

CAROLINA OLIVEIRA DA SILVA

**GANHO GENÉTICO PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS EM POPULAÇÕES
PRECOCES NAS GERAÇÕES F₂ E F₃ DE SOJA**

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2020

CAROLINA OLIVEIRA DA SILVA

**GANHO GENÉTICO PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS EM POPULAÇÕES
PRECOCES NAS GERAÇÕES F₂ E F₃ DE SOJA**

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

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Coorientadora

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

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2020

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

S586	Silva, Carolina Oliveira da, 1984-
2020	Ganho genético para produção de grãos em populações precoce nas gerações F2 e F3 de soja [recurso eletrônico] : não tem / Carolina Oliveira da Silva. - 2020.
<p>Orientador: Osvaldo T. Hamawaki. Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Agronomia. Modo de acesso: Internet. Disponível em: http://doi.org/10.14393/ufu.di.2019.2505 Inclui bibliografia.</p>	
<p>1. Agronomia. I. Hamawaki, Osvaldo T.,1954-, (Orient.). II. Nogueira, Ana Paula Oliveira,1981-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Agronomia. IV. Título.</p>	

CDU: 631

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



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Secretaria do Programa de Pós-Graduação em Agronomia

Rodovia BR 050, Km 78, Bloco 1CCG, Sala 206 - Bairro Glória, Uberlândia-MG, CEP 38400-902
Telefone: (34) 2512-6715/6716 - www.ppga.iciag.ufu.br - posagro@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia			
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 008/2020 PPGAGRO			
Data:	Dezenove de fevereiro de dois mil e vinte	Hora de início:	09:21	Hora de encerramento:
Matrícula do Discente:	11812AGR004			
Nome do Discente:	Carolina Oliveira da Silva			
Título do Trabalho:	Ganho genético para produção de grãos em populações precoces nas gerações F2 e F3 de soja.			
Área de concentração:	Fitotecnia			
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas			

Reuniu-se no anfiteatro do bloco 4G Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU; Fernando Cesar Juliatti - UFU; Breno César Marinho Juliatti - JULIAGRO; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, 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 concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

Aprovado(a).

Esta defesa faz 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 **Osvaldo Tosiyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 19/02/2020, às 12:14, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,
§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#)



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 19/02/2020, às 12:16, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,
§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar JuliaG, Professor(a) do Magistério Superior**, em 19/02/2020, às 12:19, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º,
§ 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Breno Cezar Marinho JuliaG, Usuário Externo**, em 19/02/2020, às 12:19, 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 **1807383** e o código CRC **B152CDA5**.

Aos meus pais, Cida e Pércio
Às minhas irmãs, Tércia e Priscila
Ao meu namorado, Arthur

COM AMOR, DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, por sempre iluminar meus caminhos, me dando força e perseverança.

Aos meus pais, Cida e Pércio, pelo incentivo, apoio e ajuda, em especial minha amada mãe.

Às minhas queridas irmãs, Tércia e Priscila, pela amizade, pelos conselhos e pela ajuda.

Ao meu namorado, Arthur, pelo amor, ajuda e apoio.

Ao professor Dr. Osvaldo, pelo apoio, pelos ensinamentos e pela oportunidade de participar do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, onde atuei em experimentos e projetos que proporcionaram muitos aprendizados.

À professora Dr.^a Ana Paula, por transmitir seus conhecimentos de forma tão dedicada, por mostrar que o amor tanto à profissão quanto às pessoas é o caminho do sucesso e da felicidade.

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela ajuda e pelas risadas e companherismo nas atividades experimentais, em especial ao Mike, Gabriela, Milaine, Luiz e Rafael.

Aos colegas da pós-graduação, Thúlio, Fernanda, Flaviane, Anna Regina, Sílvia, Alex, Makys, Melissa, Natália, Marina, Matheus, César Henrique, Morgana, Lorryne e Fábio, pela ajuda, amizade e ensinamentos compartilhados.

Às minhas amigas de infância, Líiane e Ana Carolina, pela ajuda, mesmo sendo de outras áreas de formação, em especial à Líiane, minha irmã de coração.

Aos funcionários da fazenda Capim Branco, em especial ao Francisco (Luquinha), pela constante ajuda e ensinamentos durante a condução dos experimentos.

Aos membros da banca examinadora, professor Dr. Fernando César Juliatti e Dr. Breno Juliatti, pela disponibilidade e contribuição na melhoria do trabalho.

Ao Programa de Pós-graduação em Agronomia, à Universidade Federal de Uberlândia, ao Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia e à CAPES, pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado, pelo suporte acadêmico e financeiro e pelas instalações e serviços.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO	11
2.	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	13
2.1.	A cultura da soja.....	13
2.2.	Importância Econômica.....	14
2.3.	Melhoramento Genético.....	15
2.4.	Parâmetros genéticos.....	16
2.4.1.	Herdabilidade	16
2.4.2.	Número de genes	17
2.5.	Predição de ganhos genéticos por seleção.....	18
2.5.1.	Seleção direta de caracteres.....	18
2.5.2.	Correlação entre caracteres.....	18
2.5.3.	Índices de seleção	20
3.	MATERIAL E MÉTODOS	21
3.1.	Local do experimento.....	21
3.2.	Escolha dos genitores, obtenção de sementes híbridas e da população segregante F ₂	21
3.3.	Implantação e condução da população F ₂	22
3.4.	Obtenção e condução da geração F ₃	23
3.5.	Caracteres avaliados nas gerações F ₂ e F ₃	24
3.6.	Análises genético-estatística para geração F ₂	26
3.7.	Análises Genético-estatística para a geração F ₃	27
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4.1.	Parâmetros fenotípicos e genéticos em populações F ₂ de soja.....	32
4.2.	Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico em progênie F ₃ de soja	44
4.3.	Correlação fenotípica e genotípica entre caracteres em soja	50
4.4.	Predição de ganho genético com a seleção.....	54

CONCLUSÕES	59
REFERÊNCIAS	60

SILVA, CAROLINA OLIVEIRA, **Ganho genético para produção de grãos em populações precoces nas gerações F₂ e F₃ de soja**. 2020, Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.¹

RESUMO

O avanço da produção mundial de soja se deve principalmente aos programas de melhoramento genético, que buscam desenvolver cultivares com alto potencial produtivo, resistentes aos estresses bióticos e abióticos. As avaliações dos parâmetros genéticos em gerações precoces no melhoramento de plantas consistem em selecionar indivíduos e progênies promissoras em gerações iniciais de endogamia, como F₂ e F₃, e assim, avançar apenas genótipos com potencial para gerar linhas puras produtivas e com características agronômicas superiores. Os objetivos deste trabalho foram estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em populações F₂ e F₃; avaliar diferentes estratégias de seleção de genótipos e selecionar progênies, visando a melhoria de caracteres agronômicos e a produção de grãos. O experimento foi conduzido na fazenda experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia – MG. Foram avaliadas populações precoces nas gerações F₂ e F₃ derivadas de um cruzamento biparental entre os genitores UFUS 7415 e TMG 7161 RR. Na primeira etapa do experimento avaliou-se os parâmetros genéticos de 360 indivíduos na geração F₂ e 150 genótipos de cada parental. A herdabilidade variou de 4,66 % para número de sementes por vagens a 86,06 % para altura da planta no florescimento na geração F₂. Obteve-se segregantes transgressivos para todos os caracteres em estudo, exceto para altura da primeira vagem e número de vagens totais. É possível inferir que os maiores ganhos de seleção foram obtidos para os caracteres números de nós no florescimento (19,97 %), altura da planta na maturidade (26,08 %) e altura da planta no florescimento (29,68 %), relacionados com a produção de grãos. Na segunda etapa do experimento foram avaliados 145 genótipos na geração F₃ e seus parentais, em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições, cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 1,0 m com 10 sementes por metro. Foram avaliados os parâmetros genéticos, as correlações entre caracteres e os ganhos genéticos obtidos pela seleção direta, indireta e baseada nos índices da distância Genótipo-Ideótipo e índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978). Formaram-se distintos grupos de médias para os caracteres em estudo. Com a seleção direta obteve-se ganhos de seleção oscilando de -5,34 % para número de dias para o florescimento a 16,19 % para produção de grãos por linha. O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou ganho de seleção total de 40,49 %, enquanto que o índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) obteve um ganho total de 39,35 % e os ganhos de seleção para os caracteres de ciclo e caracteres relacionados à produção de grãos foram superiores pela soma de “ranks”.

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

¹Orientador: Professor Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU e Coorientadora: Professora Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU.

SILVA, CAROLINA OLIVEIRA, **Genetic gain for grain production in early populations in the soybean F₂ and F₃ generations**. 2020, Dissertation (Master's Degree in Agronomy/Plant Science) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.

ABSTRAT

The advance of the worldwide production of soy is possible due to genetic improvement programs that seek to develop cultivars with high productive potential, resistant to biotic and abiotic stresses. The evaluation of genetic parameters in early generations in plant breeding consists of selecting individuals and progenies in early generations of inbreeding, such as F₂ and F₃, and thus advancing only progenies with the potential to generate pure productive lines and with superior agronomic characteristics. The objectives of this work were to estimate genetic and phenotypic parameters in populations F₂ and F₃; evaluate different genotype selection strategies and select progenies to improve agronomic traits and grain production. The experiment was carried out at the Capim Branco experimental farm at the Federal University of Uberlândia, located in Uberlândia - MG. Early populations in the F₂ and F₃ generations derived from a biparental cross between the parents UFUS 7415 and TMG 7161 RR were evaluated. In the first stage of the experiment, the genetic parameters of 360 individuals in the F₂ generation and 150 genotypes of each parent were evaluated. Heritability varied from 4,66 % for number of seeds per pod to 86.06 % for plant height at flowering in the F₂ generation. Transgressive segregants were obtained for almost all characters under study, except for APV and NVT. It is possible to infer that the greatest selection gains were obtained for the characters number of nodes at flowering (19.97 %), plant height at maturity (26.08 %) and plant height at flowering (29.68 %), related to grain production. In the second stage of the experiment, 145 genotypes in the F₃ generation and their parents were evaluated in a randomized block design with two replications, each experimental unit was constituted by a 1.0 m row with 10 seeds per meter. The genetic parameters, the correlations between characters and the genetic gains obtained by direct and indirect selection and based on the indexes of the Genotype-Ideotype distance and the index of the sum of "ranks" by Mulamba, Mock (1978) were evaluated. Different groups of averages were formed for the characters under study. With direct selection, selection gains ranged from -5.34 % for number of days for flowering to 16.19 % for grain production per row. The genotype-ideotype distance index showed a total selection gain of 40.49 %, while the Mulamba, Mock (1978) sum of ranks index obtained a total gain of 39.35 %, and the gains of selection for cycle characters and characters related to grain production were superior by the sum of "ranks".

Keywords: *Glycine max*, genetic parameters, selection indexes.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* [L.] (Merrill), considerada uma das commodities mais importantes do mundo, se destaca sobre o mercado de produção e consumo de oleaginosas. Esse destaque agroindustrial é comprovado segundo dados do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), no qual a estimativa da produção global para a safra 2019/2020 é de 338,97 milhões de toneladas do grão, sendo que o Brasil será responsável por 123 milhões de toneladas, tornando-se o maior produtor mundial, seguido dos Estados Unidos, com 96,62 milhões de toneladas (DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA, 2019).

O avanço da produção mundial de soja ocorre também devido aos programas de melhoramento genético, que buscam desenvolver cultivares com alto potencial produtivo, resistentes às pragas, às doenças e estresses abióticos. Todavia, as atividades de pesquisa no melhoramento clássico, referentes a caracteres quantitativos, oneram bastante tempo, recursos e área para execução de experimentos. Deste modo, a seleção precoce pode proporcionar economia de tempo e de recursos físicos e financeiros, por permitir o descarte de progêneres de baixo potencial genético nas primeiras gerações (ROCHA et al., 2015).

O processo de melhoramento é dividido em várias etapas, entre elas a escolha de genitores com características superiores, hibridações, avanço de gerações para o restabelecimento da homozigose, seleção e, então, testes intermediários e finais de linhagens promissoras. Assim, a estimativa de parâmetros genéticos se torna indispensável no processo de seleção de genótipos, contribuindo para a definição das melhores estratégias de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A herdabilidade, o coeficiente de correlação e as variâncias genotípicas e fenotípicas, são parâmetros que guiam o melhorista na escolha do melhor método para conduzir os programas de melhoramento. A herdabilidade reflete a proporção da variação genética presente na variância fenotípica total, ou seja, que pode ser herdada (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O coeficiente de correlação possibilita o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHE-NETO, 2017).

A obtenção de uma nova cultivar, que reúna o maior número de caracteres de interesse econômico, só é possível com o avanço de gerações através dos cruzamentos

duplos, triplos, complexo e outros, entre genitores contrastantes e posterior estudos de gerações precoces (HAMAWAKI et al., 2012; PASSOS et al., 2010). Trata-se de um processo complexo, pois os caracteres de importância agronômica são de natureza quantitativa, controlados por vários genes correlacionados entre si e em sua maioria possuem baixa herdabilidade (LEITE et al., 2016).

No processo de melhoramento de soja, vários caracteres relacionados ao ciclo, a altura, aos componentes de produção e a resistência a doenças, são objetivados e, predominantemente, estes caracteres possuem natureza quantitativa, assim é fundamental realizar a estimativa de seus parâmetros genéticos e definir estratégias de seleção (MUNIZ et al., 2007; VAL et al., 2017). A seleção direta desses caracteres pode provocar mudanças desfavoráveis em outras características (VASCONCELOS et al., 2010). Desta forma, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres aumenta a chance de sucesso de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014; VASCONCELOS et al., 2010). O uso de índices de seleção permite efetuar a seleção simultânea de caracteres com eficiência (CRUZ, 2013; ROSADO et al., 2012).

Neste contexto, objetivou-se neste estudo estimar parâmetros genotípicos e fenotípicos em populações F_2 e F_3 de soja; avaliar diferentes estratégias de seleção de genótipos e selecionar progêneres, visando a melhoria de caracteres agronômicos e a produção de grãos.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. A cultura da soja

Com centro de origem na China, na região da Manchúria, a soja (*Glycine max* [L.] Merrill) teve início de sua domesticação há 5 mil anos (CARTER et al., 2004), com evolução a partir de cruzamentos naturais entre duas espécies selvagens, e expansão para outras regiões da Ásia e posteriormente Europa, América do Sul e América do Norte (CHUNG; SINGH, 2008). Foi introduzida no Brasil, no estado da Bahia, a partir de sementes pertencentes aos Estados Unidos em 1882, apresentando baixa adaptação ao clima local. Em 1908, a cultura apresentou melhor desenvolvimento no Estado de São Paulo devido à semelhança de latitude com seu local de origem (latitude de 22º Sul) e, posteriormente, no Rio Grande do Sul, onde encontrou condições climáticas ainda mais favoráveis (latitudes entre 27º e 34º Sul) (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

O Brasil se destacou como produtor de soja pelas estatísticas internacionais pela primeira vez nos anos 70, consolidando-se como a principal lavoura devido aos expressivos aumentos de área plantada e produção (DALL'AGNOL, 2016). Sua evolução no País esteve sempre relacionada ao melhoramento genético, sendo as pesquisas envolvendo o fotoperíodo uma das mais expressivas conquistas (HARTWIG; KIIHL, 1979). Classificada como planta de dia curto, a floração é induzida se o fotoperíodo do dia for menor ou igual ao fotoperíodo crítico de cada cultivar (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Ao serem cultivadas sob condições de fotoperíodos maiores ao fotoperíodo crítico, ocorrerá a indução precoce do florescimento, resultando em baixa estatura da planta e consequentemente baixa produção (NOGUEIRA et al., 2015).

Assim, a descoberta do período juvenil longo possibilitou a expansão da soja por todo o território brasileiro, como no cerrado e, atualmente, pela chamada última fronteira agrícola, composta pelos estados de Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia (conhecido como MATOPIBA). O período juvenil longo é vinculado a genes recessivos, que alongam o período de insensibilidade da planta ao fotoperíodo, maximizando a produção mesmo em condições de dias longos (LU et al., 2017).

2.2. Importância Econômica

A soja pertencente à família Fabaceae, poliploide ($2n=4x=40$) considerada a terceira maior família de plantas do mundo, apresenta cleistogamia, ou seja, polinização e fecundação da flor antes de sua abertura. Vista como uma das principais fontes globais de proteína, suas sementes são constituídas por aproximadamente 40 % de proteína e 20 % de óleo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Porém, o que a torna uma espécie singular é a capacidade de produção de proteína de alta qualidade, sem necessidade de aplicação de adubos nitrogenados, devido ao processo natural de fixação biológica de nitrogênio (N_2) que ocorre através da simbiose com bactérias do gênero *Bradyrhizobium* (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O polo industrial voltado ao processamento da soja origina produtos e subprodutos dos grãos, e junto com a planta da soja apresentam várias utilizações, como: nutrição animal (silagem, farelo, entre outros), alimentação humana (óleo, margarina, panificação, massas alimentícias, entre outros), usos industriais (adesivos, tintas, inseticidas, tecidos, sabões, entre outros), adubação verde e usos potenciais (adesivos para madeira, plásticos biodegradáveis, materiais poliméricos para construção, entre outros) (CÂMARA, 2015).

A produção mundial de soja na safra 2018/19 foi de 358,77 M.t, sendo o maior produtor os Estados Unidos com 120,52 M.t, seguida do Brasil, 117,00 M.t e Argentina, 55,30 M.t (DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA, 2019). Para a safra 2019/20 a expectativa é que o Brasil supere a produção Norte-Americana devido aos problemas comerciais que este País está enfrentando com a China, que buscou no Brasil seu principal fornecedor de soja (DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA, 2019).

Os maiores importadores mundiais do grão são China, que em maio de 2019 teve uma média de importação de 87 M.t; seguida da União Europeia, com média de 15,10 M.t. O Brasil é, atualmente, o maiores exportador da oleaginosa, responsável por exportar 75 M.t (DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA, 2019).

A produção brasileira de soja concentra-se na Região centro-oeste, com expectativa para safra 2019/20 de 112.597,00 mil t, sendo o estado do Mato Grosso o maior responsável por essa alta produção, com participação de mais de 60 % da produção total desta região; seguida pela região Sul com 40.027,00 mil.t, representado pelos estados do Paraná e Rio Grande do Sul; e região Sudeste com 23.32800 mil t, sendo Minas Gerais

o maior produtor desta região, com expectativa para essa safra de 14.252,00 mil t (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2019).

As perspectivas de aumento da demanda e produção por grãos de soja são positivas, as causas consideradas são: o aumento da população humana; o aumento do poder aquisitivo, principalmente nos países asiáticos onde se encontra o maior potencial de consumo mundial; o uso da soja para produção de biocombustíveis, tintas, lubrificantes, plásticos e vernizes; dentre outros (DALL'AGNOL et al., 2009). Essas perspectivas estão acompanhadas pelo desempenho das instituições de pesquisa, como os programas de melhoramento genético de soja do Brasil, que ao longo dos anos desenvolveram centenas de cultivares (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

2.3. Melhoramento Genético

As pesquisas envolvendo o melhoramento genético da soja tiveram início no Rio Grande do Sul na década de 30, no município de Veranópolis, que resultou no desenvolvimento da primeira cultivar lançada em 1960 com o nome de Pioneira (SEDIYAMA, 2015). Porém, os programas de melhoramento de soja no Brasil tiveram maior impulso entre as décadas de 1970 e 1990, envolvendo instituições públicas e privadas de pesquisa (BORÉM; MIRANDA, 2009) visando a manutenção de coleções de cultivares, onde as características botânicas e agronômicas eram analisadas e ensaios de competição para a avaliação de rendimento eram feitos (KIIHL, 2006). Atualmente, o grande desafio da agricultura mundial é aumentar a produção sem a necessidade de incorporar novas áreas e, com isso, a produtividade da soja vem aumentando a cada safra, devido as novas técnicas de manejo e principalmente pelo desenvolvimento de cultivares geneticamente melhoradas (MATSUO et al., 2015; PELUZIO et al., 2009).

A obtenção dessas cultivares com alta performance produtiva superiores àquelas já existentes no mercado é resultado do processo de melhoramento, que gasta em média de 5 a 7 anos de trabalho (MIKEL et al., 2010). A primeira etapa visa a escolha de genitores contrastantes e produtivos, aumentando assim a probabilidade de obtenção de segregantes transgressivos, ou seja, descendentes superiores a ambos os pais (BHERING et al., 2017). Então, realiza-se as hibridações artificiais pra obtenção de sementes híbridas e posteriormente populações segregantes com variabilidade genética. Estes cruzamentos podem ser classificados em cruzamentos duplos, triplos, complexos, dentre outros (BORÉM; MIRANDA, 2013; MATSUO et al., 2015).

Uma vez obtida uma população segregante, passa-se para a etapa de avanço das gerações pelas autofecundações naturais para restabelecer a homozigose acompanhadas por seleções de progêneres, então, inicia-se os ensaios preliminares, ensaios de valor de cultivo e uso, ensaios intermediários e finais (NOGUEIRA et al., 2015; PÍPOLO et al., 2007). Como o avanço das gerações para atingir a homozigose demanda bastante tempo, recursos humanos e financeiros, é necessário realizar uma eficiente escolha de parentais e seleção dos genótipos promissores nas gerações iniciais (BORÉM; MIRANDA, 2009), que tem como foco na seleção de caracteres, como o ciclo, alta produção, deiscência de vagens, resistência a doenças e qualidade de sementes (SEDIYAMA et al., 2015). Já nos testes finais de linhagens, os fatores mais importantes são a uniformidade genotípica, estabilidade dos caracteres e adaptabilidade ampla aos diferentes locais representativos para os testes onde se deseja lançar as novas cultivares (SEDIYAMA et al., 2015).

2.4. Parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos permitem que os melhoristas escolham o melhor método de seleção, em etapas iniciais e avançadas do melhoramento, e determina a importância de cada caráter, separadamente ou em conjunto. Suas estimativas são realizadas a partir de coeficientes como: a herdabilidade (ampla ou restrita); o número de genes (que governa determinada característica); e componentes da variância genética (ROSSMANN, 2002; VASCONCELOS et al., 2010). A interpretação desses parâmetros auxilia no processo de escolha, na predição do sucesso e na viabilidade das estratégias de seleção. Os parâmetros genéticos podem ser estimados nas gerações iniciais em populações segregantes, ou nas mais avançadas, na seleção de linhagens (BALDISSERA et al., 2014; HAMAWAKI et al., 2012).

2.4.1. Herdabilidade

A herdabilidade (H^2) corresponde a proporção da variação fenotípica que é devido às causas genéticas e pode ser estimado no sentido amplo e restrito. A herdabilidade no sentido amplo corresponde à razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto que, no sentido restrito, constitui-se na razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012;

VENCOVSKY; BARRIGA 1992). A herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada. Prediz a possibilidade de sucesso com a seleção, por expressar a variância total que é atribuída aos fatores genéticos e por determinar o grau de confiabilidade do valor fenotípico, permitindo a realização da estimativa dos ganhos genéticos e a escolha dos métodos de seleção a serem aplicados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Este parâmetro é inteiramente correlacionado aos ganhos de seleção, sendo que, quanto maior a herdabilidade de um caráter, maior o êxito na seleção. A herdabilidade varia de zero a um. Quando igual a um, significa que toda a variação expressa pelo fenótipo é de natureza genética e a seleção nas gerações iniciais é eficaz; e quando igual a zero, a variação é de natureza ambiental, assim a seleção deve ser realizada nas gerações mais avançadas, devida à maior homozigose, consequência das autofecundações (CRUZ, 2005; FEHR, 1987; VASCONCELOS et al., 2010).

Este coeficiente varia de acordo com as características agronômicas e alguns fatores como o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a heterogeneidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental, a precisão na condução do experimento e a exatidão na coleta de dados (BOREM; MIRANDA, 2013).

Em estudos relacionados com a herança de caracteres agronômicos em geração F₂ em Uberlândia - MG, Mattos (2018) analisou 92 indivíduos de soja e encontrou coeficientes de herdabilidade no sentido amplo variando entre 80,68 %, para número de nós na maturação, a 96,82 %, para número de dias para floração, e Rocha (2018) obteve estimativas de herdabilidade no sentido amplo para número de dias para o florescimento variando entre 98,1 % a 99,5 % e para número de dias para maturidade de 95,0 % a 98,3 %. Costa et al. (2008) estimaram a herdabilidade no sentido amplo para o caráter produção de grãos por planta em geração F₃ para 6 populações de soja e obtiveram resultados que oscilaram entre 49 e 93 % de herdabilidade. Silva et al. (2017), ao realizarem análises semelhantes em casa de vegetação em população F₃ de soja provenientes do programa de melhoramento da UFV, obtiveram herdabilidade no sentido amplo para produção de 79,5 % e para altura de planta de 86,20 %.

2.4.2. Número de genes

A partir do número de genes envolvidos no controle de um caráter, é possível prever o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo, de maneira que, quanto maior o número de genes envolvidos, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população, e maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose (BALDISSERA et al., 2014). O número de genes indica o tipo de herança que controla um caráter, que pode ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005). Quando se tem grande influência do ambiente sobre um caráter, e quando se trata de um caráter governado por vários genes de pequenos efeitos, se torna mais difícil a obtenção da estimativa de número de genes (BALDISSERA et al., 2014).

2.5. Predição de ganhos genéticos por seleção

2.5.1. Seleção direta de caracteres

A seleção direta consiste em ganhos máximos em um único caráter, no qual se pratica a seleção e, dependendo da associação desse caráter com os outros, poderá ocorrer respostas positivas ou negativas nos caracteres secundários, que não foram analisados no processo de seleção (CRUZ, 2013).

A razão CVg/CVe permite avaliar a variabilidade de sucesso no processo seletivo, onde valores maiores que 1,0 (um) possibilitam uma seleção efetiva por métodos mais simples de melhoramento e favorecem a seleção fenotípica de caracteres (COSME, REGAZZI; CARNEIRO, 2012; ; CRUZ et al., 2004; PIMENTEL-GOMES, 1985) devido a maior variância genética que a variância ambiental, ou seja, as características manifestam-se devido a maior contribuição genética (YOKOMIZO, 2012).

Para obter genótipos de soja com ausência das enzimas de lipoxigenases, Santos (2016) estudou caracteres agronômicos de quatro cultivares de soja e observou razão maior que uma unidade para as variáveis NDM, AP, NVP e RG, concluindo que é possível obter ganho genético por seleção direta.

2.5.2. Correlação entre caracteres

A correlação é um parâmetro que prediz a associação entre duas variáveis ou o grau de variação conjunta de duas variáveis, sendo analisados quanto a sua direção, magnitude e significância. Sua direção pode ser positiva quando ocorre o acréscimo nas duas variáveis, ou negativa, quando ocorre o acréscimo de uma e decréscimo da outra variável. Já a magnitude desse coeficiente varia entre -1 e 1, considerando que o valor -1 indica total ausência de relação linear e o valor 1 evidencia correlação forte. A significância indica quando um coeficiente de correlação representa a relação entre dois caracteres de forma confiável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; NOGUEIRA et al., 2012).

A estimativa dos coeficientes de correlação permite ao melhorista o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (RAMALHO et al., 2012). O conhecimento da correlação entre caracteres é importante principalmente em características agronômicas de baixa herdabilidade, os quais apresentam alta influência do ambiente, tendo a seleção dificultada. Assim, o caráter correlacionado com outro de alta herdabilidade pode ser utilizado para mensuração indireta e conduzir a progressos mais rápidos para o melhoramento (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2011; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Entre dois caracteres pode existir três tipos de correlações, a fenotípica, a genotípica e a de natureza ambiental. A correlação fenotípica tem causas genéticas e ambientais, porém, apenas a genética engloba uma natureza herdável, podendo ser utilizada em programas de melhoramento (FALCONER; MACKAY, 1996; NOGUEIRA et al., 2012; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A pleiotropia e a ligação gênica explicam a correlação genética entre pares de caracteres. Sendo a pleiotropia a capacidade de um gene em influenciar dois ou mais caracteres; e o desequilíbrio da ligação gênica uma causa transitória, ocasionada principalmente em populações originadas de cruzamentos divergentes (FALCONER; MACKAY, 1996).

Na cultura da soja ocorre correlação negativa entre os caracteres, teores de óleo e proteínas dos grãos, onde ocorre decréscimo da concentração de proteínas quando selecionados genótipos que apresentam elevados teores de óleo (BRUNO et al., 2015); e correlação positiva entre o número de vagens por planta e produção de grãos, onde se tem maior produção de grãos ao selecionar genótipos com maior número de vagens por planta (ALMEIDA et al., 2010; TEODORO et al., 2015).

2.5.3. Índices de seleção

A seleção direta baseada em um ou poucos caracteres pode resultar em alterações desfavoráveis em outros caracteres devido a presença de correlações negativas entre eles. Como os programas de melhoramento buscam desenvolver cultivares superiores, é necessário que todos ou a maioria reúna características agronômicas favoráveis. Assim, os índices de seleção tornam-se uma opção para a seleção de genótipos que apresentam simultaneamente um conjunto de características alvo do melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 1997; REZENDE et al., 2014).

Os índices de seleção são técnicas multivariadas, de valores fenotípicos, o qual resultam em um valor, os méritos e os deméritos de cada genótipo para vários caracteres (REZENDE et al., 2014; VASCONCELOS et al., 2010), sendo uma alternativa que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência através da combinação linear de vários caracteres. Porém, o ganho sobre o caráter é reduzido, mas essa redução é compensada por uma melhor distribuição dos ganhos favoráveis nos demais caracteres (CRUZ, 2013; GONÇALVES et al., 2007; ROSADO et al., 2012).

Diferentes índices são utilizados e cada um resulta em diferentes alternativas de seleção e, consequentemente, de ganhos genéticos, identificando de maneira rápida e eficiente os genótipos mais adequados aos objetivos do melhorista (CRUZ; REGAZZI 1997; REZENDE et al., 2014). Os índices de seleção mais utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); índice de Pesek e Baker (1971); índice base de Williams (1962); índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978); e índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013).

O índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013) permite fixar os valores ótimos para cada variável, tal como o intervalo de valores classificados como favoráveis para o melhoramento. Para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores. Enquanto que o índice de soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) consiste em classificar os genótipos para cada um dos caracteres, em ordem de interesse do melhorista (REZENDE et al., 2014).

Em estudo comparando diferentes índices de seleção em populações segregantes de soja, Bizari et al. (2017) concluíram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou maiores ganhos de seleção para os caracteres em estudo. Leite et al. (2016) e Rosado et al. (2012) concluíram que o índice da Soma de “ranks” de Mulamba, Mock

(1978) foi o mais adequado pois promoveu uma distribuição equilibrada de ganhos entre os caracteres e promoveu ganhos genéticos totais mais altos, selecionando genótipos superiores.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Local do experimento

O experimento foi conduzido na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Capim Branco, Uberlândia - MG (18°52' S; 48°20' W e 805 m de altitude).

3.2. Escolha dos genitores, obtenção de sementes híbridas e da população segregante F₂

Para instalação dos blocos de cruzamentos, foram selecionados dois genitores contrastantes com objetivo de desenvolver populações segregantes (TABELA 1).

TABELA 1. Características das duas cultivares de soja utilizados como genitores

Cultivar	CF	CH	TC	Ciclo (d)	GMR
Genitor ♂					
UFUS 7415	Roxa	Roxo	Determinado	110 a 120	7,2
Genitor ♀					
TMG 7161 RR	Branca	Verde	Indeterminado	105 a 112	5,9

CF: cor da flor; CH: cor do hipocótilo; TC: tipo de crescimento; d: dias; GMR: grupo de maturidade relativa; TMG: Tropical Melhoramento Genético.

Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU.

O genitor UFUS 7415 apresenta resistência às doenças *Septoria glycines*, *Cercospora sojina*, *Peronospora manshurica*, *Xanthomonas axonopodis* e *Diaporthe phaseolorum*; e o genitor TMG 7161 RR às doenças *Diaporthe aspalathi*, *Phakopsora Pachyrhizi*, *Cercospora sojina* e *Xanthomonas Axonopodis*. A semeadura dos genitores foi realizada em vasos de 5 dm³, contendo como substrato 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Em cada vaso foram semeadas oito sementes a 3 cm de profundidade, sendo a semeadura realizada de forma escalonada de três em três dias, objetivando a sincronia de florescimento dos parentais. No estádio vegetativo V1 realizou-se o desbaste mantendo

seis plântulas por vaso. Em V5, foi removido os meristemas apicais das plantas para evitar o seu estiolamento e favorecer as ramificações.

Foram realizadas adubações a cada 15 dias com NPK na formulação 02-18-12 e do composto nitrogenado Mono-amônio-fosfato (MAP). Periodicamente realizaram-se duas irrigações diárias, tratos culturais e fitossanitários, aplicação de fungicidas e inseticidas, como recomendados para a cultura da soja (EMBRAPA, 2014).

Realizaram-se hibridações artificiais por meio da técnica de emasculação da flor, utilizada como genitor feminino (TMG 7161 RR) antes que ocorresse a autofecundação. Coletou-se o pólen do genitor masculino (UFUS 7415), que foi aplicado sobre o estigma da flor emasculada e então, identificou-se com uma etiqueta (SEDIYAMA, 2015).

Após o estádio R₈ realizou-se a colheita das vagens obtendo 16 sementes híbridas F₁, as quais foram semeadas em vasos previamente preparados similarmente ao bloco de cruzamento e mantidas em casa de vegetação. A certificação das sementes híbridas foi realizada a partir do gene marcador dominante cor do hipocótilo e cor da flor (SEDIYAMA, 2009).

3.3. Implantação e condução da população F₂

Obteve-se 360 sementes da geração F₂ derivadas da colheita das sementes híbridas F₁ cultivadas em casa de vegetação.

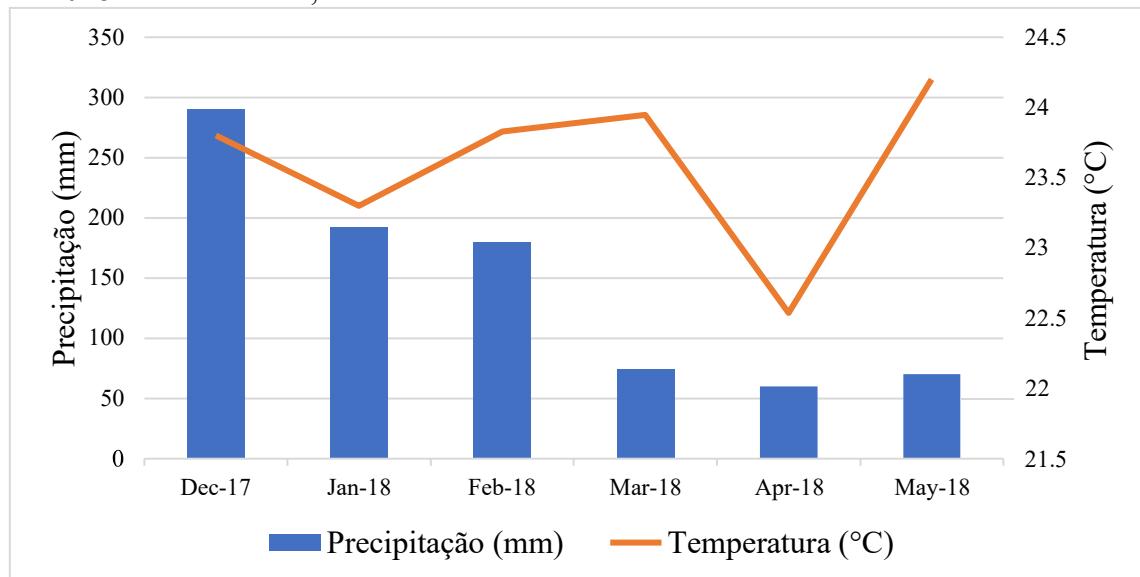
A população F₂ foi conduzida na área experimental da Fazenda Capim Branco da UFU. Anterior à semeadura, o solo foi preparado com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora), sendo em seguida realizado a abertura das linhas espaçadas em 0,5 m. A adubação de semeadura foi realizada manualmente com formulado NPK 08-28-16 na dose de 400 kg ha⁻¹. As sementes F₂ foram previamente tratadas com Fipronil (250 g L⁻¹) + Piraclostrobina (25 g L⁻¹) + Tiofanato-metílico (225 g L⁻¹) e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080, e em seguida semeadas manualmente no dia 23 de dezembro de 2017. Adotou-se 3 sementes por metro espaçadas entre si a 30 cm. No total foram semeadas 12 linhas de 19 metros, sendo 6 linhas de cada parental (P₁ e P₂) e 6 linhas da geração F₂.

No estádio V₄ realizou-se a aplicação de micronutrientes (Cobalto e Molibdênio) em bomba costal com volume de 20 L (pressão máxima de 5 bar; vazão de 600 ml min⁻¹) e adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 150 kg ha⁻¹ (FEHR; CAVINESS, 1977). O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 30

dias com aplicação de fungicida Trifloxistrobina/Protioconazol (0,4 L ha⁻¹) e de inseticida Tiametoxam/Lambda-Cialotrina (150,0 mL ha⁻¹) e Acefato (750 g Kg⁻¹) com adição de adjuvante (428g L⁻¹ de óleo mineral). Foram realizadas duas capinas manuais até o fechamento da cultura.

Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na FIGURA 1.

FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de dezembro de 2017 a maio de 2018 em Uberlândia, MG.



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC-UFU).

3.4. Obtenção e condução da geração F₃

A partir dos dados da produção de grãos por planta dos indivíduos da população F₂, selecionaram 145 progêneres F_{2:3}, as quais foram semeadas em campo em 09 de junho de 2018, juntamente com as cultivares UFUS 7415 e TMG 7161 RR. Adotou-se o delineamento experimental de blocos casualizados com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 1,0 m com 10 sementes por metro.

Realizou-se o preparo convencional do solo com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora). A abertura das linhas foi realizada de forma mecanizada com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. A adubação de semeadura foi realizada manualmente com 400 kg ha⁻¹ do formulado NPK 02-28-16 e posterior revolvimento do adubo com o solo.

As sementes foram previamente tratadas com Fipronil (250 g L⁻¹) + Piraclostrobina (25 g L⁻¹) + Tiofanato-metílico (225 g L⁻¹) e inoculadas com as estirpes

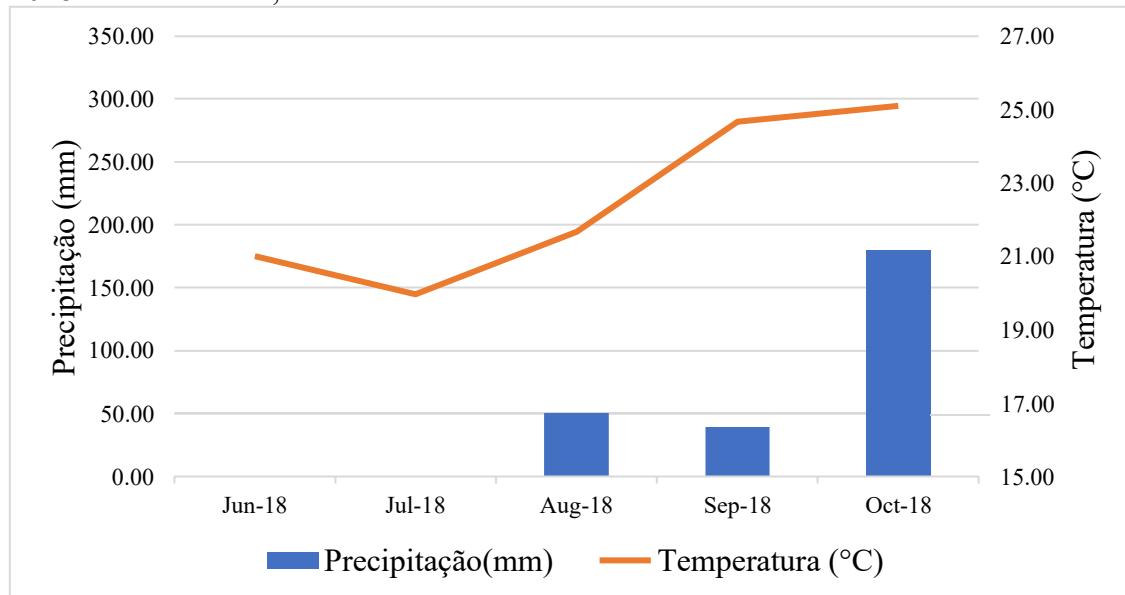
de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080.

No estádio V4 foi realizada uma adubação foliar com micronutrientes (Cobalto e Molibdênio) e adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 150 kg ha⁻¹ (FEHR; CAVINESS, 1977). Para o controle de plantas infestantes foi feita aplicação de herbicida pré emergente (S-Metolacloro, dose 1,4 L ha⁻¹), capina manual e aplicação de herbicida pós emergente (Methyl (R)-2, dose 0,5 L ha⁻¹) quando a soja se encontrava em estádio V4 (FEHR; CAVINESS, 1977). O controle de doenças e de pragas foi realizado a cada 45 dias com a aplicação de fungicida Trifloxistrobina/Proticonazol (0,4 L ha⁻¹) e de inseticida Tiametoxam/Lambda-Cialotrina (150,0 mL ha⁻¹) e Acefato (750 g Kg⁻¹) com adição de adjuvante (428 g L⁻¹ de óleo mineral).

Durante o período de ausência de chuva realizou-se irrigação com aspersor, utilizando uma lâmina de água de 30 mm durante uma hora. A frequência da irrigação foi a cada 3 dias.

Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na FIGURA 2.

FIGURA 2. Temperatura média e precipitação nos meses de junho de 2018 a outubro de 2018 em Uberlândia, MG.



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC-UFU).

3.5. Caracteres avaliados nas gerações F₂ e F₃

As avaliações foram realizadas nas gerações F₂, F₃ e nos parentais UFUS 7415 (P₁) e TMG 7161 RR (P₂).

Foram avaliados todos os 360 indivíduos em F₂ e 100 indivíduos de cada parental (P1 e P2).

Enquanto que em F₃ foram selecionados 3 indivíduos por fileira, incluindo os parentais e as progêniés, para realização das devidas avaliações fenotípicas.

As avaliações realizadas foram:

- a. Número de Dias para a Emergência (NDE): número de dias decorridos entre plantio e a emergência (VE),
- b. Número de Dias para o Florescimento (NDF): número de dias decorridos entre a emergência (VE) e o aparecimento da primeira flor aberta na haste principal (R1);
- c. Número de Dias para a Maturidade (NDM): número de dias decorrentes entre a emergência (VE) e o estádio (R8), quando 95% das vagens se encontram na cor característica do genótipo;
- d. Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);
- e. Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);
- f. Altura da primeira Vagem (APV): altura medida em centímetros, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- g. Número de Nós no Florescimento (NNF): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);
- h. Número de Nós Totais (NNT): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
- i. Número de Nós Produtivos (NNP): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens (R8);
- j. Número de Nós Ramificados (NNR): número total de nós com ramificações da haste principal (R8);
- k. Número de vagens com 1 grão (1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- l. Número de vagens com 2 grãos (2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- m. Número de vagens com 3 grãos (3G): número total de vagens com três

grãos, na planta, posterior a colheita;

- n. Número de Vagens Totais (NVT): número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
- o. Produção de grãos por planta (PGP): peso total de grãos de soja produzidos por planta, expressa em gramas (Geração F₂ e F₃) e
- p. Produção de grãos por linha (PGL): após a colheita, cada fileira foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida obteve-se o peso de grãos produzidos por fileira, expressa em gramas (Geração F₃).

As avaliações fenotípicas foram realizadas de acordo com os estádios fenológicos da soja, determinados pela escala de Fehr e Caviness (1977).

3.6. Análises genético-estatística para geração F₂

As estimativas de médias, de variâncias e de parâmetros genéticos, foram obtidas a partir das informações dos genitores (P₁ e P₂) e da geração F₂. Através da análise de gerações foram obtidas as seguintes estimativas relativas à população segregante F₂:

– Herdabilidade no sentido amplo:

$$H_a^2 = \frac{\widehat{\sigma}_{g(F2)}^2}{\widehat{\sigma}_{f(F2)}^2}$$

– Número de genes envolvido na determinação do caráter:

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

sendo,

R calculado por:

$$R = \text{MAX}(F2) - \text{MIN}(F2)$$

Sendo:

n: número de genes;

R: amplitude entre as médias dos progenitores;

$\widehat{\sigma}_{g(F_2)}^2$: variância genética.

- Predição do diferencial de seleção:

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

Sendo:

DS: diferencial de seleção;

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

\bar{X}_o : média da população F_2 .

- Predição do ganho por seleção:

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

Sendo:

ΔG : ganho de seleção predito;

DS: diferencial de seleção;

H_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_2

GS (%): ganho de seleção em porcentagem;

\bar{X}_o : média da população F_2 .

3.7. Análise Genético-estatística para a geração F_3

Foi realizada análise de variância (ANOVA) por meio do teste de médias de Scott-Knott aos níveis de 5 e 10 % de probabilidade. A ANOVA seguiu o modelo estatístico aleatório, considerando delineamento de blocos casualizados e os efeitos de genótipo aleatório.

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

Sendo:

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 considerado aleatório i ;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j ;

ϵ_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

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

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

Sendo:

CVg: coeficiente de variação genético;

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

m : média observada do caráter.

A herdabilidade foi estimada com base na equação:

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

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

Sendo:

H^2 : herdabilidade;

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

QMT: quadrado médio dos genótipos na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r : número de repetições.

As correlações fenotípicas e genotípicas foram estimadas conforme as fórmulas:

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

Sendo:

rf: estimador de correlação fenotípica;

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

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

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

$$rg = \frac{\hat{\sigma}_{g(xy)}}{\sqrt{\hat{\sigma}^2_{g(x)} \hat{\sigma}^2_{g(y)}}}$$

Sendo:

r_g: estimador de correlação genotípica;

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

$\hat{\sigma}^2_{g(x)}$ e $\hat{\sigma}^2_{g(y)}$: estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

Adotou-se as seguintes estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e seleção baseada em índices. Foi determinado o ganho de seleção para os caracteres aplicando intensidades de seleção de 25 %.

Os ganhos de seleção (GS) para a seleção direta e indireta foram baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

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

Sendo:

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

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

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

H_i²: herdabilidade do caráter i;

DS_i: diferencial de seleção praticado na população.

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

Sendo:

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

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

A classificação dos genótipos pelo índice de seleção baseado na soma de “ranks” é realizada de acordo com a ordem de ganhos favoráveis ao melhoramento. De acordo com os ganhos de seleção direto e indireto, soma-se as ordens de cada caráter para o genótipo, resultando uma medida referida como índice, como descrito pela equação a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Sendo:

I : valor do índice para determinado genótipo;

r_j : classificação de um indivíduo para o caráter j ;

r_n : número de variáveis consideradas no índice.

Outro índice de seleção analisado foi o da distância genótipo-ideótipo, no qual foram calculados a média e os valores máximos e mínimos de cada caráter. Considerou-se X_{ij} como a média do valor fenotípico do caráter j no genótipo i ; Y_{ij} a média transformada do valor fenotípico; e C_{ij} a constante relativa à depreciação da média do genótipo.

Deste modo teve-se:

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

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

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

Sendo:

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

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

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Considerou-se então: $C_j = LS_j - LI_j$. Assim, o valor da constante C_j garantiu que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do que era satisfatório resultasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j). Os valores

Y_{ij} obtidos por transformação foram então padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter pela equação a seguir:

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

Sendo:

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

a_j : peso ou valor econômico da característica.

O valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi calculado de acordo com a equação:

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

Foram posteriormente calculados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a equação:

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

A ordem de seleção será estabelecida como decréscimo para número de dias para o florescimento e maturidade, e acréscimo para altura da planta no florescimento e na maturidade; número de dias para florescimento e maturidade; número de nós totais no florescimento e na maturidade; número de nós produtivos e ramificados; altura da primeira vagem; número de sementes por vagens; número de vagens por planta; produção de grãos por planta e por linha.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Parâmetros fenotípicos e genéticos em populações F₂ de soja

No estudo da herança e potencial genético de caracteres em uma população, as médias são parâmetros úteis (CRUZ, 2005), por permitirem observar os contrastes existentes entre os parentais, sendo fundamental essa divergência no estudo de herança (BALDISSERA et al., 2014; LAVIOLA et al., 2014).

Na TABELA 2 estão apresentadas as médias dos caracteres agronômicos das gerações P1, P2 e F2. A cultivar TMG 7161 RR apresentou ciclo mais curto em relação a cultivar UFUS 7415, com uma diferença de 10,5 dias, sendo esta considerada de ciclo semiprecoce e aquela de ciclo precoce de acordo com a classificação de Nepomuceno et al. (2008), que divide os grupos de maturidade em: ciclo precoce de até 100 dias; semiprecoce entre 101 a 110 dias; médio de 111 a 125 dias; semitardio entre 125 e 142 dias; e tardio maior que 145 dias.

TABELA 2. Estimativas de médias de caracteres agronômicos obtidos nas gerações P₁, P₂ e F₂ em soja cultivada em campo na safra 2017/2018 no município de Uberlândia - MG.

Parâmetro	Caracteres	Gerações		
		UFUS 7415	TMG 7161 RR	F ₂
	NDF	44,33	35,17	39,03
	NDM	102,28	91,78	98,08
	APF	38,49	19,20	47,06
	NNF	11,56	7,94	14,93
	APV	13,94	9,16	11,07
	APM	51,33	39,53	47,07
Médias	NNT	13,51	13,61	14,92
	NNP	6,95	9,37	9,79
	2G	47,69	21,28	32,70
	3G	23,05	12,09	21,32
	NVT	81,56	39,56	60,67
	NSV	2,15	2,15	2,25
	PGP	20,54	10,17	17,35

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APV: altura da primeira vagem na haste principal; NNT e NNP: número de nós totais e

produtivos na haste principal, respectivamente; 2G: número de vagens com 2 grãos; 3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta.

O desejo por materiais com maior precocidade pelo mercado atual se deve à redução de custos com a cultura em campo, diminuição dos riscos decorrentes de fatores bióticos e abióticos e a possibilidade de uma segunda safra (TEIXEIRA et al., 2017).

Existem dez genes que controlam o tempo de florescimento e maturidade determinando o ciclo da soja (KONG et al., 2014; WATANABE et al., 2012). Contudo, o ciclo pode ser influenciado por fatores ambientais tais como: fotoperíodo; temperatura; estresse hídrico; data de semeadura; local de cultivo; e condições climáticas do local (ZHANG et al., 2015). Em uma mesma latitude e época de semeadura é possível ocorrer variações nas respostas das cultivares quanto a data de florescimento (EMBRAPA, 2014) devido às variações nas respostas de cada genótipo em relação ao fotoperíodo.

A média na geração F₂ para NDF e NDM foi de 39,03 e 98,08 respectivamente, encontrando-se intermediária aos valores dos parentais (TABELA 2). O mesmo foi observado por Souza (2017), que ao realizar avaliações agronômicas em 15 diferentes cruzamentos oriundos de 6 genitores em esquema dialelo 6 x 6, obteve gerações F₂ e F₃ mais precoces que um dos parentais.

Em programas de melhoramento de soja também são objetivados elevada produção de grãos, que é favorecida em função de outros caracteres agronômicos que influenciam o potencial produtivo. Teodoro et al. (2015) indicam que o número de nós na haste principal e o número de vagens apresentam efeitos diretos sobre a produção de grãos em soja.

O parental UFUS 7415 obteve maiores médias nos caracteres relacionados à produtividade tais como: altura da planta no florescimento e na maturidade (APF; APM); número de nós no florescimento (NNF); número de vagens com 2 e 3 grãos (2G; 3G); número de vagens totais (NVT); e consequentemente maior produção de grãos por planta (PGP), com representatividade de 20,54 g versus 10,17 g do parental TMG 7166 RR (TABELA 2).

O número de vagens totais (NVT) é um dos componentes de produção mais importantes para a cultura da soja (LEITE et al., 2016; VIANNA et al., 2013). Nesse trabalho o NVT variou entre 81,56 (UFUS 7415) e 39,56 (TMG 7161 RR). Pesquisas afirmam que as cultivares nacionais de soja possuem de 30 a 80 vagens por planta (SEDIYAMA, 2015).

A altura da planta no florescimento variou entre 47,06 e 19,20 cm e a altura da planta na maturidade entre 51,33 e 39,53 cm (TABELA 2). A altura ideal da planta de soja, de acordo com Sediyama et al. (2015), é de 50 cm a 100 cm, pois facilita a colheita mecanizada e evita o acamamento. Já a altura da inserção da primeira vagem deve ser acima de 10 cm para que não haja perdas na colheita mecanizada e nem contato da vagem com o solo, garantindo a qualidade dos grãos (SEDIYAMA et al., 2015). No presente estudo a altura da primeira vagem oscilou entre 13,94 e 9,16 cm.

O número de nós totais também é importante na seleção de indivíduos superiores, sendo que uma cultivar com alto potencial produtivo deve possuir entre 17 e 18 nós na haste principal (SEDIYAMA et al., 2015). De acordo com os dados apresentados na TABELA 2, o número de nós totais variou de 14,92 a 13,51.

Rocha (2018), ao analisar quatro populações segregantes de F_2 originadas das combinações híbridas TMG 4185 x UFUS 7910, TMG 4185 x MG/BR 46 Conquista, BRSGO Chapadões x UFUS 7910 e BRSGO Chapadões x MG/BR 46 Conquista, obteve uma média de número de nós totais entre 17,5 a 12,3.

O crescimento e desenvolvimento da soja são influenciados pelas condições ambientais, especialmente o fotoperíodo que regula a transição dos estádios vegetativo para o reprodutivo, uma vez que a indução à floração ocorre em fotoperíodo menores ou iguais ao fotoperíodo crítico do genótipo. Nesta pesquisa os parentais e a população F_2 tiveram a semeadura realizada em dezembro, o que pode ter levado a uma menor altura de plantas e número de nós na haste principal (TABELA 2).

A semeadura fora de época leva a alterações nos componentes de produção e nas características morfológicas das plantas, como altura de planta, altura da primeira vagem e alteração na produtividade (LUDWING et al., 2010).

Silva et al. (2019), ao avaliarem o desempenho de seis cultivares de soja e quatro épocas de semeadura no estado de Mato Grosso, observaram diferença significativa entre as épocas de semeadura (05/10/12; 20/10/12; 05/11/12; 20/11/12), obtendo menores médias para altura de plantas quando semeadas em 20/11/12. Carmo et al. (2018) também verificaram que a época de cultivo influenciou sobre as características morfológicas e consequentemente no rendimento das plantas de soja.

O controle genético auxilia no estudo dos caracteres qualitativos e quantitativos por meio da quantificação da contribuição genética e ambiental na manifestação do fenótipo (CRUZ NETO et al., 2016). Assim, estimativas de variância, herdabilidade e número de genes para caracteres agronômicos estão apresentadas na TABELA 3.

TABELA 3. Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes de caracteres agronômicos obtidos nas gerações P₁, P₂ e F₂, em soja na safra 2017/2018 no município de Uberlândia - MG

Caracteres	Parâmetros Genéticos				
	$\hat{\sigma}_F^2$	$\hat{\sigma}_G^2$	$\hat{\sigma}_E^2$	H_a^2	NºG
NDF	19,58	4,51	15,07	23,6	13,40
NDM	17,85	4,83	13,02	27,06	26,49
APF	137,20	118,08	19,12	86,06	5,56
NNF	7,40	5,95	1,46	80,29	3,55
APV	10,28	2,11	8,17	20,51	17,13
APM	137,21	103,77	33,44	75,63	6,33
NNT	7,41	4,18	3,22	56,47	5,05
NNP	6,90	2,10	4,80	30,50	10,03
2G	266,59	42,28	224,30	15,86	26,68
3G	182,00	74,08	107,91	40,70	20,05
NVT	658,18	55,61	602,57	8,45	43,43
NSV	0,04	0,02	0,02	4,66	7,89
PGP	56,37	11,96	44,40	21,22	16,05

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade, respectivamente; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; 2G: vagens com 2 grãos; 3G: vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagens; PGP: produção de grãos por planta em gramas; $\hat{\sigma}_F^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_G^2$: variância genética; $\hat{\sigma}_E^2$: variância ambiental; H_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; Nº G: número de genes.

As estimativas de variância genética superaram a variância ambiental para os caracteres APF, NNF, APM e NNT (TABELA 3), e contribuíram para valores de herabilidade superiores. Ao estudar os parâmetros genéticos em progênies F₂ originadas de cruzamentos biparentais de soja, em Uberlândia - MG, Mattos (2018) obteve maiores variâncias genéticas em relação à ambiental para os caracteres NDF, NDM, APM, NNM, NV e PG, se assemelhando ao presente estudo apenas para o caráter altura da planta na maturidade.

Os caracteres que apresentaram variação ambiental maior que a variação genética foram NDF, NDM, APV, NNP, 2G, 3G, NVT, NSV e PGP, indicando que maior parte da variação do fenótipo é devido ao ambiente, interferindo no processo seletivo por dificultar o reconhecimento de genótipos superiores (CRUZ, 2005).

A herdabilidade (H²) refere-se à proporção da variabilidade fenotípica atribuída às causas genéticas (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012). É o principal parâmetro genético utilizado em programas de melhoramento, por permitir inferir sobre o ganho de seleção. Quando superior ou igual a 70 % são considerados altos e maior será o sucesso da seleção para um determinado caráter (CRUZ; REGAZZI;

CARNEIRO, 2012; HAMAWAKI et al., 2012; ROCHA et al., 2015). As estimativas de herdabilidade no sentido amplo de alta magnitude foram observadas para os caracteres APF (86,06 %), NNF (80,29 %) e APM (75,63 %) (TABELA 3). Santos et al. (2017) encontraram estimativas de herdabilidades semelhantes para APF (84,85 %) e para APM (91,99 %) em plantas na geração F₃ de soja. Teixeira et al. (2017) obtiveram resultados inferiores para APM (45,36 %) em populações segregantes de soja na geração F₂, assim como Andrade et al. (2016), ao analisarem progênies F₆ de soja em Jaboticabal -SP, constataram 26,54 % de herdabilidade para APF e 38,47 % para APM.

Para os demais caracteres a herdabilidade foi de baixa a média magnitude, indicando que a maior proporção da variância fenotípica foi devida a influência do ambiente na expressão do caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esses valores baixos geralmente estão relacionados a caracteres complexos, controlados por vários genes (BUENO et al., 2013). Assim, para esses caracteres com baixa herdabilidade (TABELA 3) a seleção não é eficaz quando feita em gerações precoces de endogamia (VENCovsky; BARRIGA, 1992).

O número de genes envolvido em uma característica determina o número de combinações genotípicas possíveis em uma população e o número de gerações necessárias para restabelecer a homozigose (BALDISSERA et al., 2014). Sendo classificada a herança em monogênica (apenas um gene), oligogênica (poucos genes) ou poligênica (muitos genes) (LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005).

Os caracteres NDF, NDM, APV, NNP, 2G, 3G, NVT e PG (TABELA 3) apresentam herança poligênica, desta forma há grande influência do ambiente em suas expressões (BALDISSERA et al., 2014). A maioria dos caracteres de importância econômica, como a produção de grãos, é controlada por um grande número de genes e apresentam baixa herdabilidade. Assim, para se obter indivíduos superiores é necessário trabalhar com grandes populações de plantas (BALDISSERA et al., 2014).

Jing et al. (2019), ao analisarem a base genética de 185 acessos de soja coletados na China, identificaram de 6 a 9 genes com potencial associação à altura da planta, genes estes associados a divisão ou alongamento celular. No presente estudo notou-se que a estimativa do número de genes para caracteres relacionados altura da planta foi de 5,56 e 6,33 para APF e APM, respectivamente (TABELA 3), ou seja, apresenta herança oligogênica, governados por poucos genes (LOBO; GIORDANO; LOPES, 2005; BALDISSERA et al., 2014), assim como os caracteres NNF, NNT e NSV (TABELA 3).

A origem de segregantes transgressivos em populações avançadas ou precoces é

resultante do uso de genitores geneticamente distintos que apresentam elevada capacidade de combinação e alto efeito heterótico (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; STRECK et al., 2017), ou seja, excedem os valores fenotípicos dos pais, seja de forma superior ou inferior, possibilitando o surgimento de indivíduos superiores (BALDISSERA et al., 2014; LAURINDO et al., 2017).

No presente estudo existem segregantes transgressivos em caracteres agronômicos de importância econômica, como NDF, NDM, APF, NNF, APM, NNT, NNP, 2G, 3G, NSV e PG (TABELA 4). Segregantes transgressivos em soja também foram observados por Teixeira et al. (2017) para NDF, NV e PG e por Rocha (2018) para os caracteres NDF, NDM, APF, NNF, APM, NNT e PGP.

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

Caracteres	Parâmetros				
	Máx. Pais	Mín. Pais	Máx. F ₂	Mín. F ₂	Transgressivo
NDF	49,0	29,0	49,0	27,0	SIM
NDM	107,0	85,0	108,0	76,0	SIM
APF	52,0	11,5	80,5	8,0	SIM
NNF	14,0	5,0	21,0	8,0	SIM
APV	23,0	5,5	20,0	3,0	NÃO
APM	63,0	27,5	80,5	8,0	SIM
NNT	19,0	4,0	21,0	8,0	SIM
NNP	14,0	3,0	17,0	4,0	SIM
2G	131,0	7,0	201,0	7,0	SIM
3G	61,0	1,0	110,0	1,0	SIM
NVT	200	10	150,0	11,0	NÃO
NSV	2,6	1,9	2,75	1,77	SIM
PGP	55	2,1	42,8	3,6	SIM

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade, respectivamente; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; 2G: número de vagens com 2 grãos; 3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagens; PGP: produção de grãos por planta, em gramas.

É importante destacar que para número de dias para florescimento e para maturidade a transgressão ocorreu de forma inferior, ou seja, indivíduos mais precoces

que os pais, atendendo as exigências do mercado atual (TABELA 4).

O uso de cultivares de ciclo precoce permite o uso do sistema de sucessão de culturas, que possibilita o cultivo de segunda safra após a colheita da soja nos principais estados produtores de cereais do país (MEOTTI et al., 2012), além de ser uma alternativa de escape de doenças foliares e de final de ciclo (CAMARGO; MORAES, 2014;MEOTTI et al., 2012).

Para os demais caracteres que estão correlacionados à produtividade, obteve-se segregantes transgressivos de forma positiva, com objetivo de selecionar genótipos com características que resultem em maior produção de grãos (TABELA 4), sendo a produção de grãos o principal objetivo dos programas de melhoramento. Segundo Hamawaki et al. (2012), a ocorrência de segregantes transgressivos é o resultado da escolha de genitores com alto grau de divergência genética.

Com as estimativas dos parâmetros genéticos houve a possibilidade de realizar seleção de genótipos superiores na geração F₂. Assim, adotou-se a proporção de 20 % dos melhores indivíduos e estimou-se o ganho de seleção em 58 indivíduos superiores (TABELAS 5 a 7).

TABELA 5. Indivíduos selecionados na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento UFUS 7415 x TMG 7161 RR, média dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

I.S	NDF	I.S	NDM	I.S	APF (cm)	I.S	APV (cm)
UFUS 6	35	UFUS 10	94	UFUS 12	66	UFUS 5	15
UFUS 8	41	UFUS 13	94	UFUS 26	60	UFUS 8	14
UFUS 15	30	UFUS 17	94	UFUS 31	57	UFUS 9	15
UFUS 23	35	UFUS 33	82	UFUS 34	57	UFUS 11	15
UFUS 27	35	UFUS 37	84	UFUS 35	59	UFUS 12	14
UFUS 33	35	UFUS 38	91	UFUS 46	62	UFUS 28	17
UFUS 35	33	UFUS 41	94	UFUS 51	60	UFUS 30	14
UFUS 38	30	UFUS 52	96	UFUS 53	61	UFUS 31	14
UFUS 41	30	UFUS 57	96	UFUS 54	63	UFUS 32	14
UFUS 46	35	UFUS 69	86	UFUS 76	60	UFUS 34	14
UFUS 47	35	UFUS 70	93	UFUS 77	62	UFUS 36	15
UFUS 52	35	UFUS 72	96	UFUS 90	61	UFUS 46	15
UFUS 55	35	UFUS 80	96	UFUS 94	62	UFUS 54	14
UFUS 60	33	UFUS 84	96	UFUS 95	65	UFUS 56	16
UFUS 63	35	UFUS 86	96	UFUS 96	76	UFUS 61	15
UFUS 64	35	UFUS 98	94	UFUS 123	58	UFUS 62	15
UFUS 69	35	UFUS 100	94	UFUS 125	60	UFUS 64	14
UFUS 82	32	UFUS 104	94	UFUS 137	62	UFUS 66	14
UFUS 99	33	UFUS 109	82	UFUS 142	72,5	UFUS 76	14
UFUS 111	33	UFUS 110	76	UFUS 168	62	UFUS 88	14
UFUS 112	33	UFUS 120	94	UFUS 170	66	UFUS 89	17
UFUS 127	33	UFUS 138	94	UFUS 175	80,5	UFUS 95	15
UFUS 135	33	UFUS 143	92	UFUS 176	62	UFUS 96	20
UFUS 140	34	UFUS 144	95	UFUS 184	75	UFUS 110	15
UFUS 143	34	UFUS 148	95	UFUS 185	61	UFUS 112	15
UFUS 160	28	UFUS 157	95	UFUS 189	65	UFUS 119	14
UFUS 161	34	UFUS 163	95	UFUS 195	58	UFUS 122	15
UFUS 163	31	UFUS 169	87	UFUS 203	57	UFUS 123	19
UFUS 169	34	UFUS 171	95	UFUS 211	62	UFUS 126	16
UFUS 179	30	UFUS 174	95	UFUS 214	67,5	UFUS 137	18
UFUS 183	31	UFUS 177	95	UFUS 215	59	UFUS 139	15
UFUS 185	31	UFUS 181	85	UFUS 217	69	UFUS 142	15
UFUS 186	34	UFUS 188	95	UFUS 218	64	UFUS 164	15
UFUS 188	34	UFUS 190	86	UFUS 219	63,5	UFUS 165	15
UFUS 190	33	UFUS 194	94	UFUS 222	69	UFUS 166	16
UFUS 194	33	UFUS 200	84	UFUS 223	65	UFUS 168	16
UFUS 200	27	UFUS 203	93	UFUS 225	62	UFUS 173	15
UFUS 203	33	UFUS 204	94	UFUS 227	60	UFUS 175	17
UFUS 206	27	UFUS 206	86	UFUS 228	65	UFUS 196	15
UFUS 207	30	UFUS 207	84	UFUS 230	63	UFUS 201	19
UFUS 211	33	UFUS 219	89	UFUS 240	59	UFUS 217	18

UFUS 219	30	UFUS 221	94	UFUS 245	59	UFUS 218	17
UFUS 222	30	UFUS 238	95	UFUS 263	60	UFUS 220	15
UFUS 226	33	UFUS 240	95	UFUS 264	60	UFUS 228	17
UFUS 227	30	UFUS 241	87	UFUS 265	65	UFUS 234	16
UFUS 229	30	UFUS 243	95	UFUS 266	58	UFUS 242	15
UFUS 231	33	UFUS 245	95	UFUS 268	67	UFUS 244	15
UFUS 241	29	UFUS 247	89	UFUS 270	62	UFUS 249	15
UFUS 243	29	UFUS 250	95	UFUS 271	65	UFUS 260	16
UFUS 247	31	UFUS 251	90	UFUS 272	62	UFUS 261	15
UFUS 250	31	UFUS 253	95	UFUS 273	62	UFUS 264	15
UFUS 251	34	UFUS 256	95	UFUS 274	68	UFUS 265	17
UFUS 253	32	UFUS 262	95	UFUS 277	74	UFUS 266	16
UFUS 256	34	UFUS 263	96	UFUS 278	64	UFUS 278	16
UFUS 271	34	UFUS 264	95	UFUS 279	59	UFUS 279	15
UFUS 273	34	UFUS 273	94	UFUS 283	62	UFUS 282	15
\bar{X}_s	37,51	\bar{X}_s	96,45	\bar{X}_s	61,04	\bar{X}_s	11,98
GS (%)	-3,90	GS (%)	-1,66	GS (%)	29,68	GS (%)	8,24

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF: altura da planta no florescimento; APV: altura da primeira vagem na haste principal; I.S: indivíduos selecionados.

O número de dias para florescimento entre os indivíduos selecionados variou de 27 a 41 e teve média de 32,57. Quanto ao número de dias para maturidade, os indivíduos selecionados apresentaram de 76 a 96 dias, com média de 92,05 (TABELA 5). Desta forma, os indivíduos selecionados são mais precoces que os genitores, sendo materiais promissores para o avanço de geração (TABELA 2).

Pierdoná (2018), ao estudar caracteres agrônomicos em genótipos de soja em população segregante F₂, no município de Uberlândia – MG, selecionou plantas com 73 a 83 dias para a maturidade, resultados inferiores aos encontrados nesse estudo. Enquanto Teixeira et al. (2017) selecionaram plantas com 99 a 102 dias para a maturidade ao estudarem herança para a precocidade de genótipos de soja em população segregante F₂, resultados superiores aos encontrados nessa pesquisa.

A média dos indivíduos selecionados para APF, APV, NNF, APM, NNT, NNR, NNP, NVT, NSV e PG foi de 63,30 cm, 15,48 cm, 18,65 nós, 62,95 cm, 18,65 nós, 6,43 nós, 13,64 nós, 100,80 vagens, 2,51 sementes e 28,99 g, respectivamente (TABELAS 5 a 7). Todos os indivíduos selecionados possuem características consideradas melhores que aos dos genitores UFUS 7415 e TMG 7161 RR (TABELA 2), sendo portanto, materiais potenciais para o avanço e desenvolvimento de novas cultivares.

TABELA 6. Indivíduos selecionados na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento UFUS 7415 x TMG 7161 RR, média dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

I.S	NNF	I.S	APM (cm)	I.S	NNT	I.S	NNR
UFUS 6	17	UFUS 12	44	UFUS 6	17	UFUS 1	7
UFUS 8	17	UFUS 26	60	UFUS 8	17	UFUS 2	6
UFUS 18	18	UFUS 31	57	UFUS 18	18	UFUS 14	6
UFUS 23	18	UFUS 34	57	UFUS 23	18	UFUS 18	7
UFUS 25	18	UFUS 35	59	UFUS 25	18	UFUS 19	7
UFUS 35	19	UFUS 46	62	UFUS 35	19	UFUS 21	6
UFUS 40	18	UFUS 51	60	UFUS 40	18	UFUS 25	6
UFUS 45	20	UFUS 53	61	UFUS 45	20	UFUS 26	7
UFUS 46	19	UFUS 54	63	UFUS 46	19	UFUS 35	6
UFUS 52	18	UFUS 76	60	UFUS 52	18	UFUS 39	9
UFUS 53	20	UFUS 77	62	UFUS 53	20	UFUS 40	6
UFUS 67	18	UFUS 90	61	UFUS 67	18	UFUS 45	6
UFUS 74	18	UFUS 94	62	UFUS 74	18	UFUS 48	6
UFUS 76	19	UFUS 95	65	UFUS 76	19	UFUS 50	6
UFUS 77	19	UFUS 96	76	UFUS 77	19	UFUS 55	8
UFUS 84	19	UFUS 123	58	UFUS 84	19	UFUS 59	6
UFUS 90	18	UFUS 125	60	UFUS 90	18	UFUS 61	6
UFUS 94	18	UFUS 137	62	UFUS 94	18	UFUS 67	6
UFUS 95	19	UFUS 142	75,5	UFUS 95	19	UFUS 76	7
UFUS 96	18	UFUS 168	62	UFUS 96	18	UFUS 77	6
UFUS 110	18	UFUS 170	66	UFUS 110	18	UFUS 79	6
UFUS 112	18	UFUS 175	80	UFUS 112	18	UFUS 80	6
UFUS 116	18	UFUS 176	62	UFUS 116	18	UFUS 82	8
UFUS 127	18	UFUS 184	75	UFUS 127	18	UFUS 83	6
UFUS 134	18	UFUS 185	61	UFUS 134	18	UFUS 90	6
UFUS 137	20	UFUS 189	65	UFUS 137	20	UFUS 93	6
UFUS 142	18	UFUS 195	58	UFUS 142	18	UFUS 95	7
UFUS 154	18	UFUS 203	57	UFUS 154	18	UFUS 117	6
UFUS 170	20	UFUS 211	62	UFUS 170	20	UFUS 124	6
UFUS 176	19	UFUS 214	67,5	UFUS 176	19	UFUS 125	6
UFUS 180	18	UFUS 215	59	UFUS 180	18	UFUS 126	6
UFUS 182	18	UFUS 217	69	UFUS 182	18	UFUS 141	6
UFUS 184	20	UFUS 218	64	UFUS 184	20	UFUS 167	6
UFUS 189	18	UFUS 219	63,5	UFUS 189	18	UFUS 176	6
UFUS 205	19	UFUS 222	69	UFUS 205	19	UFUS 178	7
UFUS 209	21	UFUS 223	65	UFUS 209	21	UFUS 182	6
UFUS 210	19	UFUS 225	62	UFUS 210	19	UFUS 187	7
UFUS 214	20	UFUS 227	60	UFUS 214	20	UFUS 189	6
UFUS 218	19	UFUS 228	65	UFUS 218	19	UFUS 191	6
UFUS 222	18	UFUS 230	63	UFUS 222	18	UFUS 192	6
UFUS 223	19	UFUS 240	59	UFUS 223	19	UFUS 196	8

UFUS 225	19	UFUS 245	59	UFUS 225	19	UFUS 199	6
UFUS 227	19	UFUS 263	60	UFUS 227	19	UFUS 202	6
UFUS 228	20	UFUS 264	60	UFUS 228	20	UFUS 204	6
UFUS 229	18	UFUS 265	65	UFUS 229	18	UFUS 208	6
UFUS 230	20	UFUS 266	58	UFUS 230	20	UFUS 209	7
UFUS 235	19	UFUS 268	67	UFUS 235	19	UFUS 210	6
UFUS 248	18	UFUS 270	62	UFUS 248	18	UFUS 215	6
UFUS 260	18	UFUS 271	65	UFUS 260	18	UFUS 217	6
UFUS 265	18	UFUS 272	62	UFUS 265	18	UFUS 218	7
UFUS 272	19	UFUS 273	62	UFUS 272	19	UFUS 222	6
UFUS 274	18	UFUS 274	68	UFUS 274	18	UFUS 224	7
UFUS 277	20	UFUS 277	74	UFUS 277	20	UFUS 235	7
UFUS 278	19	UFUS 278	64	UFUS 278	19	UFUS 274	7
UFUS 282	19	UFUS 279	59	UFUS 282	19	UFUS 276	7
UFUS 283	18	UFUS 283	62	UFUS 283	18	UFUS 281	7
\bar{X}_S	17,9	\bar{X}_S	59,35	\bar{X}_S	17,03	\bar{X}_S	4,19
GS (%)	19,9	GS (%)	26,1	GS (%)	14,5	GS (%)	7,4

NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APM: altura da planta na maturidade (cm); NNT: número de nós na haste principal totais; NNR: número de nós ramificados na haste principal; I.S: indivíduos selecionados.

O número de nós totais é um caráter importante na cultura da soja por ser correlacionado com a produção de grãos (NOGUEIRA et al., 2012). Os valores encontrados nos indivíduos selecionados apresentaram valores maiores de NNT (17 a 21 nós) em relação aos parentais, apresentando assim, alto potencial para essa característica (TABELA 6).

Segundo Sediyama; Silva; Borém (2015), o número de ramificações da soja depende da constituição genética de cada cultivar e do espaço disponível para o desenvolvimento das plantas. A média neste estudo foi de 6,43 nós ramificados por planta, sendo que a densidade de plantio foi de 3,15 sementes por metro. Machado (2017), ao estudar diversidade genética em 3 cultivares de soja em Uberlândia – MG, obteve uma média de 3,78 ramificações por planta no genótipo UFUS LVR, utilizando as densidades 12, 14, 16 e 18 plantas por metro.

Cultivares com alta produção de grãos apresentam em média de 30 a 80 vagens por planta (SEDIYAMA, 2016). Na TABELA 7 observou-se uma média de 100,80 vagens por planta, valor superior ao observado por Mattos (2018) ao estudar a herança de caracteres relacionados à produtividade em população segregante de soja, onde obteve uma média de 93 vagens por planta.

TABELA 7. Indivíduos selecionados na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento UFUS 7415 x TMG 7161 RR, média dos indivíduos selecionados (\bar{X}_S) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

I.S	NNP	I.S	NVT	I.S	NSV	I.S	PGP
UFUS 1	14	UFUS 10	93	UFUS 4	2,71	UFUS 14	26,00
UFUS 6	12	UFUS 14	80	UFUS 5	2,51	UFUS 18	23,80
UFUS 12	13	UFUS 25	85	UFUS 7	2,14	UFUS 23	23,80
UFUS 13	12	UFUS 35	123	UFUS 19	2,59	UFUS 25	26,00
UFUS 14	15	UFUS 39	87	UFUS 20	2,50	UFUS 35	42,80
UFUS 16	14	UFUS 40	87	UFUS 21	2,45	UFUS 39	26,60
UFUS 18	12	UFUS 41	86	UFUS 23	2,63	UFUS 40	26,10
UFUS 21	16	UFUS 51	119	UFUS 24	2,60	UFUS 45	24,60
UFUS 23	13	UFUS 53	150	UFUS 25	2,47	UFUS 51	32,10
UFUS 25	12	UFUS 70	83	UFUS 28	2,48	UFUS 53	37,30
UFUS 27	12	UFUS 74	90	UFUS 31	2,54	UFUS 74	25,20
UFUS 35	14	UFUS 83	89	UFUS 32	2,55	UFUS 85	25,60
UFUS 40	17	UFUS 85	83	UFUS 39	2,44	UFUS 93	34,30
UFUS 44	12	UFUS 93	111	UFUS 46	2,62	UFUS 94	25,80
UFUS 46	13	UFUS 94	94	UFUS 48	2,47	UFUS 95	25,80
UFUS 51	14	UFUS 116	109	UFUS 50	2,49	UFUS 108	24,50
UFUS 52	14	UFUS 125	92	UFUS 59	2,47	UFUS 112	27,10
UFUS 66	15	UFUS 126	93	UFUS 66	2,59	UFUS 116	29,50
UFUS 73	13	UFUS 127	99	UFUS 67	2,50	UFUS 125	26,70
UFUS 81	12	UFUS 130	95	UFUS 72	2,56	UFUS 127	28,60
UFUS 84	12	UFUS 131	80	UFUS 90	2,45	UFUS 130	26,10
UFUS 91	15	UFUS 137	81	UFUS 92	2,44	UFUS 142	27,20
UFUS 94	16	UFUS 170	81	UFUS 96	2,41	UFUS 170	25,50
UFUS 95	12	UFUS 176	135	UFUS 108	2,57	UFUS 175	24,50
UFUS 96	12	UFUS 177	96	UFUS 123	2,48	UFUS 176	34,00
UFUS 108	12	UFUS 178	121	UFUS 127	2,41	UFUS 177	25,40
UFUS 109	12	UFUS 180	105	UFUS 142	2,63	UFUS 178	28,10
UFUS 121	13	UFUS 182	122	UFUS 145	2,46	UFUS 180	28,90
UFUS 122	13	UFUS 183	91	UFUS 154	2,48	UFUS 182	34,80
UFUS 123	15	UFUS 187	94	UFUS 155	2,47	UFUS 183	29,20
UFUS 124	14	UFUS 189	91	UFUS 166	2,45	UFUS 189	30,40
UFUS 127	13	UFUS 197	84	UFUS 168	2,55	UFUS 197	24,70
UFUS 137	16	UFUS 207	81	UFUS 175	2,48	UFUS 211	32,40
UFUS 145	13	UFUS 211	97	UFUS 177	2,42	UFUS 213	27,80
UFUS 158	13	UFUS 213	119	UFUS 181	2,45	UFUS 214	29,20
UFUS 160	14	UFUS 214	103	UFUS 185	2,44	UFUS 218	38,80
UFUS 170	14	UFUS 218	103	UFUS 188	2,47	UFUS 221	37,20
UFUS 180	14	UFUS 221	112	UFUS 192	2,56	UFUS 222	38,50
UFUS 184	17	UFUS 222	106	UFUS 193	2,41	UFUS 223	27,80
UFUS 188	13	UFUS 223	87	UFUS 205	2,69	UFUS 225	37,80
UFUS 211	15	UFUS 225	147	UFUS 215	2,44	UFUS 226	23,50

UFUS 214	14	UFUS 227	120	UFUS 217	2,45	UFUS 227	37,40
UFUS 219	13	UFUS 240	94	UFUS 218	2,61	UFUS 230	24,30
UFUS 223	14	UFUS 245	144	UFUS 221	2,60	UFUS 240	23,50
UFUS 227	14	UFUS 248	90	UFUS 227	2,51	UFUS 248	23,80
UFUS 238	13	UFUS 253	107	UFUS 229	2,48	UFUS 253	27,00
UFUS 240	15	UFUS 257	79	UFUS 232	2,44	UFUS 258	29,00
UFUS 245	14	UFUS 266	99	UFUS 233	2,49	UFUS 265	26,50
UFUS 252	14	UFUS 268	109	UFUS 245	2,75	UFUS 266	32,20
UFUS 256	13	UFUS 269	101	UFUS 258	2,46	UFUS 268	32,60
UFUS 270	15	UFUS 270	97	UFUS 261	2,43	UFUS 269	27,30
UFUS 271	14	UFUS 271	103	UFUS 265	2,65	UFUS 270	34,00
UFUS 272	13	UFUS 272	106	UFUS 270	2,51	UFUS 271	30,90
UFUS 277	13	UFUS 273	100	UFUS 275	2,63	UFUS 273	26,00
UFUS 278	15	UFUS 274	119	UFUS 280	2,51	UFUS 274	32,50
UFUS 283	13	UFUS 277	93	UFUS 282	2,67	UFUS 277	22,70
\bar{X}_S	10,96	\bar{X}_S	64,06	\bar{X}_S	2,36	\bar{X}_S	19,84
GS (%)	12,00	GS (%)	5,59	GS (%)	5,11	GS (%)	14,38

NNP: número de nós produtivos na haste principal; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagens; PGP: produção de grãos por planta (em gramas), I.S: indivíduos selecionados.

A produção de grãos é o caráter alvo dos melhoristas. Para este caráter obteve-se uma média dos selecionados de 28,99 g por planta, superando a média dos parentais, gerando um ganho de seleção de 14,38 % (TABELA 7).

É necessário haver variabilidade genética para que se tenha ganho por seleção. Referindo-se à variabilidade da população F_2 , os caracteres NDF e NDM tiveram ganho de seleção negativo, pois o objetivo é selecionar indivíduos com menores ciclo, obtendo assim, valores negativos para o ganho de seleção de -3,90 e -1,66, respectivamente.

As características que apresentaram maiores ganhos de seleção foram APF (29,68 %) e APM (26,08 %) (TABELA 7). O ganho de seleção ocorre com o aumento da heterogeneidade e possui uma relação direta com a diferença da média do grupo selecionado da população original (HAMAWAKI et al., 2012).

Os genótipos UFU 35, UFU 46, UFU 53, UFU 94 e UFU 142 se destacam (TABELAS 5 a 7) por apresentarem características relacionadas à produtividade. Estes genótipos foram selecionados simultaneamente para os caracteres APF, APV, APM, NNT e PGP.

4.2. Parâmetros genéticos e desempenho fenotípico em progêniens F_3 de soja

A existência de variação genética é pré-requisito essencial para a viabilidade do processo seletivo em um programa de melhoramento. Na TABELA 8 é possível observar a existência de variância genética para dez caracteres ao nível de 5 ou 1 % de significância pelo teste F.

TABELA 8. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de caracteres agronômicos e peso de grãos por planta e por linha de 145 genótipos de soja e 2 testemunhas, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	QMG	CV (%)	H ² (%)	CVg (%)	CVg/CVe
NDF	9,85**	4,52	68,68	4,74	1,05
NDM	57,73**	4,03	73,21	4,71	1,17
APF	55,78**	13,85	62,94	12,76	0,92
APM	187,53**	9,29	83,46	14,77	1,59
NNF	2,05 ^{ns}	15,73	17,20	5,07	0,32
APV	9,87*	24,51	25,23	10,07	0,41
NNT	5,16*	15,42	30,88	7,29	0,47
NNP	5,00*	0,48	31,36	8,29	8,29
NNR	1,24**	27,26	38,22	15,16	0,56
1G	9,28 ^{ns}	49,53	-	-	-
2G	44,02 ^{ns}	37,06	16,31	11,57	0,31
3G	45,99 ^{ns}	44,14	11,97	11,51	0,26
NVT	152,92 ^{ns}	34,29	-	-	-
NSV	0,025 ^{ns}	6,40	20,28	2,28	0,36
PGP	22,56**	26,22	37,12	14,25	0,54
PGL	1348,42**	25,50	51,57	18,57	0,73

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APV: altura da primeira vagem na haste principal; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal, na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; 1G: número de vagens com um grão; 2G: número de vagens com 2 grãos; 3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção por planta; PGL: produção por linha. QMG: quadrado médio do genótipo; H²: herdabilidade; CVg: Coeficiente de variação genética; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genética e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. **e*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; NS: não significativo para o teste F; -: Não foi possível estimar o parâmetro devido à ausência de variância genética.

O coeficiente de variação oscilou de 0,48 % a 49,53 % respectivamente para NNP e 1G. É importante mencionar que coeficientes de variação elevados têm sido observados por outros autores ao trabalhar com a cultura da soja em gerações precoces (CARVALHO

et al., 2009; PIMENTEL et al., 2014; SANTOS, 2019). Os elevados coeficientes de variação encontrados neste trabalho podem ser devido a uma dispersão alta dos dados experimentais, causado por diferenças genética e fenotípica entre os indivíduos em estudo por se tratar de geração F₃, que ainda está ocorrendo segregação e por se tratar de caracteres quantitativos, que são altamente influenciados pelo ambiente.

Leite et al. (2016), ao analisarem 27 genótipos de soja precoce, no município de Currais - PI, obtiveram valores de coeficientes de variação para APM de 10,15 %, valor semelhante ao presente trabalho. Andrade et al. (2016), em estudo com linhagens de soja em geração F₆, em Jaboticabal – SP, obtiveram maiores estimativas de CV para o caráter número de ramos (69,5 %). Enquanto Oliveira et al. (2019), ao estudarem a diversidade genética de linhagens de soja desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal do Tocantins visando a produção de biodiesel, obtiveram Cvs variando de 2,5 % a 28,2 % para os caracteres agronômicos avaliados.

Estimativas de herdabilidade acima de 50 % indicam maior sucesso com a seleção e menor efeito do ambiente na manifestação do genótipo (MOURA, 2017). No presente estudo a herdabilidade variou entre 11,97 % (3G) a 83,46 % (APM) (TABELA 8).

Para os caracteres com baixa herdabilidade (NNF, APV, NNT, NNP, NNR, 2G, 3G, NSV e PGP) a seleção deve ser realizada em gerações avançadas do melhoramento, por apresentar maior homozigose após as sucessivas autofecundações, aumentando assim a herdabilidade. Já os caracteres que apresentaram alta herdabilidade como NDF, NDM, APF, APM e PGL é possível obter ganhos mesmo na seleção em geração precoce (TABELA 8).

Oliveira (2019), ao estimar parâmetros genéticos para produtividade e caracteres agronômicos de linhagens de soja com genes de resistência a ferrugem, obteve valores de herdabilidade de 28 % (NDM) e 51 % (APM), valores inferiores ao presente trabalho.

O coeficiente de variação genética (CVg) quantifica a magnitude da variação genética disponível para seleção e permite um ganho adicional pela seleção dentro de progêneres tendo consequências diretas no ganho por seleção, portanto, altos valores indicam eficiência de ganhos nos programas de melhoramento (PIMENTEL et al., 2014). Na TABELA 8 é possível observar que esse coeficiente variou de 4,71 % (NDM) a 18,57 % (PGL), demonstrando variabilidade dos caracteres em estudo. Santos (2016) encontrou valores para CVg de 5,31 % (NDM), 10,89 % (APM) e 7,98 % (APV) ao avaliar componentes genéticos de cultivares de soja em Brasília – DF.

A razão CVg/CVe permite inferir sobre a variabilidade de sucesso no processo

seletivo quando seu valor for maior ou igual a 1 (LEITE et al., 2016). Valores desta magnitude indicam que o emprego de métodos simples de seleção, como massal, proporcionam ganhos expressivos durante o processo de seleção (CRUZ et al., 2014).

As relações CVg/CVe (TABELA 8) foram maiores que um para os caracteres NDF (1,05), NDM (1,17), APM (1,59) e NNP (8,29). Santos (2016) obteve valores maiores que uma unidade apenas para NDM (1,49) e APM (1,56) ao analisar parâmetros genéticos na geração F₂ de soja. Bizari (2017), ao estudar 386 progêneres de soja em geração F₅, encontrou relações CVg / CVe com valores maiores que um para todos os caracteres em estudo (NDM, APV, NVT e PROD).

Val et al. (2017), ao estudarem parâmetros genéticos com objetivo de selecionar progêneres superiores para produção de grãos em geração F₆ e F₇, em Jaboticabal – SP, observaram relações CVg / CVe maiores que uma unidade para os caracteres NVP (1,31) e PROD (1,43).

A amplitude de médias dos valores fenotípicos dos genótipos de soja em relação aos caracteres avaliados está apresentada na TABELA 9. Houve agrupamento dos genótipos em um grupo para os caracteres NNF e NNR, em dois grupos para os caracteres NDF, APF, NNF, PGP e PGL, em três grupos para NDM e NNT e em quatro grupos para APM, pelo teste de agrupamento de médias de Scott Knott (TABELA 9).

TABELA 9. Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres em estudo de 143 indivíduos F₃ e 2 testemunhas, no município de Uberlândia-MG.

Caracteres	N ^a progênies	Amplitude das médias	Grupo
NDF	89	38,50 - 44,66	a
	56	32,83 - 38,33	b
NDM	18	104,66 - 113,00	a
	34	99,00 - 104,16	b
	93	88,00 - 98,50	c
NNF	145	4,83 - 10,33	a
APF	91	31,83 - 44,00	a
	54	17,25 - 31,58	b
APM	39	66,83 - 85,58	a
	47	58,58 - 66,53	b
	41	48,67 - 58,05	c
	18	35,17 - 47,50	d
APV	145	6,59 - 19,25	a
NNT	73	12,33 - 15,00	a
	72	7,50 - 12,21	b
NNP	70	10,83 - 13,83	a
	75	6,50 - 10,67	b
NNR	145	1,83 - 8,41	a
PGP	52	15,23 - 24,46	a
	93	6,56 - 15,08	b
PGL	69	173,50 - 104,00	a
	76	102,50 - 44,50	b

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APV: altura da primeira vagem na haste principal; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal, na maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal na maturidade; PGP: produção por planta; PGL: produção por linha. Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

O número de dias para o florescimento formou dois agrupamentos, um composto por 89 genótipos (38,50 a 44,66 dias) e outro por 56 genótipos (32,83 a 38,33 dias) (TABELA 9). O ciclo total dos genótipos variou de 88,00 a 113,00 dias e formaram três grupos distintos de maturidade, obtendo-se 93 genótipos com ciclo precoce (88,00 a 98,50

dias); 34 genótipos com ciclo médio (99,00 a 104,16 dias) e 18 genótipos com ciclo tardio (104,66 a 113,00 dias).

Segundo Daronch et al. (2019), NDF e NDM são importantes características que devem ser observadas na escolha do cultivar, sendo a precocidade uma característica desejável quando se objetiva a semeadura antecipada para realizar a sucessão de culturas e reduzir a pressão de seleção, por permanecerem menos tempo no campo.

Para altura da planta no florescimento formou dois grupos variando de 17,25 a 44,00 cm e para altura da planta na maturidade teve-se quatro grupos oscilando de 35,17 a 85,58 cm. Das progêneres avaliadas, dois grupos (a; b) apresentaram altura da planta na maturidade considerados ideal para obter uma boa produção de grãos e uma colheita mecanizada eficiente (APM ideal: 50,00 a 100,00 cm) (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). As variações na altura das plantas podem ser influenciadas pela época de semeadura, espaçamento entre e dentro das fileiras, umidade, temperatura, fertilidade do solo e resposta fotoperiódica da cultivar (ROCHA et al., 2012).

Ao analisar o desempenho de progêneres de soja resultantes do cruzamento entre PI 200456 e MGBR 46 (conquista) no Estado de São Paulo, Val et al. (2017) encontraram uma variação para a altura de plantas na maturidade de 72,67 a 103,60 cm. Cunha et al. (2013), ao avaliarem 79 progêneres de soja em geração F₅ no município de Uberlândia - MG, observaram altura da planta na maturidade oscilando de 34,10 cm a 68,80 cm.

O caráter altura da primeira vagem determina a regulagem da altura da barra de corte da colhedora, visando obter a máxima eficiência durante esse processo (MAUAD, 2010). Busca-se obter cultivares com altura da primeira vagem entre 10 a 15 cm (BEZERRA et al., 2015). Neste trabalho a altura da primeira vagem apresentou uma variação de 6,58 a 19,25 cm (TABELA 9). Perini et al. (2018) encontraram médias entre 7,08 e 14,83 cm, valores semelhantes ao atual estudo.

Para o caráter NNT teve-se uma variação de 7,50 a 15,00 de nós totais, com 73 genótipos apresentando maiores quantidades de nós (12,33 – 15,00 nós). Esses valores são menores que os encontrados na literatura (MATSUO et al., 2015; PERINI et al., 2012). Os baixos valores encontrados para número de nós totais possivelmente foram devido ao experimento realizado fora de época. Segundo Rocha et al. (2018), semeaduras fora de época tendem a diminuir o número final de nós (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015) devido à menor estatura da planta (STRECK et al., 2017).

Para o número de nós produtivos formou-se dois grupos variando de 13,83 a 6,50 nós, desses, 70 progêneres apresentaram maiores quantidades de nós (13,83 – 10,83 nós).

O caráter número de nós ramificados variou de 8,41 a 1,83, pertencente a um único grupo.

O maior NNR proporciona condições favoráveis para formação de gemas que darão origem a nós, pois as estruturas reprodutivas das plantas são formadas nas axilas dos nós (LUDWING et al., 2010; TORRES et al., 2015). Torres et al. (2015), em estudo realizado visando o desempenho agronômico de seis cultivares de soja, em Aquidauana – MS, observaram uma variação de 3,25 a 6,77 nós ramificados, valores semelhantes ao observado neste trabalho.

Quanto à produção de grãos por planta, as progêneres foram distribuídas em dois grupos, um formado por 52 genótipos (15,23 – 24,46 g) e outro por 93 genótipos (6,56 – 15,08 g). O caráter produção de grãos por linha oscilou de 44,50 a 173,50 gramas, formando também dois grupos, sendo a produção de grãos uma variável complexa, que é regida por vários genes com pequenos efeitos com herança quantitativa.

4.3. Correlação fenotípica e genotípica entre caracteres em soja

A seleção de características de baixa herdabilidade pode ser realizada utilizando outros caracteres que apresentam alta herdabilidade e alta correlação com as características de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; OLIVEIRA et al., 2002; SOUSA et al., 2015). A correlação entre características agronômicas permite mensurar o grau de interferência de uma característica sobre outra de interesse, assim como praticar a seleção indireta (ZUFFO et al., 2018).

São analisados três aspectos na análise das correlações: a magnitude, que é considerada alta entre $0,5 < r < 0,7$ (SOUZA et al., 2016); a direção, que pode ser positivo, indicando a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, ou negativo, que indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra diminui; e a significância (NOGUEIRA et al., 2012).

Na TABELA 10 estão apresentadas as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres estudados, sendo observado superioridade das correlações genotípicas em relação às fenotípicas, evidenciando uma maior interferência genética do que ambiental.

O caráter NDF e NDM não apresentaram correlação significativa com a produtividade de grãos (TABELA 10). Outros autores também não obtiveram correlação significativa entre esses caracteres (LOPES et al., 2002; PIERDONÁ, 2018), mostrando que existe dificuldades em selecionar materiais precoces e produtivos.

Observou-se correlações genotípica e fenotípica positiva de alta magnitude entre

os caracteres relacionados com a altura de planta: APF e NNF; APM e NNF; e genotípica para: APM e NNP; APF e APV (TABELA 10); indicando que a seleção de plantas com maiores alturas no florescimento e maturidade resultaria em plantas com maiores números de nós, podendo assim, realizar seleção indireta para esses caracteres. Para a cultura da soja a altura da planta tem uma relação positiva de causa e efeito com a produção de grãos (FOLLMANN et al., 2017).

TABELA 10. Correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) entre caracteres agronômicos e produtividade de grãos avaliados em 22 genótipos de soja em Uberlândia-MG.

Caracteres		NDM	NNF	APF	APM	APV	NNT	NNP	NNR	1G	2G	3G	NVT	NSV	PGP
NDF	rf	0,031 ^{ns}	-0,064 ^{ns}	-0,034 ^{ns}	-0,030 ^{ns}	-0,027 ^{ns}	-0,133 ^{ns}	-0,119 ^{ns}	-0,067 ^{ns}	0,064 ^{ns}	-0,028 ^{ns}	0,411 ^{ns}	0,025 ^{ns}	0,030 ^{ns}	0,139 ^{ns}
	rg	0,006 ^{ns}	-0,025 ^{ns}	-0,66 ^{ns}	-0,027 ^{ns}	0,010 ^{ns}	-0,293 ^{ns}	-0,213 ^{ns}	-0,125 ^{ns}	0,144 ^{ns}	0,073 ^{ns}	0,645 ^{ns}	-	0,110 ^{ns}	0,297 ^{ns}
NDM	rf		0,139 ^{ns}	0,138 ^{ns}	0,047 ^{ns}	0,073 ^{ns}	-0,049 ^{ns}	-0,043 ^{ns}	-0,130 ^{ns}	-0,010 ^{ns}	0,080 ^{ns}	-0,020 ^{ns}	0,006 ^{ns}	0,032 ^{ns}	0,098 ^{ns}
	rg		0,211 ^{ns}	0,099 ^{ns}	-0,007 ^{ns}	0,174 ^{ns}	-0,022 ^{ns}	-0,173 ^{ns}	-0,128 ^{ns}	-	0,230 ^{ns}	-0,367 ^{ns}	-	-0,027 ^{ns}	0,235 ^{ns}
NNF	rf		0,519^{**}	0,582^{**}	0,310 ^{**}	0,491 ^{**}	0,421 ^{**}	-0,006 ^{ns}	0,282 [*]	0,299 ^{**}	0,219 ^{**}	0,354 ^{**}	-0,067 ^{ns}	0,316 ^{**}	
	rg			0,721⁺⁺	1,040⁺⁺	1,038⁺	0,579⁺⁺	0,235 ⁺⁺	0,340 ^{ns}	-	0,670 ⁺	-0,452 ^{ns}	-	-0,792 ^{ns}	0,417 ⁺
APF	rf				0,539^{**}	0,362 ^{**}	0,258 ^{**}	0,205 [*]	-0,040 ^{ns}	0,051 ^{ns}	0,178 [*]	0,179 [*]	0,209 [*]	0,123 ^{ns}	0,227 ^{**}
	rg					0,566⁺⁺	0,520⁺⁺	0,228 ⁺	0,056 ^{ns}	-0,080 ^{ns}	-	0,223 ^{ns}	0,160 ^{ns}	-	0,260 ^{ns}
APM	rf					0,405 ^{**}	0,413 ^{**}	0,414 ^{**}	0,014 ^{ns}	0,165 [*]	0,204 [*]	0,326 ^{**}	0,336 ^{**}	0,160 ^{ns}	0,357 ^{**}
	rg						0,640⁺⁺	0,509⁺⁺	0,497 ⁺⁺	0,022 ^{ns}	-	0,373 ^{ns}	0,661⁺	-	0,234 ^{ns}
APV	rf						0,277 ^{**}	0,142 ^{ns}	-0,112 ^{ns}	-0,162 [*]	-0,135 ^{ns}	0,108 ^{ns}	-0,054 ^{ns}	0,240 ^{**}	0,041 ^{ns}
	rg							0,482 ⁺	0,343 ^{ns}	-0,069 ^{ns}	-	-0,058 ^{ns}	1,124 ^{ns}	-	0,793 ^{ns}
NNT	rf							0,913^{**}	-0,081 ^{ns}	0,363 ^{**}	0,239 ^{**}	0,304 ^{**}	0,378 ^{**}	-0,019 ^{ns}	0,272 ^{**}
	rg								1,020⁺⁺	-0,414 ^{ns}	-	0,183 ⁺	0,512⁺	-	-0,015 ^{ns}
NNP	rf								-0,010 ^{ns}	0,447 ^{**}	0,340 ^{**}	0,354 ^{**}	0,481 ^{**}	-0,026 ^{ns}	0,365 ^{**}
	rg									-0,270 ^{ns}	-	0,261 ⁺	0,335 ⁺⁺	-	-0,075 ^{ns}
NNR	rf									0,184 [*]	0,279 ^{**}	0,228 ^{**}	0,322 ^{**}	-0,008 ^{ns}	0,178 [*]
	rg										-	-0,029 ⁺	0,543 ^{ns}	-	0,260 ^{ns}
1G	rf										0,507^{**}	0,272 ^{**}	0,668 ^{**}	-0,483 ^{**}	0,452 ^{**}
	rg										-	-	-1,559 ⁺⁺	-	-
2G	rf											0,232 ^{**}	0,791^{**}	-0,337 ^{**}	0,548^{**}
	rg											-1,018 ^{ns}	-	-0,646 ⁺	0,533⁺⁺
3G	rf												0,742^{**}	0,625^{**}	0,699^{**}
	rg												-	1,333 ⁺⁺	0,756⁺⁺
NVT	rf													0,044 ^{ns}	0,792^{**}
	rg												-	-	
NSV	rf													0,230 ^{**}	
	rg													0,244 ^{ns}	

NDF; NDM: número de dias para o florescimento e para a maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APF; APM: altura da planta no florescimento e na maturidade; APV: altura da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos na maturidade; NNR: número de nós ramificados na maturidade; 1G: número de vagens com um grão; 2G: número de vagens com 2 grãos; 3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagens. ** e * significativo a 1 e 5% pelo teste t, respectivamente. ++ e + significativo a 1 e 5% pelo bootstrap, respectivamente. NS: Não significativo.

Leite et al. (2016), em experimento instalado no estado de Piauí, avaliaram os parâmetros genéticos de 27 genótipos de soja e obtiveram valores altos e positivos para APF, APM, NNF e APV. Assim como Bisinotto et al. (2017), ao estudarem as correlações entre os caracteres em soja, observaram que os caracteres APM e NN apresentam correlações fenotípicas e genotípicas positivas e significativas, como o presente estudo.

Caracteres como APF, APM, NNF, NNT, NNP e NNR podem correlacionar diretamente com a produção de grãos, sendo de grande interesse a realização da seleção indireta desses caracteres visando uma maior produção por planta.

Observou-se correlação genotípica de alta magnitude e positiva para os pares de caracteres: NNF e 2G, APM e 3G, NNT e 3G, 3G e NSV, NNT e PGP, 2G e PGP, G3 e PGP; e correlação fenotípica também de alta magnitude e positiva para os caracteres: 2G e NVT, 2G e NSV, 2G e PGP, 3G e NVT, 3G e PGP, NVT e PGP (TABELA 10).

Meier et al. (2019), ao estudarem caracteres agronômicos em oito genótipos de soja em dois ambientes distintos, verificaram associação alta e positiva de produção de grãos com APM (0,71), 2G (0,72) e 3G (0,73). Enquanto Zuffo et al. (2018), ao analisarem a influência de alguns caracteres agronômicos entre seis cultivares de soja, em função de diferentes densidades de planta, obtiveram correlação positiva e significativa de 0,78 entre PG e APM, 0,34 entre PG e APV e 0,61 entre PG e NVT.

Em experimento conduzido em Jaboticabal – SP, Val et al. (2017) encontraram correlações de baixa magnitude e positiva entre os caracteres de produção de grãos e altura da planta na maturidade, sendo que os maiores coeficientes de correlação encontrados pelos autores foram para NNR e NVT. Já no presente estudo, as maiores correlações genotípicas positivas encontradas foram entre APM e NNF (1,040) e 3G e NSV (1,333). Para os caracteres de alta herdabilidade e que apresentaram alta correlação, pôde inferir que as suas seleções contribuirão para ganhos indiretos para os caracteres de baixa herdabilidade.

As correlações envolvendo a produção de grãos é de grande importância por se caracterizar por herança quantitativa governada por vários genes, portanto de difícil seleção, sendo os caracteres com média a elevada magnitude de correlação considerados nas estratégias de seleção (VALE et al., 2014).

A produção de grãos por planta apresentou correlação genotípica positiva e alta com os caracteres NNT (0,529), NNP (0,564), 2G (0,533) e 3G (0,756). Muniz et al. (2007), ao analisarem progêniens F_{3:2} em Jaboticabal – SP, detectaram correlação fenotípica positiva e alta para os caracteres PG e NVT (0,947); e PG e NNT (0,531).

Outros autores identificaram correlações significativas entre os caracteres NVT e NGV com a produção de grãos (NOGUEIRA et al., 2012; ZUFFO et al., 2018).

4.4. Predição de ganho genético com a seleção

Com a seleção direta obtém-se ganhos máximos sobre um caráter em que se pratica a seleção. Esse caráter pode estar associado a outros e, dessa forma, podem ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, não considerados no processo seletivo (CRUZ, 2013). Neste estudo, foi determinado como critério de seleção a redução para os caracteres NDF e NDM e o incremento para os demais caracteres, assim obteve-se ganhos diretos negativos e positivos, dependendo do objetivo (TABELA 11).

Os maiores ganhos obtidos com a seleção direta (diagonal) foram para os caracteres APF (12,21 %), APM (16,45 %), NNR (11,55 %), PGP (11,70 %) e PGL (16,19 %) e os menores valores para NDF (-5,34 %) e NDM (-4,22 %) (TABELA 10). Bizari et al. (2017) encontraram maiores ganhos de seleção direta em progênie de soja para APM (27,55 %) e para NDM (-17,65 %), valores superiores ao encontrado no presente estudo. Ao selecionar para redução do ciclo (NDF; NDM) obteve-se ganhos de seleção indireta para APV, NNT e NNP, permitindo a seleção de indivíduos precoces e com maior altura

da primeira vagem, número de nós totais e produtivos (TABELA 11). Porém, ao selecionar para NDF (-5,34) obteve-se resultados desfavoráveis para seleção indireta dos caracteres PGL (-2,95) e PGL (-6,91). Rigon et al. (2012) observaram que o ciclo mais curto influí no incremento produtivo, resultados divergentes ao presente trabalho.

Para APM obteve-se um ganho de seleção direta de 16,45 % e concomitantemente ocorreu ganho de seleção indireta para NNF (1,07 %), APV (1,97 %), NNT (1,4 %), PGP (3,04 %) e PGL (1,2 %) (TABELA 11). Rigon et al. (2012) observaram correlação negativa entre rendimento de grãos e número de dias para maturidade em 18 cultivares de soja.

Ao selecionar de forma direta o caráter NNR (11,55 %) obtém-se ganhos indiretos para PGP (1,2 %) e PGL (1,07 %) (TABELA 11).

TABELA 11. Estimativas do ganho de seleção (%) obtidos após a seleção direta e indireta realizada em 11 caracteres avaliados em 145 genótipos de soja.

Caracteres	Caracteres										
	NDF	NDM	NNF	APF	APM	APV	NNT	NNP	NNR	PGP	PGL
NDF	-5,34	0,27	-0,07	-1,01	-1,54	0,41	0,31	0,30	0,56	-2,95	-6,91
NDM	-0,28	-4,22	-0,11	-0,7	0,11	0,76	0,24	0,19	-0,37	-1,29	1,89
NNF	-0,55	0,02	2,46	3,96	6,98	1,27	3,01	3,19	-0,9	3,64	1,18
APF	-0,42	-0,1	1,27	12,21	8,75	3,9	1,84	1,63	-0,57	1,86	2,85
APM	0,09	0,05	1,07	5,88	16,45	1,97	1,4	1,53	-0,16	3,04	1,2
APV	-0,7	0,75	0,86	5,07	7,54	6,42	1,95	1,69	0,12	1,51	0,74
NNT	-0,79	0,24	1,68	4,11	8,03	1,35	4,98	5,55	-0,24	4,43	-0,37
NNP	-0,36	0,31	1,52	2,84	7,57	0,92	4,69	5,74	0,78	3,88	-0,45
NNR	-0,17	-0,63	-0,1	-1,21	-0,05	-0,94	-0,52	0,15	11,55	2,1	1,07
PGP	0,35	0,95	0,63	0,88	3,69	-0,11	1,25	1,84	0,67	11,70	3,91
PGL	-1,34	-0,63	0,25	1,39	0,71	0,3	0,55	0,52	-0,07	1,27	16,19

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; NNF: número de nós no florescimento APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; APV: altura da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos na maturidade; NNR: número de nós ramificados na maturidade; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha. Valores em negrito na diagonal correspondem ao ganho de seleção direta, e nas demais células os ganhos de seleção indireta.

Com a genética quantitativa pôde-se escolher melhores estratégicas de seleção dos genótipos em estudo. A seleção de caracteres quantitativos é uma tarefa difícil quando realizada de forma direta, por serem caracteres governados por muitos genes e alta influência ambiental. A seleção direta resulta em seleções indiretas, sendo que, a resposta da seleção varia de acordo com o ambiente e a condução do experimento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os índices de seleção constituem-se em uma alternativa que permite realizar seleção simultânea para um grupo de caracteres de forma eficiente (CRUZ, 2013; KANG, 2015; ROSADO et al., 2012).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da distância genótipo-ideótipo e o índice da soma de “ranks” proposto por Mulamba, Mock (1978), estão apresentados na TABELA 12.

TABELA 12. Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para quinze caracteres pela seleção pelo índice distância Genótipo-Ideótipo, índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978), para 145 genótipos de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	GS (%)	Distância Genótipo-Ideótipo	Mulamba & Mock (1978)
NDF	-0,87		-1,22
NDM	-0,38		-0,96
NNF	1,54		1,89
APF	6,99		7,18
APM	8,38		10,69
APV	1,35		2,8
NNT	3,49		4,22
NNP	4,1		4,59
NNR	4,09		2,43
PGP	5,91		5,43
PGL	4,15		2,3
Total	40,49		39,35

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; NNF: número de nós no florescimento APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; APV: altura da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos na maturidade; NNR: número de nós ramificados na maturidade; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha.

Ao comparar todos os caracteres é possível observar que os maiores ganhos foram

obtidos para APF e APM para ambos os índices em estudo (TABELA 12). Porém, ao comparar com a seleção direta (TABELA 11), esses dois caracteres apresentaram menores valores, assim como os demais avaliados (TABELA 12).

Alguns autores, ao compararem os índices de seleção propostos, observaram que os baseados na soma de ranks e na distância genótipo-ideótipo apresentaram resultados favoráveis à seleção de genótipos superiores (LEITE et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017; VASCONCELOS et al., 2010).

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou melhor ganho de seleção total, porém, o índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) obteve os melhores ganhos de seleção para os caracteres de ciclo e caracteres relacionados à produção de grãos (TABELA 12).

Luz et al. (2014), ao estudarem variáveis agronômicas de progênies de amendoim em Pernambuco – PB, verificaram que o índice distância genótipo-ideótipo, utilizado na seleção de progênies intraespecíficos, apresenta ampla chance de sucesso na seleção, resultados semelhantes ao presente estudo.

Bizari et al. (2017), ao avaliarem progênies em geração F₅ de soja, observaram que o índice baseado na distância genótipo-ideótipo não apresentou bons valores de ganho para a maioria dos caracteres avaliados (PG, APM e NDM), resultados que não corroboram com o presente estudo.

Vivas et al. (2012), ao estudarem 67 híbridos simples de mamoeiro, obtiveram o índice de seleção proposto por Mulamba, Mock (1978) como o procedimento mais eficiente para a seleção simultânea de híbridos resistentes à manchas pretas, oídio e manchas de phoma.

Teixeira et al. (2017) e Pierdoná (2018) observaram que o índice da distância genótipo-ideótipo apresentou o maior valor de ganho genético total em comparação com a soma de “ranks” e verificaram também que a produtividade de grãos apresentou ganho superior pela índice da soma de “ranks” em relação ao da distância genótipo-ideótipo.

Na TABELA 13 encontram-se as médias dos selecionados pelo índice da distância genótipo-ideótipo e pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978).

TABELA 13. Médias dos selecionados utilizando os índices da distância Genótipo-Ideótipo e soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978).

Caracteres	Médias dos selecionados	
	Distância Genótipo-Ideótipo	Mulamba & Mock (1978)
NDF	39,32	38,14
NDM	96,98	96,21
NNF	9,02	9,19
APF	36,48	36,58
APM	65,90	67,55
APV	11,67	12,32
NNT	13,63	13,92
NNP	12,08	12,25
NNR	3,56	3,42
PGP	16,65	16,46
PGL	110,39	106,48

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; NNF: número de nós no florescimento APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; APV: altura da primeira vagem; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos na maturidade; NNR: número de nós ramificados na maturidade; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha.

Ao praticar 25 % de seleção obteve-se 36 genótipos superiores, dentre eles os que foram selecionados para ambos os índices em estudo foram: UFUS 23, UFUS 24, UFUS 35, UFUS 41, UFUS 47, UFUS 50, UFUS 58, UFUS 62, UFUS 66, UFUS 67, UFUS 69, UFUS 71, UFUS 72, UFUS 73, UFUS 82, UFUS 100, UFUS 105, UFUS 115, UFUS 117, UFUS 121, UFUS 122, UFUS 126 e UFUS 141. Esses genótipos são candidatos ao avanço de geração por apresentarem superioridade nos caracteres analisados.

CONCLUSÕES

A herdabilidade variou de 4,66 % para número de sementes por vagens a 86,06 % para altura da planta do florescimento na população segregante F₂, derivada da hibridação UFUS7415 e TMG 7161 RR.

Os ganhos genéticos pela seleção na população F₂ oscilaram de 5,11 % a 29,68 %, respectivamente, para os caracteres NSV e APF.

Os genótipos que se destacaram ao serem selecionados para os caracteres APF, APV, APM, NNT e PROD foram os indivíduos UFUS 35, UFUS 46, UFUS 53, UFUS 94 e UFUS 142. Dos 36 genótipos selecionados em F₃ o UFUS 35 foi novamente selecionado, indicando superioridade desse genótipo.

Com a seleção direta obteve-se ganhos de seleção oscilando de -5,34 % para NDF a 16,19 % para PGL. Os maiores ganhos indiretos foram para os caracteres APF (8,75 %) e NNT (8,03 %).

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou ganho de seleção total de 40,49 % e o índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) obteve um ganho total de 39,35 %.

Os genótipos selecionados em ambos os índices em estudo na geração F₃ foram: UFUS 23, UFUS 24, UFUS 35, UFUS 41, UFUS 47, UFUS 50, UFUS 58, UFUS 62, UFUS 66, UFUS 67, UFUS 69, UFUS 71, UFUS 72, UFUS 73, UFUS 82, UFUS 100, UFUS 105, UFUS 115, UFUS 117, UFUS 121, UFUS 122, UFUS 126 e UFUS 141.

REFERÊNCIAS

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

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Ciência e Agrotecnologia**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

ANDRADE, A. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S. E.; UNÉDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.

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

BEZERRA, A. R. G. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. (ed.) **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. p. 09-26.

BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da Soja**. Viçosa: Edidora UFV. 2017.

BISINOTTO, F. F.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; GLANSENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. L. Path analysis and traits correlation in soybean. **Communications in Plant Sciences**, Jaboticabal, v. 7, n. 1, p. 27-33, 2017. DOI: <https://doi.org/10.26814/cps2017005>

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, A. O.; UNÉDA-TRIVISOLI, S. H. Índices de seleção para caracteres agronômicos em ameaças segregantes de soja. **Revista Ciências Agrárias**, Fortaleza, v. 48 n. 1, p. 110-117, 2017.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009. 529 p.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHE-NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 7. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017.

BRUNO, J. L.; SILVA, H. R.; MASSARO JUNIOR, F. L.; CAVENAGHI PRETE, C. E. Acúmulo de óleo em sementes de soja cultivadas in vitro e in vivo. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 36, n. 5, p. 3085-3090, 2015.

BUENO, R. D.; BORGES, L. L.; ARRUDA, K. M. A.; BHERING, L. L.; BARROS, E.

G.; MOREIRA, M. A. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, [s. l.], v. 8, n. 38, p. 4853-4859, 2013.

CÂMARA, G. M. S. **Introdução ao agronegócio soja**. Piracicaba: USP/ESALQ, 2015.

CAMARGO, T. V.; MORAIS, M. C. **Sistema integrado de soja precoce e milho safrinha**. [s. l.] DuPont Pioneer, 2014. Disponível em:
<http://www.pioneersementes.com.br/media-center/artigos/170/sistema-integrado-de-soja-precoce-e-milho-safrinha>. Acesso em: 02 jan.2020.

CARMO, E. L.; BRAZ, G. B. P.; SIMON, G. A.; SILVA, A. G.; ROCHA, A. G. C. Desempenho agronômico da soja cultivada em diferentes épocas e distribuição de plantas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 17, n. 1, p. 61-69, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.5965/223811711712018061>

CARTER, T. E.; NELSON, R. L.; SNELLER. C. H.; CUI, Z. Genetic diversity in soybean. In: SOYBEANS: improvement, production, and uses. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America, and Soil Science Society of America, 2004. p. 303-416.

CARVALHO, A. D. F.; GERALDI, I. O.; SANTOS, V. S. S. Avaliação de progêneres f2:4 e f4:6 de soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 4, 2009.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0006-87052009000400005>

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

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). **Série Histórica das Safras**: soja. Brasília, DF: CONAB, 2020. Disponível em:
<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/serie-historica-das-safras?start=20>. Acesso em: 9 jan. 2020.

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

CRUZ NETO, A. J.; ROSA, R. C. C.; OLIVEIRA, E. J.; SAMPAIO, S. R.; SANTOS, I. S.; SOUZA, P. U.; PASSOS, A. R.; JESUS, O. N. Genetic parameters, adaptability and stability to selection of yellow passion fruit hybrids. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 16, n. 4, p. 321-329, 2016.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a48>

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and

quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.
DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: Edidora UFV, 1997.

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

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

DARONCH, D. J.; PELUZIO, F. S.; TAVARES, A. T.; SOUZA, C. M. Eficiência ambiental e divergência genética de genótipos de soja na região central do Tocantins. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 28, n. 1, 2019.
DOI: <http://dx.doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n1p1-18>

EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de soja**: Região Central do Brasil, Sistema de Produção 16. 1. ed. Londrina: Embrapa, 2014,

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

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987.

FOLLMANN, D. N.; CARGNELUTTI FILHO, A.; SOUZA, V. Q.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DEMARI, G. H.; FERRARI, M.; PELEGRI, A. J.; SZARESKI, V. J. Relações lineares entre caracteres de soja safrinha. **Revista de Ciências Agrárias**, Fortaleza, n. 40, n. 1, p. 213-221, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.19084/RCA16027>

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007000200007>

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

HARTWIG, E. E.; KIIHL, R. A. S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybeans for short-day conditions. **Field Crops Reseach**, Amsterdam, v. 2, p. 45-51, 1979.

JING, Y.; ZHAO, X.; WANG, J.; LIAN M.; TENG W.; QIU, L.; HAN, H.; LI W. Identification of loci and candidate genes for plant height in soybean (*Glycine max*) via genome-wide association study. **Plant Breeding**, New York, v. 12, n. 1, p. 1-12, 2019. DOI: <http://dx.doi.org/10.1111/pbr.12735>

KANG, M. S. Efficient SAS Programs for Computing Path Coefficients and Index Weights for Selection Indices. **Journal of Crop Improvement**, [s. l.], v. 29, n. 1, p. 6-22, 2015.

DOI: <https://doi.org/10.1080/15427528.2014.959628>

KIIHL, R. A. S.; CALVO, E. S. A. Epopeia da soja no Brasil. In: INTERNATIONAL WORKSHOP ON TROPICAL AGRICULTURE DEVELOPMENT, 2006, Brasília. Anais [...] Brasília: EMBRAPA, 2006.

KONG, F.; NAN, H.; CAO, D.; LI, Y.; WU, F.; WANG, J.; LU, S.; YUAN, X.; COBER, E. R.; ABE, J.; LIU, B. A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.03.0228>

LAURINDO, R. D. F.; LAURINDO, B. S.; DELAZARI, F. T.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, D. J. H. Potencial de híbridos e populações segregantes de abóbora para teor de óleo nas sementes e plantas com crescimento do tipo moita. **Ceres**, Viçosa, v. 64, n. 6, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0034-737x201764060004>

LAVIOLA, B. G.; SILVA, S. G. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; ROCHA, R. B.; OLIVEIRA, R. J. P.; ALBRECHT, J. C.; ALVES, A. A.; ROSADO, T. B. Desempenho agronômico e ganho genético pela seleção de pinhão-manso em três regiões do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 5, 4 p.356-363, 2014.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2014000500005>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

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

LU, S.; ZHAO, X.; HU, Y.; LIU, S.; NAN, H.; LI, X.; FANG, C.; CAO, D.; SHI, X.; KONG, L.; SU, T.; ZHANG, F.; LI, S.; WANG, Z.; YUAN, X.; COBER, E.R.; WELLER, J. L.; LIU, B.; HOU, X.; TIAN, Z.; KONG, F. Natural variation at the soybean *J* locus improves adaptation to the tropics and enhances yield. **Nature Genetics**, [s. l.], v. 49, n. 5, p. 773-779, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/ng.3819>

LUDWING, M. P.; DUTRA, L. M. C.; LUCCA FILHO, O. A.; UHRY, D.; LISBOA, J. I.; JAUER, A. Características morfológicas de cultivares de soja convencionais e Roundup Ready TM em função da época e densidade de semeadura. **Ciência Rural**, Santa Maria. v. 40, n. 4, p. 759- 767. 2010.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010000400003>

LUZ, L. N.; SANTOS, R. C.; MELO FILHO, P. A.; GONÇALVES, L. S. A. Combined selection and multivariate analysis in early generations of intraspecific progenies of peanuts. **Chilean Journal of Agricultural Research**, Chile, v.74, n. 1

p.16-22, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-58392014000100003>

MACHADO, B. Q. V. **Diversidade Genética em soja com diferentes níveis de resistência ao *Sclerotinia sclerotiorum*, correlações, análise de trilha e populações de plantas.** 2017. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2017.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; BROMMONSCHENKEL, S. H.; FERREIRA, S. C.; FIALHO, G. S. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, 2015.

DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26171>

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

Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/21812> Acesso em: 25 jan. 2020

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

MEIER, C.; MEIRA, D.; MARCHIOROL, V. S.; OLIVOTO, P.; KLEIN, L. A.; MORO, E. D.; LUNKES, A.; RIGATTI, A.; BELLO, R. F.; BUENO, R. B.; SOUZA, V. Q. Performance agronômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra. **Revista de Ciências Agrárias**, Santa Maria, v. 42, n. 4, p. 933-941, 2019. DOI: <https://doi.org/10.19084/rca.17995>

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

DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003>

MIKEL, M. A.; DIERS, B. W.; NELSON, R. L.; SMITH, H. H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soybean germplasm. **Crop Science**, Madison. v. 50, n. 4, p. 1219–1229, 2010.

DOI: <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2009.08.0456>

MOURA, A. M. **Eficiência da seleção de genótipos de arroz de terras altas via modelos mistos.** 2017. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2017.

MUNIZ, F. R. S.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; BÁRBARO, I. M.; COSTA, M. M. Seleção indireta e estudo genético entre gerações de cruzamentos biparentais em soja. **Ceres**, Viçosa. v. 54, n. 315, p. 434 - 440, 2007.

NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. **Características da soja.** Embrapa-CNPS, 2008. Disponível em:
<http://www.agencia.cnptia.embrapa.br/gestor/soia/arvore/CONTAGQ1> 24 2710200691

31.html. Acesso em: 05 jan 2020.

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

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

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Caracteres qualitativos. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenas, 2015. p. 33-56.

OLIVEIRA, E. C. A. M.; JUNIOR, W. P. O.; OLIVEIRA, J. D. D. FURMIGARE, N. S.; PELUZIO, J. M. Divergência genética em linhagens de soja visando a produção de biodiesel no Estado do Tocantins. **Magistra**, Cruz das Almas, v. 30, n. 1, p. 113-122, 2019.

OLIVEIRA, M. **Resistência à ferrugem asiática em linhagens elites de soja**. 2019. Dissertação (Mestrado- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.11606/D.11.2019.tde-05072019-162033> Acesso em: 02 jan 2020.

OLIVEIRA, M. G. A.; MARTINS, C. A. O.; SEDIYAMA, C. S.; MOREIRA, M. A.; REIS, M. S.; ROCHA, V. S. Efeito da eliminação genética das lipoxigenases sobre as características agronômicas da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n.10, p. 1389-1398, 2002. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2002001000006>

PASSOS, A. R.; SILVA, S. A.; SOUZA, C. S.; SOUZA, C. M. M. S.; FERNANDES, L. S. Parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em genótipos de mamoneira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 45, n.7, p. 709-714, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000700011>

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

PERINI, J. L.; ZEFFA, D. M.; FREIRIAL, G. H.; NOVAIS, P. S.; PRETE, C. E. C. Diversidade genética entre acessos de soja tipo alimento com base no algoritmo de gower. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 14, n.4, p. 47-57, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.5747/ca.2018.v14.n4.a248>

PERINI, L. J.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33Sup1p2531>

PIERDONÁ, F. G. **Estratégias de seleção e divergência genética em linhagens e estudo de gerações em soja.** 2018. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, 2018. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/25536>. Acesso em: 25 jan 2020.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2014001100007>

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental.** São Paulo: Esalq, 1985.

PÍPOLO, A. E.; ARIAS, C. A. A.; CARNEIRO, G. E. S.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; CARRÃO-PANIZZI, M. C.; KASTER, M.; ABDELNOOR, R. V.; MOREIRA, J. U. V. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja.** Londrina: EMBRAPA. 2007.

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

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, p. 347-353, 2014. DOI: <http://www.sbicafe.ufv.br:80/handle/123456789/8059>

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>

ROCHA, G. S.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; POERSCH, N. L.; LIMA, M. S.; SILVA, L. C. Estratégias de predição e efeitos de ambientes na avaliação de populações segregantes de feijão. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 62, n. 5, p. 438-445, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0034-737X201562050003>

ROCHA, M. R. **Parâmetros Genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja.** 2018. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/23288>. Acesso em: 22 jan 2020.

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

ROCHA, T. S. M.; STRECK, N. A.; BEXAIRA, K. B.; RIBAS, G.G.; TA, E. L.;

WINCK, J. E. M.; WEBWE, P. S.; RICHTER, G. L.; SILVA, M. R.; ALVES, A. F.; RIBEIRO, B. S. M. R. R.; ZANON, A. J. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura. **Agrometeoros**, Passo Fundo, v. 26, n. 1, p. 247-256, 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.31062/agrom.v26i1.26346>

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

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2002. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2002. Disponível em: 10.11606/D.11.2002.tde-29072002-153415 Acesso em: 12 jan 2020.

SANTOS, E. R. **Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agronômicas em baixas latitudes**. 2016. Tese (Doutorado). Universidade de Brasília, Brasília, 2016.

SANTOS, R. **Análise genética de genitores de soja [Ggycine max (L.) Merrill] nas gerações F1 e F2 visando melhoramento para semeadura antecipada**. 2019. Tese (Doutorado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2019.

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

DOI: <https://doi.org/10.1080/15427528.2017.1370404>

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009.

SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenas, 2015.

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

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

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 553-604.

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. (ed.) **Produtividade da Soja**. Mecenas: Londrina, 2016. p. 11-18.

SILVA, E. S.; CARVALHO, M. A. C.; DALLACORT, R. Desempenho agronômico de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura em Tangará da Serra e

Diamantino, Mato Grosso. **Acta Iguazu**, Cascavel, v. 8, n. 1, p. 1-11, 2019.

SILVA, F. C. S.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; BORÉM, A.; SILVA, F. L.; BEZERRA, A. R. G.; SILVA, A. F. Importância econômica e evolução do melhoramento. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed). **Melhoramento da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2017.

SOUZA, L. B.; CÉLIO JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

SOUZA, A. G.; SMIDERLE, O. J.; SPINELLI, V. M.; SOUZA, R. O.; BIANCHI, V. J. Correlation of biometrical characteristics of fruit and seed with twinning and vigor of *Prunus persica* rootstocks. **Journal of Seed Science**, Londrina, v. 38, n. 4, p. 322-328, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/2317-1545v38n4164650>

SOUZA, R. S. **Análise de cruzamentos dialélicos para o desenvolvimento de soja do tipo hortaliça com tolerância à ferrugem asiática**. 2017. Dissertação (Mestrado) – Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2017. Disponível em: 10.11606/D.11.2018.tde-16072018-165807. Acesso em: 02 jan 2020.

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

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, p. 01-13, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039842>

TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORRÊA, C. C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. A.; ZANUNCIO, A. S.; CAPRISTO, D. P.; TORRES, F. E. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, p. 794-799, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n1a2015-26094>

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

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE. **Data and Statistics**. 2020. Disponível em: <http://www.usda.gov/wps/portal/usda>. Acesso em: 14 jan. 2020.

VAL, B. H. P.; SILVA, F. M.; BIZARI, E. H.; LEITE, W. S.; GROLI, E. L.; PEREIRA, E. M.; UNEDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield. **African Journal of Biotechnology**, [s. l.] v. 16, n.8, p. 328-336, 2017

DOI: <http://dx.doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

VALE, E. H.; HAWERROTH, M. C.; CAVALCANTI, J. J. V.; VIDAL NETO, F. C.; MELO, D. S. Desempenho de híbridos de cajueiro-anão-precoce no litoral do estado do Ceará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 36, n. 4, p. 940-949, 2014.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-2945-403/13>

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57 p. 205-210, 2010.
DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VENCOVSKY, R., BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Melhoramento**. Ribeirão Preto: SBG, 1992.

VIVAS, M.; SILVEIRA, S. F.; PEREIRA. Prediction of genetic gain from selection indices for disease resistance in papaya hybrids. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n.6, p. 781-786, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000600007>

WATANABE, S.; HARADA, K.; ABE, J. Genetic and molecular bases of photoperiod responses of flowering in soybean. **Breeding Science**, Japão, v. 61, n. 5, p. 531-543, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1270/jsbbs.61.531>

YOKOMIZO, G. K. **Produtividade da soja na região do Município de Tartarugalzinho-AP**. Embrapa, 2012.

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC Genomics**, Nova York, v. 16, n. 1, p. 217-227, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1441-4>

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