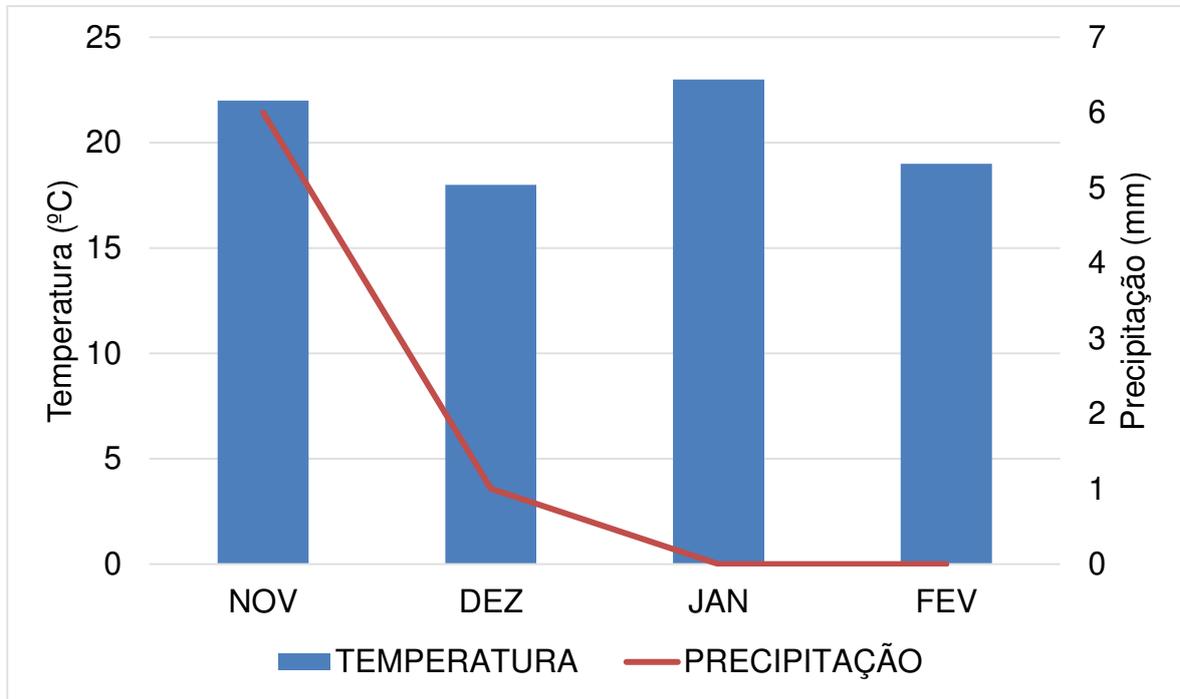
Os tratos culturais realizados durante o desenvolvimento da cultura estão explicitados na tabela 2.

Tabela 2: Tratos culturais realizados na população F₂, nos genitores TMG 801 e BMX Desafio RR e nos Retrocruzamentos I e II, durante seu desenvolvimento no ano de 2018 em Uberlândia – MG.

DATA	TRATO CULTURAL	DOSE	OBS
14/04/2018	Metolacoloro	175 L ha ⁻¹	Herbicida pré-Emergente
10/05/2018	Acefato	1 kg ha ⁻¹	Inceticida
14/05/2018	KCI	60g/linha	Adubação de Cobertura
14/05/2018	Cobalto e molibdênio	150 mL ha ⁻¹	Micronutriente
15/05 – 30/05 – 15/06/2018	Tiametoxan e Lambda-cialotrina	150 mL ha ⁻¹	Inseticida
15/05 – 15/06	Protioconazol e Trifloxistrobina	0,4 L ha ⁻¹	Fungicida
30/04 – 25/05 – 14/06	Capina	-	Controle de plantas Daninhas

A irrigação do experimento foi feita por aspersão duas vezes por semana dante uma hora com 30mm de água por dia. Os dados de temperatura e precipitação durante os meses de condução do experimento estão apresentados na Figura 1:

Figura 1: Temperatura média e precipitação durante os meses de condução do experimento no ano de 2018 em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC);



Foram realizadas avaliações agrônômicas nas plantas individuais a fim de identificar os genótipos mais promissores para prosseguir no processo de melhoramento. Realizaram-se as seguintes avaliações:

- Número de dias para florescimento (NDF): número de dias compreendido entre a data da emergência e a data da floração.
- Número de dias para a maturação (NDM): número de dias entre a data da emergência e a data da maturação.
- Altura da planta no florescimento (APF): altura, em centímetros, compreendida da base da planta até o meristema apical na haste principal no momento do florescimento.
- Altura da planta na maturação (APM): altura, em centímetros, compreendida da base da planta até o meristema apical na haste principal no momento da maturação.
- Número de nós no florescimento (NNF): número de nós na haste principal no florescimento.
- Número de nós na maturação (NNM): número de nós na haste principal na

maturação.

- g) Número de nós produtivos na maturação (NNP): número de nós com vagens no momento da maturação.
- h) Vagens com um grão (V1): número de vagens contendo um grão.
- i) Vagens com dois grãos (V2): número de vagens com dois grãos.
- j) Vagens com três grãos (V3): número de vagens com três grãos.
- k) Número total de vagens (NTV): total de todas as vagens produzidas pela planta.
- l) Número de sementes por vagem (NSV): obtido pela divisão do número total de sementes pelo NTV.
- m) Produção de grãos (PROD): peso total dos grãos produzidos por cada planta individualmente, medido em balança analítica com duas casas decimais, em gramas.

Os genótipos superiores obtidos na população F_2 foram selecionados, com base na produção, para compor a população F_3 .

4.5. Condução das progênes F_3 , retrocruzamentos e genitores

A área experimental para avaliação das progênes F_3 , retrocruzamentos e dos genitores TMG 801 e BMX Desafio RR, foi preparada de forma convencional com aração seguida por duas gradagens e posteriormente foi sulcada. O tratamento e a inoculação das sementes e a adubação da área foram feitos à semelhança do experimento de condução da população F_2 descrita anteriormente. Para controle das pragas, doenças e plantas infestantes, foram feitos os tratamentos culturais apresentados na Tabela 3:

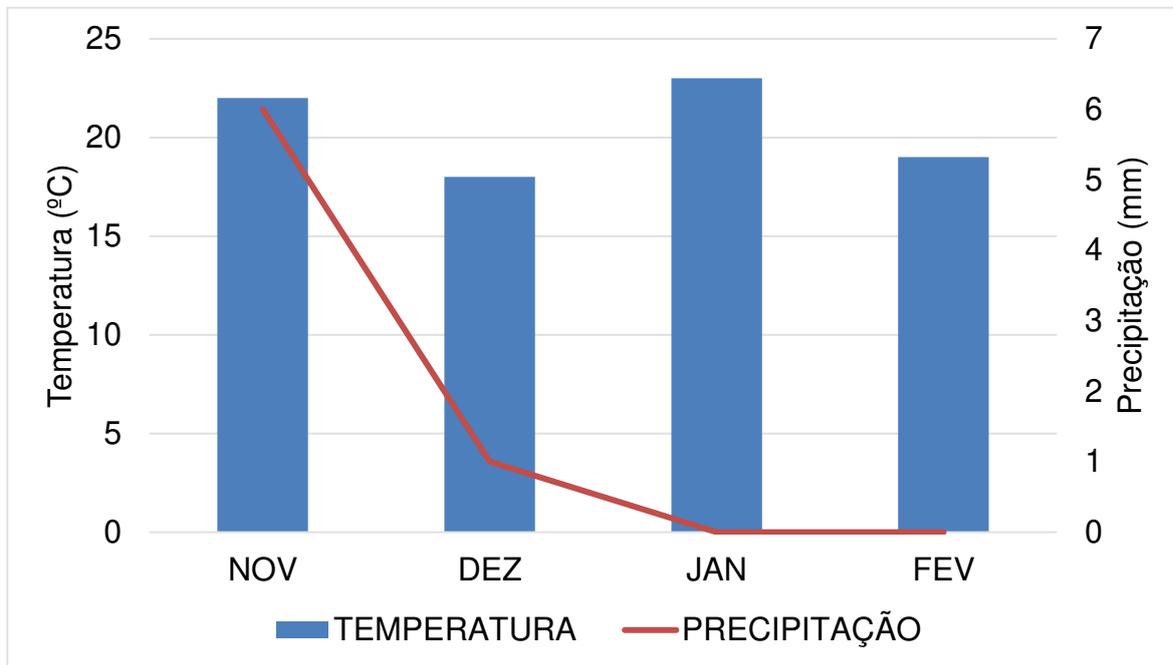
Tabela 3: Aplicações e tratos culturais realizados na população F₃ durante a condução do experimento nos anos de 2018/19 em Uberlândia – MG.

DATA	TRATO CULTURAL	DOSE	OBS
16/11 – 17/12 – 24/01/2019	Capina	-	Controle de plantas Daninhas
23/11 -04/12/2018	Acefato	1 kg ha ⁻¹	Inceticida
05/12/2018	KCl	60 g/linha	Adução de cobertura
06/12/2018	Cobalto e molibdênio	150 mL ha ⁻¹	Micronutriente
15/01/2019	Tiametoxan e Lambda- cialotrina	150 mL ha ⁻¹	Inseticida
27/12 – 15/01 – 30/01	Protioconazol e Trifloxistrobina	0,4 L ha ⁻¹	Fungicida
30/01 – 10/02/2019	Acefato + silicato e alumínio	1 kg ha ⁻¹	Acaricida e inseticida

Avaliaram-se 72 genótipos (45 progênies F₃, 17 RC₁, 8 RC₂ e dois parentais) em condições de campo, cuja semeadura ocorreu no dia 3 de novembro de 2018 em delineamento de blocos completos casualizados com duas repetições. Cada progênie foi semeada em uma linha de três metros com 20 sementes por metro e 0,30 metros de bordadura em cada extremidade.

Os índices pluviométricos e as temperaturas durante o experimento constam na Figura 2.

Figura 2: Temperatura média e precipitação durante os meses de condução do experimento nos anos de 2018/19 em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).



Em cada parcela experimental avaliaram-se os seguintes caracteres:

- Número de dias para florescimento (NDF): número de dias compreendido entre a data da emergência e a data da floração, quando 50% das plantas da linha floresceram (R1).
- Número de dias para a maturação (NDM): número de dias entre a data da emergência e a data da maturação, quando 50% das plantas da atingiram R8.
- Número de dias do período reprodutivo (NDR): número de dias corridos da data do florescimento até a data da maturação.

Todos os estádios de desenvolvimento foram identificados utilizando a escala de Fehr e Caviness (1977).

A colheita foi realizada manualmente e as plantas foram trilhadas em máquina, sendo em seguida beneficiada manualmente. A massa total dos grãos da linha foi mensurado com a utilização de uma balança analítica com duas casas decimais para a obtenção da produção de grãos.

4.6. Análise genético-estatística da população F₂

Após a coleta dos dados fenotípicos, foram obtidas, com o auxílio do Programa Computacional– Programa GENES (CRUZ, 2016), alguns parâmetros genéticos, que foram estimados de acordo com as fórmulas propostas por (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012) detalhadas a seguir:

a) Variância genotípica

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

Em que:

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genética da população F₂;

$\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica da população F₂;

$\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental da população F₂;

b) 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;

c) 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 F₂;

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

d) Herdabilidade no sentido restrito:

$$h_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2}$$

Em que:

h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito;

$\hat{\sigma}_{a(F_2)}^2$: variância aditiva na população F₂;

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

e) Número de genes envolvidos na determinação do caráter

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

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.;

Ganho de seleção – Com seleção de 20% dos indivíduos superiores, considerando o acréscimo para todos caracteres, exceto para ciclo vegetativo e total (NDF e NDM):

f)

$$GS = DS \times h^2$$

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

$$GS (\%) = \frac{GS}{\bar{X}_o}$$

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 original

4.7. Análises estatísticas das progênies F₃ e de retrocruzamento

Após a coleta dos dados fenotípicos em F₃, utilizando o mesmo programa computacional das análises anteriores, realizou-se uma análise de variância (ANOVA), para verificar a existência de variância genética e os genótipos foram agrupados pelo método de *Scott-Knott*. A ANOVA seguiu o modelo apresentado 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 do genótipo i ;

B_j : efeito do bloco j ;

ε_{ij} : erro associado ao genótipo i na repetição j ;

Os parâmetros avaliados na ANOVA foram:

a) 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;

b) 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 do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Em seguida, as estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas através da metodologia índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978). O critério de seleção utilizado foi reduzir os caracteres NDF e NDM, e aumentar NDR e PROD.

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

$$GS = DS \times h^2$$

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

$$GS(\%) = \frac{GS}{\bar{X}_o}$$

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 original

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

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

Em que:

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

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

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

Em que:

I: valor do índice para determinado indivíduo ou família;

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

n: número de caracteres considerado no índice.

Os pesos foram dados por:

$$I = p_1r_1 + p_2r_2 + \dots + p_nr_n$$

Em que:

p_j : peso econômico atribuído ao j-ésimo caráter.

5) RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Parâmetros genéticos e ganho de seleção em população F_2 e de retrocruzamento

O sucesso de um programa de melhoramento é estreitamente relacionado com a variabilidade, ou seja, a diferença, entre os parentais que serão usados no desenvolvimento de um novo genótipo (SILVA, 2016). Caso a variabilidade seja baixa entre os genitores, haverá menor variância genética para ser explorada nas populações segregantes (TESSELE, 2017).

Na tabela 4 estão apresentados as médias e as variâncias para treze

caracteres avaliados no estudo para a população F₂, seus parentais e os retrocruzamentos. Por meio das médias dos parentais TMG 801 e BMX Desafio RR, foi possível perceber que eles foram contrastantes para a maioria dos caracteres, sendo bem próximos apenas para número de vagens de três grãos (V3) com médias de 11,00 e 10,92, respectivamente e número de sementes por vagem (NSV) com média de 2,38 para TMG 801 e 2,39 para BMX Desafio RR.

Tabela 4: Médias e variâncias de caracteres agrônômicos e produção de grãos avaliados nos parentais, populações F₂ e retrocruzamentos derivados do cruzamento entre TMG 801 e BMX Desafio RR.

Caracteres		TMG801	BMX Desafio	F₂	RC₁	RC₂
NDF	\bar{X}	43,12	34,37	35,57	35,35	37,77
	$\hat{\sigma}^2$	5,11	8,99	18,11	9,33	9,30
NDM	\bar{X}	110,28	97,89	103,76	107,26	106,27
	$\hat{\sigma}^2$	19,71	16,15	51,34	47,77	28,20
APF	\bar{X}	17,94	14,18	14,70	16,40	15,46
	$\hat{\sigma}^2$	8,15	4,48	8,45	3,89	3,36
APM	\bar{X}	40,72	31,31	32,93	35,29	30,87
	$\hat{\sigma}^2$	33,96	11,59	81,61	49,80	56,86
NNF	\bar{X}	7,28	5,89	6,46	6,91	6,73
	$\hat{\sigma}^2$	0,54	0,42	0,89	0,63	0,84
NNM	\bar{X}	13,20	10,58	11,48	12,23	10,85
	$\hat{\sigma}^2$	2,00	1,65	8,07	5,58	4,85
NNP	\bar{X}	10,64	9,21	9,43	10,20	8,88
	$\hat{\sigma}^2$	2,16	2,28	8,39	4,59	4,99
V1	\bar{X}	1,16	2,55	1,79	3,06	1,54
	$\hat{\sigma}^2$	1,81	5,44	3,41	6,30	2,58
V2	\bar{X}	12,80	9,50	10,80	12,97	8,54
	$\hat{\sigma}^2$	47,33	15,61	44,05	28,70	29,78
V3	\bar{X}	11,00	10,92	14,55	16,94	10,42
	$\hat{\sigma}^2$	73,17	25,86	135,33	63,45	45,37
NTV	\bar{X}	24,96	23,16	27,27	33,18	20,65
	$\hat{\sigma}^2$	205,37	75,81	294,45	136,94	107,11
NSV	\bar{X}	2,38	2,39	2,44	2,44	2,44
	$\hat{\sigma}^2$	0,02	0,03	0,05	0,05	0,09
PROD	\bar{X}	5,17	7,36	8,25	9,87	7,26
	$\hat{\sigma}^2$	15,36	10,04	38,66	12,44	17,15

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturação; APF: altura da planta na floração (cm); APM: altura da planta na maturação (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturação; NNP: número de nós produtivos na haste principal; V1, V2, V3: número de vagens com um, dois e três grãos; NTV: número total de vagens na planta; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g). F₂: autofecundação de F₁ oriundo do cruzamento biparental TMG 801 x BMX Desafio RR; RC₁: retrocruzamento (F₁ x TMG 801); RC₂: retrocruzamentos (F₁ x BMX Desafio RR).

É cada vez mais almejado pelos programas de melhoramento, cultivares

que tenham NDF e NDM mais reduzidos. As médias para NDF variaram de 34,37 a 43,12 para BMX Desafio RR e TMG 801, respectivamente (Tabela 4), enquanto para população F₂ foi de 35,57, valor próximo ao encontrado por Teixeira (2017) que foi de 37,85, ao estudar a herança da precocidade e de caracteres agrônômicos em soja.

Para NDM, as médias variaram de 97,89 para BMX Desafio RR até 110,28 para TMG 801, sendo a população F₂ intermediária a estes, com média de 103,76 dias (Tabela 4).

Tanto a altura da planta no florescimento (APF) quanto na maturação (APM) são caracteres importantes no melhoramento genético. Primeiramente porque estão relacionados com a possibilidade de colheita mecanizada, além disso, pode haver correlação entre a altura no florescimento e produtividade de grãos, isoladamente ou associada a outros caracteres (OLIVEIRA, 2010).

A altura ideal para que as cultivares de soja possam ser colhidas mecanicamente é de 40 a 90cm (SEDIYAMA et al., 2015). Acima de 100cm, as plantas começam a acamar e passam a ser inadequadas para essa prática. As médias para APM oscilaram entre 30,87 a 40,72cm para RC₂ e TMG 801, respectivamente, enquanto a altura para população F₂ foi de 32,93cm (Tabela 4).

Autores têm demonstrado a existência de correlação genética positiva entre os caracteres número de nós na haste principal (NNM) e número total de vagens (NTV) com a produtividade de grãos, tornando estes, importantes para o melhoramento genético (DALCHIAVON; CARVALHO, 2012; ANDRADE, 2015). Segundo Sedyama, Oliveira e Sedyama (2016), para uma planta de soja ser altamente produtiva, ela deve apresentar, em média 17 ou 18 nós na haste principal.

As médias obtidas para NNM, apresentadas na Tabela 4, foram 10,58, 13,20 e 11,48 para BMX Desafio RR, TMG 801 e população F₂, respectivamente, enquanto o número de nós produtivos variou de 8,88 para RC₂ até 10,64 para TMG 801. As estimativas abaixo ao preconizado em soja deve-se ao fato de a semeadura ter ocorrido fora de época de cultivo de soja.

Quanto ao número total de vagens por planta (NTV) de soja, Sedyama (2016) afirma que as cultivares nacionais apresentam de 30 a 80 vagens. Além disso, o NTV está relacionado à época de semeadura, onde plantios realizados

fora do período recomendado ocasionam uma menor altura de planta, menor número de nós e, conseqüentemente, uma diminuição da quantidade de vagens (TORRES, 2015).

As estimativas do número médio de vagens foram de 24,96, 23,16, 27,27, 33,18 e 20,65 para TMG 801, BMX Desafio RR, F₂, RC₁ e RC₂, respectivamente (Tabela 4). Segundo Lara Júnior (2019), podem ocorrer ajustes dos componentes de produção, dentre eles, o número de vagens, para compensar os efeitos das épocas de semeadura, o que justifica os resultados encontrados no presente estudo.

Em relação à produção de grãos, demonstrado na Tabela 4, a maior variância encontrada foi na população F₂ (38,66), indicando que há diferença entre os genótipos e, evidenciando viabilidade para o processo seletivo. Apesar disso, as produtividades foram baixas se comparadas às encontradas por Bernardes (2019), que conduziu uma população F₂ com semeadura em fevereiro, entre os genitores UFUS 6901 (P₁) e TMG 801 (P₂), no Município de Uberlândia, MG e obteve médias de 21,56, 35,53, 28,35, 26,66, 27,78 gramas para P₁, P₂, F₂, RC₁, RC₂, respectivamente.

As estimativas de parâmetros genéticos têm papel importante para o direcionamento de programas de melhoramento em relação ao processo seletivo dos genótipos superiores (BERNARDES et al., 2018). Na Tabela 5 estão evidenciados os parâmetros genéticos para os treze caracteres agrônômicos em estudo, obtidos na análise de geração F₂, com TMG 801 e BMX Desafio RR e os respectivos retrocruzamentos.

No presente estudo, a variância fenotípica oscilou de 0,05 para NSV até 294,45 para NTV, enquanto a variância genotípica variou e 0,02 a 153,86 para os mesmos caracteres, respectivamente. Além disso, o caráter V1 apresentou estimativas de variância genotípica negativas, indicando ausência de variabilidade (Tabela 5).

De acordo com Cruz (2005), a variância ambiental dificulta a seleção dos genótipos superiores, pois impede o reconhecimento dos mesmos. A variância genotípica foi superior à variância ambiental para os caracteres NDF, NDM, APM, NNM, NNP, V3, NTV e PROD, indicando que estes podem ser importantes no processo seletivo.

Teixeira (2017) ao estudar os componentes de variância de genótipos de

soja na geração F₂ no município de Uberlândia, MG, encontrou variâncias genéticas inferiores às do presente estudo para os caracteres NDM (31,78), NNM (1,22), NTV (109,30), NSV (0,00093) e PROD (15,60) e superiores para NDF (17,20) e APM (184,61).

Tabela 5: Estimativas dos componentes de variância, herdabilidades e número de genes de caracteres agrônômicos da população F₂ oriunda da combinação entre TMG 801 e BMX Desafio RR.

POPULAÇÃO TMG 801 x BMXDesafio						
Caracteres	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2(\%)$	$h_r^2(\%)$	η
-NDF	18,11	11,05	7,05	61,05	97,11	3,76
NDM	51,34	33,41	17,93	65,08	52,01	7,12
APF	8,45	2,14	6,31	25,30	114,26	3,96
APM	81,61	58,84	22,77	72,10	69,31	7,56
NNF	0,89	0,41	0,48	46,01	35,08	9,97
NNM	8,07	6,24	1,83	77,36	70,76	4,92
NNP	8,39	6,17	2,22	73,57	85,84	3,90
V1	3,40	-	-	-	-	-
V2	44,05	12,58	31,47	28,56	67,26	4,88
V3	135,33	85,82	49,51	63,41	119,59	3,36
NTV	294,45	153,86	140,59	52,25	117,11	2,87
NSV	0,05	0,02	0,02	44,02	-	-
PROD	38,66	25,96	12,70	67,14	123,44	2,53

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturação; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturação; NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturação; NNP: número de nós produtivos na haste principal; V1, V2, V3: número de vagens com um, dois e três grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g); $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo (%); h_r^2 : herdabilidade no sentido restrito (%); η : número mínimo de genes; -: estimativas negativas.

Bernardes (2018) avaliando uma população F₂ obtida pelo cruzamento entre as cultivares UFUS 6901 e TMG 801 e seus retrocruzamentos, obteve valores de variância genotípica superior às do presente estudo para todos os caracteres avaliados por ela, sendo APM (139,54), NDM (62,37), NNM (8,45), NTV (1412,61) e PROD (89,62).

A herdabilidade é outro parâmetro genético importante para o melhoramento, uma vez que expressa a confiança do valor fenotípico como guia genético ou o grau de correspondência entre os valores fenotípico e genético (VASCONCELOS et al., 2010). Valores altos, ou seja, acima de 70% de H² indicam que métodos de seleção simples podem gerar ganhos consideráveis, uma vez que o ambiente não tem influência significativa sobre o caráter

(SANTOS, 2018).

No presente estudo, a herdabilidade no sentido amplo variou de 25,30% a 77,36% para APF e NNM, respectivamente. Herdabilidade de alta magnitude foram encontradas para NNM (77,36%), NNP (73,57%), APM (72,10%), PROD (67,14%), NDM (65,08%) e V3 (63,41%), indicando que a seleção pode ser praticada para esses caracteres, com base no fenótipo (Tabela 5).

Santos (2018) realizou um estudo de parâmetros genéticos em progênes F_2 de soja na Universidade de Brasília e encontrou valores de herdabilidade superiores aos encontrados no presente estudo, para os caracteres NDM (95%), APM (93%), NTV (84%) e PROD (80%). Cabe salientar, que as estimativas de herdabilidade variam de acordo com a origem genética da população e também do ambiente de avaliação.

Colombo (2016) ao estudar estratégias de seleção em populações segregantes de soja, também encontrou valores de herdabilidade superiores para população F_2 , com magnitudes de 96%, 97,2%, 92,8%, 70,01% e 87,5% para NDF, NDM, NTV, NSV e PROD, respectivamente.

A herdabilidade no sentido restrito é ainda mais relevante no melhoramento genético, pois é calculada a partir do componente aditivo da variância genética, o responsável pelos ganhos de seleção (BORÉM, 2013). Nesse sentido, os valores encontrados no presente estudo foram de alta magnitude para NDF (97,11%), APF (114,26%), APM (69,31%), NNM (70,76%), NNP (85,84%), V2 (67,26%), V3 (119,59%), NTV (117,11%) e PROD (123,44%) (Tabela 5).

A predição do número de genes que controlam determinado caráter é importante para o melhoramento pois indica o tipo de herança envolvido, que pode ser monogênica, oligogênica ou poligênica (LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005). Quanto maior o número de genes, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população e, conseqüentemente, maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose (BALDISSERA et al., 2014).

O número de genes que controlam os caracteres avaliados variou de 2,53 a 9,97 para PROD e NNF, respectivamente. Rocha (2018) em seu estudo com quatro populações segregantes F_2 em soja, encontrou número de genes para PROD variando de 4,0 a 14,9 e para NNF de 6,6 a 9,1.

O ganho genético obtido por meio da seleção de indivíduos superiores está

relacionado com o diferencial de seleção, que consiste na diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Ao selecionar 20% dos indivíduos superiores, 65 genótipos foram selecionados para os caracteres em estudo (Tabelas 5, 6 e 7).

Tabela 6: Predição de ganhos por seleção de caracteres agronômicos na seleção de progênies de soja em população F₂ oriunda entre TMG 801 e BMX Desafio RR.

POPULAÇÃO TMG 801 x BMXDesafio RR				
Caracteres	\bar{X}_o	\bar{X}_s	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NDF	35,57	29,65	-16,16	29,82
NDM	103,76	94,01	-5,07	98,69
APF	14,70	18,67	30,84	19,23
APM	32,93	45,55	8,75	41,68
NNF	6,46	7,68	6,60	6,89
NNM	11,48	15,43	24,33	14,27
NNP	9,43	13,43	36,39	12,86
V1	1,79	4,82	-102,39	-0,04
V2	10,80	21,44	66,27	17,96
V3	14,55	33,78	158,03	37,54
NTV	27,27	55,27	120,25	60,06
NSV	2,44	2,72	-8,08	2,24
PROD	8,25	18,55	154,27	20,96

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturação; APF: altura da planta na floração; APM: altura da planta na maturação; NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturação; NNP: número de nós produtivos na haste principal; V1, V2, V3: número de vagens com um, dois e três grãos; 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.

Visando a precocidade da soja, os genótipos selecionados foram os que tiveram menor quantidade de dias para florescimento (NDF) e para maturação (NDM). A população inicial apresentava, em média, 35,57 dias para florescimento, enquanto o número de dias variou de 24 a 31 para os indivíduos selecionados, com média de 29,65, o que representa um ganho de seleção de -16,16% (Tabelas 6 e 7).

Tabela 7: Valores fenotípicos dos indivíduos selecionados para caracteres agrônômicos em população F₂ oriunda da combinação entre TMG 801 e BMX Desafio RR

NDF		NDM		APF		APM		NNF		NNM		NNP	
G	VF	G	VF	G	VF	G	VF	G	VF	G	VF	G	VF
UF245	24	UF146	76	UF292	25,5	UF248	72,0	UF6	9	UF171	20	UF248	17
UF277	25	UF187	88	UF248	25,0	UF171	66,0	UF71	9	UF248	19	UF8	16
UF281	25	UF281	88	UF240	23,0	UF285	60,0	UF171	9	UF1	17	UF9	16
UF178	27	UF277	90	UF318	23,0	UF4	52,0	UF240	9	UF8	17	UF62	16
UF308	27	UF259	92	UF13	21,0	UF89	50,0	UF248	9	UF9	17	UF171	16
UF310	28	UF27	94	UF12	20,0	UF240	50,0	UF285	9	UF26	17	UF1	15
UF172	28	UF40	94	UF136	20,0	UF8	49,0	UF292	9	UF36	17	UF6	15
UF195	28	UF100	94	UF205	20,0	UF14	49,0	UF2	8	UF2	16	UF11	15
UF206	28	UF115	94	UF89	19,5	UF30	49,0	UF5	8	UF4	16	UF22	15
UF217	28	UF140	94	UF152	19,5	UF36	49,0	UF11	8	UF6	16	UF26	15
UF241	28	UF143	94	UF243	19,5	UF9	48,0	UF12	8	UF7	16	UF36	15
UF272	28	UF144	94	UF2	19,0	UF27	48,0	UF13	8	UF10	16	UF2	14
UF304	28	UF153	94	UF6	19,0	UF47	48,0	UF18	8	UF11	16	UF4	14
UF309	29	UF168	94	UF16	19,0	UF271	48,0	UF20	8	UF13	16	UF10	14
UF27	29	UF169	94	UF124	19,0	UF3	47,0	UF23	8	UF17	16	UF12	14
UF120	29	UF172	94	UF139	19,0	UF5	47,0	UF24	8	UF22	16	UF13	14
UF168	29	UF178	94	UF246	19,0	UF13	47,0	UF25	8	UF31	16	UF14	14
UF169	29	UF186	94	UF271	19,0	UF81	47,0	UF26	8	UF32	16	UF21	14
UF186	29	UF190	94	UF273	19,0	UF85	47,0	UF31	8	UF35	16	UF23	14
UF221	29	UF192	94	UF285	19,0	UF216	47,0	UF32	8	UF53	16	UF25	14
UF247	29	UF195	94	UF294	19,0	UF228	47,0	UF36	8	UF62	16	UF32	14
UF255	29	UF206	94	UF24	18,5	UF318	47,0	UF43	8	UF81	16	UF35	14
UF258	29	UF210	94	UF47	18,5	UF12	46,0	UF47	8	UF85	16	UF38	14
UF266	29	UF217	94	UF49	18,5	UF16	46,0	UF51	8	UF147	16	UF43	14
UF268	29	UF221	94	UF69	18,5	UF69	46,0	UF53	8	UF285	16	UF45	14
UF298	29	UF225	94	UF71	18,5	UF261	46,0	UF74	8	UF318	16	UF53	14
UF307	29	UF227	94	UF74	18,5	UF65	45,0	UF78	8	UF3	15	UF72	14
UF316	30	UF239	94	UF78	18,5	UF135	45,0	UF89	8	UF12	15	UF81	14
UF173	30	UF241	94	UF84	18,5	UF189	45,0	UF98	8	UF14	15	UF85	14
UF220	31	UF242	94	UF98	18,5	UF231	45,0	UF121	8	UF16	15	UF7	13
UF23	31	UF244	94	UF141	18,5	UF62	44,5	UF143	8	UF20	15	UF15	13
UF73	31	UF247	94	UF171	18,5	UF11	44,0	UF189	8	UF21	15	UF17	13
UF75	31	UF255	94	UF189	18,5	UF22	44,0	UF228	8	UF25	15	UF29	13
UF83	31	UF260	94	UF228	18,5	UF53	44,0	UF271	8	UF37	15	UF30	13
UF93	31	UF264	94	UF231	18,5	UF167	44,0	UF294	8	UF38	15	UF37	13
UF95	31	UF266	94	UF8	18,0	UF28	43,0	UF318	8	UF41	15	UF41	13
UF100	31	UF272	94	UF18	18,0	UF41	43,0	UF1	7	UF43	15	UF42	13
UF115	31	UF278	94	UF30	18,0	UF127	43,0	UF3	7	UF45	15	UF61	13
UF129	31	UF279	94	UF36	18,0	UF246	43,0	UF4	7	UF49	15	UF86	13
UF145	31	UF280	94	UF94	18,0	UF294	43,0	UF7	7	UF56	15	UF99	13
UF148	31	UF290	94	UF101	18,0	UF6	42,0	UF8	7	UF61	15	UF100	13
UF170	31	UF298	94	UF130	18,0	UF7	42,0	UF9	7	UF72	15	UF147	13
UF174	31	UF303	94	UF143	18,0	UF26	42,0	UF14	7	UF89	15	UF156	13
UF179	31	UF304	94	UF153	18,0	UF45	42,0	UF15	7	UF105	15	UF231	13
UF193	31	UF305	94	UF196	18,0	UF49	42,0	UF16	7	UF122	15	UF3	12
UF199	31	UF308	94	UF219	18,0	UF51	42,0	UF17	7	UF125	15	UF5	12
UF200	31	UF309	94	UF4	17,5	UF71	42,0	UF19	7	UF133	15	UF20	12
UF207	31	UF19	94	UF19	17,5	UF83	42,0	UF21	7	UF135	15	UF27	12
UF208	31	UF38	95	UF31	17,5	UF84	42,0	UF22	7	UF187	15	UF28	12
UF230	31	UF74	96	UF43	17,5	UF92	42,0	UF27	7	UF231	15	UF31	12
UF254	31	UF170	96	UF60	17,5	UF125	42,0	UF28	7	UF240	15	UF33	12
UF257	31	UF174	96	UF128	17,5	UF194	42,0	UF29	7	UF301	15	UF34	12
UF267	31	UF177	96	UF149	17,5	UF233	42,0	UF30	7	UF15	14	UF39	12
UF274	31	UF220	96	UF211	17,5	UF2	41,0	UF33	7	UF19	14	UF40	12
UF278	31	UF268	96	UF14	17,0	UF10	41,0	UF35	7	UF23	14	UF44	12
UF283	31	UF282	96	UF20	17,0	UF15	41,0	UF37	7	UF29	14	UF49	12
UF286	31	UF312	96	UF26	17,0	UF18	41,0	UF38	7	UF30	14	UF50	12
UF288	31	UF5	96	UF27	17,0	UF19	41,0	UF40	7	UF39	14	UF51	12
UF296	31	UF14	97	UF45	17,0	UF35	41,0	UF41	7	UF40	14	UF54	12
UF297	31	UF33	97	UF50	17,0	UF43	41,0	UF45	7	UF42	14	UF55	12
UF305	31	UF42	97	UF51	17,0	UF46	41,0	UF48	7	UF50	14	UF58	12
UF312	31	UF46	97	UF55	17,0	UF99	41,0	UF49	7	UF51	14	UF63	12
UF313	31	UF57	97	UF56	17,0	UF139	41,0	UF50	7	UF54	14	UF65	12

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturação; APF (cm): altura da planta na floração; APM (cm): altura da planta na maturação; NNF: número de nós no florescimento; NNM: número de nós na maturação; NNP: número de nós produtivos na haste principal; G: genótipo selecionado; Valor fenotípico dos caracteres agrônômicos.

Já em relação ao NDM, a população original apresentou média de 103,76 enquanto os indivíduos selecionados mostraram valores entre 76 e 97 dias, com média de 94,01 e ganho de seleção de -5,07% (Tabelas 5 e 6). Mattos (2018) em seu estudo de herança de caracteres agrônômicos encontrou médias para número de dias para o florescimento e número de dias para maturação de 44,04 e 127,83, respectivamente, para população F₂ conduzida no município de Uberlândia, MG. As médias encontradas no presente estudo foram inferiores, indicando que os genótipos são mais precoces.

Quanto aos demais caracteres, foram selecionados indivíduos de modo a apresentarem as maiores médias possíveis para aumentar a produção de grãos. As alturas no florescimento e na maturação são importantes caracteres no desenvolvimento de cultivares de soja, porque plantas muito baixas podem comprometer a produção e plantas muito altas podem sofrer com acamamento (SEDIYAMA et al., 2015). Para APF e APM as médias da população original eram de 14,70 e 32,93 e na população selecionada passou a ser 18,67 e 45,55, com ganhos de seleção de 30,84% e 8,75%, respectivamente.

Quanto ao número de nós, é desejável no melhoramento, que uma planta de soja tenha de 17 a 18 nós na haste principal (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). No presente estudo, a população melhorada apresentou média de 7,68, 15,43 e 13,43 para NNF, NNM e NNP, com ganhos de 6,60%, 24,33% e 36,39%, respectivamente. Tal resultado pode ser explicado devido ao cultivo de soja em condições de dias curtos que diminui o tempo para o início do florescimento, refletindo em menor altura e menor número de nós da planta (CRUSCIOL et al., 2002).

O número de vagens total por planta e o número de sementes por vagem são caracteres de grande importância, pois afetam diretamente a produção. O NTV na população original apresentou média de 27,27 vagens, enquanto na população melhorada variou de 41 a 91, com média de 55,27, com um ganho de 120,25% (Tabelas 6 e 8). Rocha (2018) ao estudar quatro populações F₂ encontrou ganhos de seleção de 28% a 33% para o caráter NTV, valores inferiores aos encontrados no presente estudo.

Tabela 8: Valores fenotípicos dos indivíduos selecionados para componentes de produção e produção de grãos em população F₂ oriunda da combinação entre TMG 801 e BMX Desafio RR.

V1		V2		V3		NTV		NSV		PROD	
G	VF	G	VF								
UF292	10	UF24	34	UF1	66	UF1	91	UF302	3,00	UF1	31,4
UF2	8	UF60	32	UF4	59	UF2	89	UF317	3,00	UF2	29,8
UF193	8	UF42	31	UF2	52	UF4	82	UF85	2,94	UF3	29,5
UF14	7	UF11	30	UF5	51	UF5	73	UF258	2,87	UF4	28,4
UF23	7	UF2	29	UF12	48	UF11	73	UF236	2,86	UF5	27,2
UF24	7	UF10	27	UF8	47	UF3	72	UF17	2,82	UF6	26,9
UF28	7	UF43	27	UF3	46	UF10	70	UF122	2,82	UF7	26,7
UF148	7	UF9	26	UF21	45	UF7	70	UF240	2,82	UF8	24,2
UF202	7	UF18	26	UF7	44	UF9	69	UF232	2,81	UF9	23,8
UF11	6	UF26	26	UF6	43	UF21	69	UF49	2,79	UF10	23,2
UF42	6	UF7	25	UF9	43	UF24	68	UF89	2,79	UF11	23,1
UF43	6	UF31	25	UF17	41	UF8	66	UF228	2,79	UF12	23,0
UF73	6	UF62	25	UF10	40	UF6	65	UF194	2,77	UF13	22,4
UF111	6	UF67	25	UF35	40	UF23	64	UF13	2,76	UF14	21,4
UF153	6	UF20	24	UF16	39	UF231	64	UF127	2,76	UF15	21,3
UF168	6	UF29	24	UF22	39	UF14	63	UF159	2,76	UF16	21,3
UF179	6	UF48	24	UF27	39	UF18	62	UF12	2,75	UF17	21,0
UF181	6	UF66	24	UF36	39	UF26	62	UF217	2,75	UF18	20,9
UF270	6	UF14	23	UF231	38	UF12	61	UF256	2,75	UF19	20,9
UF10	5	UF15	23	UF11	37	UF27	57	UF264	2,75	UF20	20,5
UF27	5	UF28	23	UF41	37	UF41	56	UF184	2,74	UF21	20,5
UF32	5	UF33	23	UF51	37	UF22	56	UF22	2,73	UF22	20,3
UF34	5	UF34	23	UF18	36	UF29	56	UF90	2,72	UF23	20,1
UF54	5	UF70	23	UF13	35	UF36	55	UF92	2,72	UF24	19,5
UF61	5	UF1	22	UF23	35	UF16	55	UF102	2,72	UF25	19,0
UF94	5	UF21	22	UF53	35	UF28	55	UF209	2,72	UF26	18,7
UF109	5	UF23	22	UF37	34	UF32	55	UF50	2,71	UF27	18,0
UF118	5	UF71	22	UF26	33	UF42	55	UF140	2,71	UF28	17,5
UF3	4	UF101	22	UF49	33	UF43	55	UF167	2,71	UF29	17,4
UF5	4	UF115	22	UF14	32	UF51	54	UF259	2,71	UF30	17,3
UF15	4	UF231	22	UF40	32	UF20	54	UF8	2,70	UF31	17,3
UF29	4	UF25	21	UF47	32	UF37	54	UF47	2,70	UF32	17,1
UF33	4	UF32	21	UF19	31	UF35	53	UF171	2,70	UF33	16,9
UF35	4	UF87	21	UF45	31	UF33	51	UF255	2,70	UF34	16,8
UF38	4	UF4	20	UF63	31	UF53	51	UF1	2,69	UF35	16,7
UF39	4	UF94	20	UF85	31	UF31	50	UF16	2,69	UF36	16,6
UF56	4	UF118	20	UF44	30	UF13	49	UF30	2,69	UF37	16,1
UF65	4	UF137	20	UF50	30	UF17	49	UF86	2,69	UF38	16,0
UF67	4	UF3	19	UF30	29	UF25	49	UF160	2,69	UF39	16,0
UF70	4	UF6	19	UF127	29	UF45	49	UF4	2,68	UF40	15,8
UF80	4	UF41	19	UF20	28	UF60	48	UF35	2,68	UF41	15,4
UF110	4	UF61	19	UF29	28	UF62	48	UF36	2,68	UF42	15,4
UF114	4	UF84	19	UF32	28	UF15	48	UF41	2,68	UF43	15,2
UF119	4	UF113	19	UF39	28	UF19	48	UF155	2,68	UF44	15,1
UF120	4	UF5	18	UF90	28	UF34	47	UF3	2,67	UF45	14,9
UF137	4	UF8	18	UF24	27	UF71	47	UF298	2,67	UF46	14,8
UF145	4	UF37	18	UF55	27	UF40	46	UF72	2,66	UF47	14,8
UF183	4	UF82	18	UF106	27	UF47	46	UF108	2,66	UF48	14,8
UF186	4	UF183	18	UF25	25	UF63	46	UF40	2,65	UF49	14,7
UF191	4	UF55	17	UF28	25	UF67	45	UF44	2,65	UF50	14,6
UF219	4	UF56	17	UF65	25	UF55	44	UF45	2,65	UF51	14,6
UF231	4	UF58	17	UF68	25	UF44	43	UF63	2,65	UF52	14,3
UF234	4	UF100	17	UF86	25	UF56	43	UF200	2,65	UF53	14,2
UF301	4	UF19	16	UF33	24	UF68	43	UF5	2,64	UF54	14,2
UF1	3	UF22	16	UF38	24	UF38	42	UF69	2,64	UF55	14,2
UF4	3	UF36	16	UF71	24	UF48	42	UF93	2,64	UF56	13,9
UF6	3	UF45	16	UF122	24	UF49	42	UF189	2,64	UF57	13,7
UF25	3	UF73	16	UF31	23	UF66	42	UF227	2,64	UF58	13,6
UF26	3	UF77	16	UF46	23	UF70	42	UF239	2,64	UF59	13,5
UF51	3	UF83	16	UF62	23	UF87	42	UF243	2,64	UF60	13,4
UF53	3	UF99	16	UF76	23	UF50	41	UF265	2,64	UF61	13,3
UF58	3	UF123	16	UF89	23	UF54	41	UF7	2,63	UF62	13,2
UF59	3	UF128	16	UF43	22	UF61	41	UF19	2,63	UF63	13,1

V1, V2, V3: número de vagens com um, dois e três grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta (g); G: genótipo selecionado; Valor fenotípico dos caracteres agrônômicos.

A produção de grãos na população original foi de 8,25 gramas por planta, enquanto na população selecionada foi de 18,55 gramas, com um ganho genético satisfatório de 154,27% (Tabela 7). Além disso, esse caráter variou de 13,1g a 31,4g, sendo os genótipos codificados com UF1, UF2, UF3, UF4 e UF5 os mais produtivos com 31,4, 29,8, 29,5, 28,4 e 27,2 gramas, respectivamente (Tabela 8).

5.2. Parâmetros genéticos e ganhos de seleção em progênie F₃

A estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos é muito importante para o melhoramento genético, pois auxilia na decisão das estratégias de seleção, assim como permite prever ganhos genéticos e avaliação da variabilidade existente entre os genótipos (HALLAUER et al., 2010).

A variância genética é determinante para o sucesso de um programa de melhoramento (NOGUEIRA et al., 2012). No presente estudo, houve variação genética significativa para os caracteres NDM, NDR e PROD, ao nível de 1% de probabilidade pelo Teste F. Já para NDF tal variância não foi constatada (Tabela 9).

Tabela9: Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e produção de grãos de 70 progênies de soja avaliadas no município de Uberlândia – MG na safra de 2018/19.

Caracteres	QMG	H² (%)	CV_g/CV_e	CV (%)
NDF	8,74 ^{ns}	9,67	0,23	7,09
NDM	4,34 ^{**}	70,67	1,10	4,31
NDR	91,45 ^{**}	71,66	1,12	7,25
PROD	1466,11 ^{**}	75,97	1,26	35,90

NDF: número de dias para florescimento; NDM: número de dias para maturação; NDR: número de dias do período reprodutivo; PROD: produção de grãos (g); QMG: quadrado médio dos genótipos; H²: herdabilidade; CV_g: coeficiente de variação genético; CV_e: coeficiente de variação experimental; CV: coeficiente de variação geral; ^{ns}: não significativo; ^{**} significativo ao nível de 1% probabilidade, pelo teste F.

Diversos outros trabalhos realizados no município de Uberlândia, MG, têm encontrado variabilidades genéticas significativas para esses caracteres em estudos com população segregante F₂ e F₃ (MATTOS, 2018; ROCHA, 2018; TEIXEIRA et al., 2017; MACHADO et al., 2017).

A herdabilidade encontrada no presente estudo variou e 9,67% a 75,97% para NDF e PROD, respectivamente. Além disso, ela foi de alta magnitude para

todos os caracteres, exceto para NDF, evidenciando que para NDM, NDR e PROD, o maior responsável pela variabilidade é a porção genética (Tabela 9). Silveira (2007) em seu estudo de estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja, no município de Jaboticabal, encontrou herdabilidades, para produção de grãos, de 54%, 0,49%, 0,69%, 0,87% e 90%, em cinco populações F₃ obtidas por cruzamentos biparentais.

Rocha (2018) e Bernardes (2018) encontraram herdabilidade genética de alta magnitude para os caracteres NDF, NDM e PROD com valores de 95,4% e 83,79% para NDF, 97,0% e 58,43% para NDM e 89,1% e 87,95% para PROD, em estudos com população segregante e soja.

A razão entre coeficiente de variação genética e ambiental (CV_g/CV_e) é um parâmetro responsável por afirmar o sucesso da seleção de genótipos superiores. Quando a razão for superior à unidade, tem-se uma situação favorável à seleção (SANTOS et al., 2018). No presente estudo, esse parâmetro foi próximo à 1 para os caracteres NDM (1,10), NDR (1,12) e PROD (1,26) e muito abaixo para NDF (0,23), reafirmando que este não se mostra um caráter útil para a seleção das progênies estudadas (Tabela 9).

Silva (2018) encontrou valores de CV_g/CV_e acima da unidade para os caracteres NDF (3,13) e NDM (2,89) e próximo a 1 para o caráter produção de grãos (0,87), em estudo de divergência genética entre linhagens de soja no município de Uberlândia, MG.

O coeficiente de variação está relacionado ao grau de precisão experimental, quanto menor o CV, maior a homogeneidade dos dados, e menor a variação do acaso. É classificado como baixo quando inferior a 10%, médio entre 10 e 20%, alto entre 20 e 30 % e muito alto quando superior a 30% (PIMENTEL et al., 2013).

Os valores de CV foram baixos para NDM (4,31%), NDF (7,09%) e NDR (7,25%) e mais elevado para PROD (35,90%). Bizari et al. (2017) em estudo em população segregante F₅ de soja, em Jaboticabal, encontrou CV de 0,9% para o caráter NDM e Bernardes (2018) obteve valores de 3,83% para NDF, 4,93% para NDM e 20,63% para PROD, corroborando com os resultados encontrados no presente estudo.

As médias fenotípicas das progênes em estudo foram agrupadas em relação aos caracteres NDF, NDM, NDR e PROD e estão apresentados na Tabela 10. Os caracteres foram separados em um grupo para NDF, dois grupos para NDR e quatro grupos para NDM e PROD.

Tabela 10: Médias dos caracteres número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturação (NDM), número de dias do período reprodutivo (NDR) e produção de grãos (PROD), de 70 progênes de soja e duas testemunhas (TMG 801 e BMX Desafio RR), no município de Uberlândia – MG.

PROGÊNIE	NDF (dias)	NDM (dias)	NDR (dias)	PROD (g)
UF1	42,0 a	103,0 d	61,0 b	316,3 b
UF2	41,5 a	113,0 c	71,5 a	189,9 c
UF3	37,0 a	114,5 c	77,5 a	169,7 c
UF4	37,0 a	105,5 d	68,5 b	203,1 c
UF5	39,5 a	106,0 d	66,5 b	284,9 b
UF8	40,5 a	102,5 d	62,0 b	130,0 d
UF9	41,5 a	113,0 c	71,5 a	472,0 a
UF10	37,0 a	104,0 d	67,0 b	166,7 c
UF11	40,0 a	113,0 c	73,0 a	225,5 c
UF12	42,5 a	114,5 c	72,0 a	149,2 d
UF15	38,0 a	106,0 d	68,0 b	67,4 d
UF18	38,5 a	102,0 d	63,5 b	176,7 c
UF19	42,0 a	113,0 c	71,0 a	60,8 d
UF22	38,5 a	104,0 d	65,5 b	256,6 c
UF23	39,0 a	102,0 d	63,0 b	232,3 c
UF25	43,0 a	100,5 d	57,5 b	159,7 d
UF26	39,5 a	116,0 c	76,5 a	173,6 c
UF27	36,0 a	109,5 d	73,5 a	247,8 c
UF28	43,5 a	102,5 d	59,0 b	99,4 d
UF29	35,5 a	104,0 d	68,5 b	240,4 c
UF31	39,0 a	106,0 d	67,0 b	118,3 d
UF32	39,5 a	104,0 d	64,5 b	223,1 c
UF33	43,0 a	102,0 d	59,0 b	53,1 d
UF36	42,0 a	106,0 d	64,0 b	188,0 c
UF37	38,5 a	107,5 d	69,0 b	243,9 c
UF39	38,0 a	109,5 d	71,5 a	114,0 d
UF40	40,0 a	104,0 d	64,0 b	95,4 d
UF42	39,0 a	106,0 d	67,0 b	101,2 d
UF43	40,0 a	117,5 c	77,5 a	155,1 d
UF44	37,5 a	97,0 d	59,5 b	136,7 d
UF45	39,0 a	133,5 a	94,5 a	159,7 d
UF47	39,5 a	104,5 d	65,0 b	317,0 b
UF48	36,5 a	114,5 c	78,0 a	129,4 d
UF50	38,5 a	109,5 d	71,0 a	81,7 d

UF51	40,5 a	113,0 c	72,5 a	201,8 c
UF53	44,0 a	107,5 d	63,5 b	291,6 b
UF55	38,5 a	116,0 c	77,5 a	138,2 d
UF62	37,5 a	113,0 c	75,5 a	176,8 c
UF63	40,0 a	113,0 c	73,0 a	142,7 d
UF67	41,0 a	113,0 c	72,0 a	59,9 d
UF71	40,5 a	111,0 c	70,5 a	115,7 d
UF82	42,0 a	104,0 d	62,0 b	155,3 d
UF106	41,5 a	103,5 d	62,0 b	177,6 c
UF127	42,0 a	120,5 b	78,5 a	399,8 a
UF231	41,0 a	107,5 d	66,5 b	58,3 d
UFRC ₂ P2	39,0 a	111,0 c	72,0 a	218,3 c
UFRC ₁ P1	40,0 a	111,5 c	71,5 a	166,1 c
UFRC ₁ P12	42,0 a	107,5 d	65,5 b	190,5 c
UFRC ₁ P13	39,5 a	113,0 c	73,5 a	53,9 d
UFRC ₁ P16	39,5 a	116,0 c	76,5 a	105,8 d
UFRC ₁ P20	40,5 a	104,0 d	63,5 b	57,4 d
UFRC ₁ P24	35,0 a	109,5 d	74,5 a	191,4 c
UFRC ₁ P25	38,5 a	109,0 d	70,5 a	192,7 c
UFRC ₁ P35	39,0 a	116,0 c	77,0 a	44,2 d
UFRC ₁ P37	36,0 a	113,0 c	77,0 a	145,0 d
UFRC ₁ P41	38,0 a	111,0 c	73,0 a	41,5 d
UFRC ₁ P6	39,0 a	105,0 d	66,0 b	179,0 c
UFRC ₂ P13	39,5 a	116,0 c	76,5 a	191,6 c
UFRC ₂ P22	40,0 a	117,5 c	77,5 a	42,4 d
UFRC ₂ P29	35,5 a	109,5 d	74,0 a	52,2 d
UFRC ₂ P37	39,0 a	123,5 b	84,5 a	206,1 c
UFRC ₂ P39	37,0 a	123,5 b	86,5 a	59,7 d
UFRC ₂ P6	40,0 a	109,5 d	69,5 b	210,4 c
UFRC ₂ P7	38,0 a	116,0 c	78,0 a	291,9 b
UFRC ₁ P34	42,0 a	104,0 d	62,0 b	57,0 d
UFRC ₁ P40	38,5 a	109,5 d	71,0 a	61,8 d
UFRC ₁ P43	42,5 a	109,5 d	67,0 b	179,3 c
UFRC ₁ P44	39,0 a	109,5 d	70,5 a	182,7 c
UFRC ₁ P7	44,0 a	109,5 d	65,5 b	310,4 b
UFRC ₁ P8	41,0 a	111,0 c	70,0 a	179,1 c
TMG 801	41,5 a	117,5 c	76,0 a	142,7 d
BMX DesafioRR	41,5 a	105,0 d	64,0 b	138,7 d

Médias seguidas de letras iguais pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de significância.

Em relação ao NDF, as médias das progênies F₃ variaram de 35,5 dias para UF29 até 44,0 dias para UF53, mas os genótipos não se separaram em diferentes grupos, reafirmando os resultados encontrados na Tabela 9 de que a variabilidade não foi significativa para esse caráter.

As médias do ciclo das progênies avaliadas ficaram entre 97,0 dias no genótipo UF44 e 133,5 dias no UF45. Além disso, as progênies mais precoces foram UF44 (97,0), UF25 (100,5), UF18 (102,0) e UF33 (102,0), apresentando ciclo menor do que a cultivar BMX Desafio RR (105,0). E as mais tardias foram UF45 (133,5) e UF127 (120,5), com ciclo superior à TMG 801 (117,5) (Tabela 10).

Os genótipos foram agrupados em dois grupos quanto ao número de dias do período reprodutivo e as progênies que apresentaram maior número de dias foram UF45 (94,5), UF127 (78,5) e UF48 (78,0), sendo superiores aos parentais TMG 801 e BMX Desafio RR. Além disso, a maioria dos retrocruzamentos foram agrupados no Grupo A, que apresenta as maiores médias (Tabela 10).

Para o caráter produção de grãos (PROD), os genótipos foram agrupados em quatro grupos, evidenciando a existência de variabilidade genética entre eles. As progênies mais produtivas foram UF9 (472,0g), UF127 (399,8g), UF47 (317,0g) e UF1 (316,0g), apresentando produção de grãos superior aos parentais TMG 801 (142,7g) e BMX Desafio RR (138,7g), mostrando alto potencial produtivo (Tabela 10).

No presente estudo foram determinados como critério de seleção a redução para os caracteres NDM e NDR e o incremento para PROD. Além disso, o caráter NDF não foi avaliado quanto ao ganho de seleção pois não mostrou variabilidade genética significativa. De tal forma, os ganhos satisfatórios devem ser positivos apenas para PROD.

A seleção direta é direcionada para um único caráter de interesse e desencadeia na obtenção de ganhos máximos em apenas um caráter sobre o qual se pratica a seleção (CRUZ, 2013). Os ganhos de seleção direta foram de -4,36%, -7,86% e 47,49% para NDM, NDR e PROD (Tabela 11).

Tabela 11: Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para os três caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para as 70 progênies de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	GS ¹ (%)		
	NDM	NDR	PROD
NDM	-4,36	-7,43	1,14
NDR	-3,93	-7,86	4,29
PROD	-0,34	-0,54	47,49

NDM: número de dias para maturação; NDR: número de dias do período reprodutivo; PROD: produtividade de grãos (g); ¹Sentido favorável de seleção negativo para NDM e NDR, e positivo para PROD.

Ao aplicar a seleção direta visando a redução do ciclo total e do período reprodutivo nos genótipos, gerou-se uma seleção indireta o que resultou em ganho genético baixo para a produção de grãos (Tabela 11).

Já para a produção de grãos, o ganho direto foi elevado (47,49%), apesar de a seleção para esse caráter provocar ganhos indiretos baixos, isto é, inferiores a 1%. Ganhos diretos para produção também foram encontrados por Bizari et al. (2017) e Bernardes (2018) corroborando com os resultados do presente trabalho.

Os índices de seleção, diferentemente da seleção direta, constituem-se de uma alternativa que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, pela combinação de vários caracteres (ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013). O ganho de seleção obtido pela metodologia de Mulamba&Mock (1978) foram de -4,12, -4,59 e 38,10 para NDM, NDR e PROD, respectivamente (Tabela 12).

Tabela 12: Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para três caracteres pela seleção pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba&Mock (1978), para as 70 progênies de soja, no município de Uberlândia – MG.

CARÁCTER	GS (%)
	Mulamba&Mock (1978)
NDM	-4,12
NDR	-4,59
PROD	38,10

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturação; NDR: número de dias do período reprodutivo; PROD: produtividade de grãos (g); Sentido favorável de seleção negativo para NDM e NDR, e positivo para PROD.

Apesar de os ganhos obtidos pela soma de “ranks” apresentarem sentido satisfatório para o melhoramento, eles foram inferiores aos obtidos pela seleção direta para todos os caracteres em estudo, evidenciando que a seleção direta pode ser mais satisfatória ao se observar um caráter separadamente. Por outro lado, ao considerar o ganho indireto para caracteres relacionado a ciclo aplicando-se a seleção direta para produção de grãos, o índice promoveu ganhos mais relevantes.

6) CONCLUSÕES

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo e restrito oriunda dos parentais TMG 801 e BMX Desafio RR foram de elevada magnitude para NNM (77,36%), NNP (73,57%), APM (72,10%) e médias para PROD (67,14%), NDM (65,08%) e V3 (63,41%),

As estimativas de herdabilidades no sentido amplo em progênes F₃ foram superiores a 70% para o ciclo total e a produção de grãos.

A seleção direta para a produção de grãos nas progênes F₃ foi de 47,49%.

O uso do índice de seleção de Mulamba e Mock (1978) agregando redução ciclo total e incremento na produção de grãos proporcionou ganho de seleção de 38,10% para a produção de grãos.

As progênes UFU 9 e UFU 127 foram superiores quanto a produção de grãos e apresentaram ciclos semiprecoces.

Foi possível identificar progênes de soja com ciclos inferiores a 100 dias, contudo com produção de grãos inferiores.

7) 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. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.

ANDRADE, A. C. B. **Estratégias de seleção de genótipos de soja por meio de modelos mistos e abordagens multivariadas.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, 2015.

BACAXIXI, P. et al. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Ano X, n. 20, 2011.

BALDISSERA, J. N. C. et al. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant population. **Journal of Agroveterinary Sciences**, v. 13, n.2, p. 181-189, 2014.

BÁRBARO, I. M. et al. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações f5 de soja. **Revista Ceres**, Jaboticabal, SP, n. 54, p. 250-261, 2007.

BERNARDES, F. S. et al. Ganho genético para componentes de produção em população segregante de soja. **Ciência & Tecnologia: Fatec-JB**, Jaboticabal, v.10, n.2, 2018.

BERNARDES, F. S. **Análise de gerações e estratégias de seleção em genótipos de soja visando resistência à ferrugem asiática e produção de grãos.** Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2019.

BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. **Woodbury: Stemma Press.** 2 ed., p. 300, 2010.

BIZARI, E. H. **Índices de seleção para caracteres agrônômicos em populações segregantes de soja.** Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp, Jaboticabal, 2014.

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

BORÉM, A. **Hibridação Artificial de Plantas.** Viçosa, MG: Ed. UFV. 2. ed., p.625, 2009.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; NETO, R. F. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Ed. UFV. 7. ed., p. 90, 2017.

BRASMAX GENÉTICA. **Cultivares Região Cerrado: BMX Desafio RR**, 2019. Disponível em: < <https://www.brasmaxgenetica.com.br/cultivar-regiao-cerrado/>>. Acesso em: 19 julho 2019.

COLOMBO, G. A. **Estratégias de seleção em populações segregantes de soja para baixas latitudes no cerrado**. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal do Tocantins, Gurupi, TO, 2016.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19, Terceiro levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília, v;6, p. 1-127, 2018.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2018/19, Nono levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília, v. 6, p. 1-50, 2019.

CORREA, A. M. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Rev. Ceres**, Viçosa, v. 59, n.1, p. 88-94, 2012.

COSTA, M. M. et al. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, DF, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.

COSTA, N.; SANTANA, A. **Poder de mercado e desenvolvimento e novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise da experiência brasileira**, v. 56, n. 1, p.61-68, 2013.

CRUSCIOL, C. A. C. et al. Produção e qualidade fisiológica de sementes de soja avaliadas na semeadura de inverno. **Scientia Agrícola**, v.59, n.1, p.79-86, jan./mar. 2002.

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

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

CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547- 552, 2016.

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

DINIZ, R. M. G. et al. Comportamento agrônomico de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia biosfera**. Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.10, n.18;

p. 973, 2014.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. **New York: Springer**, 2010. 663p.

HOLTZ, V. et al. Perdas na colheita mecanizada de soja utilizando diferentes mecanismos na plataforma de corte. **Pubvet**, Nova Xavantina, MT. v.13, n.2, p.1- 6, 2019.

DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P. Correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 541-552, 2012.

IEA. Instituto de Economia Agrícola. **Soja: Brasil pode se tornar maior produtor mundial no próximo ano**. São Paulo, SP., 2018. Disponível em: <<http://www.iea.sp.gov.br/out/TerTexto.php?codTexto=14450>>. Acesso em: 18 jun 2019.

LARA JÚNIOR, J. A. et al. Desempenho agrônômico de cultivares de soja e épocas de semeadura, em solo glei húmico com sistema de camalhões. **Sci. Agrar. Parana.**, Marechal Cândido Rondon, v. 18, n. 1, p. 9-14, 2019.

LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **ComunicataScientiae**, Bom Jesus, v.7, n.3, p.302-310, 2016.

LEITE, W. S. **Seleção de genótipos de soja portadores ou não do gene rr por meio de análise multivariada e desempenho agrônômico**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Jaboticabal, SP, 2016.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 30, n.4, p.343-349, 2005.

MACHADO, B. Q. V. et al. Phenotypic and genotypic correlations between soy bean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, v. 16, n. 2, 2017.

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, MG, 2018.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, p. 27-53. 2015.

NETO, A. C. G. et al. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Hortic. bras.**, v. 30, n. 4, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2011.

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Biosci. J.**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, A. B. **Fenologia, desenvolvimento e produtividade de cultivares de soja em função de épocas de semeadura e densidades de plantas**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Jaboticabal, SP, 2010.

PACHECO, A. L. et al. A importância do agronegócio para o Brasil – revisão de literatura. **Revista científica eletrônica de medicina veterinária**, Garça, SP. Ano X – n. 19, 2012.

PIMENTEL, A. J. B.; et al. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p.113-121, 2013.

REZENDE, J.C. et al. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, 2014.

ROCHA, M. R. **Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2018.

RONCON, N. **A importância do setor agrícola para a economia Brasileira**. Fundação Educacional do Município de Assis – FEMA/IMESA – Assis, p.69, 2011.

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

SANTIAGO, S. **Predição de ganho genético utilizando índices de seleção em linhagens de milho**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, SP, 2014.

SANTOS, E. R. **Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agrônômicas em baixas latitudes**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Brasília, DF, 2016.

SANTOS, E. R. et al. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Brasília, DF, v. 15, n. 1, 2018.

SEAB: Secretaria de Estado da Agricultura e do Abastecimento – Departamento de Economia Rural. Soja – **Análise da Conjuntura Agropecuária**, 2013. Disponível

em:

<http://www.agricultura.pr.gov.br/arquivos/File/deral/Prognosticos/soja_2012_13.pdf
> Acesso em: 13 jun 2019.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG. p. 333, 2015.

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

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. **A soja**. 1ed. Londrina: Editora Mecenaz LTDA, v. 1, p. 11-18, 2016.

SILVA, A. S. L. **Diversidade genética entre genótipos de soja e estabelecimento de coleções nucleares e de melhoramento para teores de óleo e de proteína**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2016.

SILVA, N. S. **Divergência genética, adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de soja sob infecção natural por ferrugem, sem fungicida**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2018.

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2007.

TEIXEIRA, F. G. **Herança da precocidade e de caracteres agrônômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2017.

TEIXEIRA, F. G. et al. Genetic parameters and selection of soy bean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017.

TESSELE, A. **Seleção genômica ampla para escolha de genitores de soja e predição do desempenho de populações híbridas**. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2017.

TODESCHINI, M. H. **Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agrônômicos**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2018.

TORRES, F. E. et al. Desempenho agrônômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, n. 38(1), p. 111-117, 2015.

TPM – TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO. **Além da produtividade: Soja**,

2019. Disponível em: < <http://www.tmg.agr.br/>>. Acesso em 19 julho 2019.

USDA - UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Long-Term agricultural projections agricultural. USDA Agricultural Projectionsto 2027.** Long-TermProjectionsProcess. Estados Unidos: USDA, 2018. Disponível em: <www.usda.gov/oce/commodity/projections>. Acesso em 14 maio 2019.

VASCONCELOS, E. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.