

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

ANNA REGINA TIAGO CARNEIRO

PARÂMETROS GENÉTICOS, ANÁLISE DE TRILHA E ESTRATÉGIAS DE
SELEÇÃO EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA

UBERLÂNDIA
2020

ANNA REGINA TIAGO CARNEIRO

PARÂMETROS GENÉTICOS, ANÁLISE DE TRILHA E ESTRATÉGIAS DE
SELEÇÃO EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA

Tese apresentada ao Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de Uberlândia - UFU, como requisito parcial do Programa de Pós-graduação em Agronomia, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Doutora”.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki
Co-orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
2020

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

C289p
2020 Carneiro, Anna Regina Tiago, 1989-
Parâmetros genéticos, análise de trilha e estratégias de seleção em
populações segregantes de soja [recurso eletrônico] / Anna Regina Tiago
Carneiro. - 2020.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa
de Pós-Graduação em Agronomia.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2021.6014>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

1. Agronomia. 2. Fitotecnia. I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki,
1954-, (Orient.). II. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Coorient.). III.
Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em
Agronomia. IV. Título.

CDU: 631



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
Secretaria da Coordenação 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:	Tese, 014/2020 PPGAGRO				
Data:	Dezoito de dezembro de dois mil e vinte	Hora de início:	14:00	Hora de encerramento:	17:00
Matrícula do Discente:	11613AGR004				
Nome do Discente:	Anna Regina Tiago Carneiro				
Título do Trabalho:	Parâmetros genéticos, análise de trilha e índice de seleção em populações segregantes de soja RR				
Área de concentração:	Fitotecnia				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU; Márcio Pereira - Fundação Educacional de Ituverava; Abadia dos Reis Nascimento - UFG; Alcinei Místico Azevedo - UFMG; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador da candidata.

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(às) 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):

[A]provado(a).

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Doutor.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 21/12/2020, às 11:40, 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 **Osvaldo Tosiuyuki Hamawaki, Presidente**, em 21/12/2020, às 11:51, 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 **Abadia dos Reis Nascimento, Usuário Externo**, em 21/12/2020, às 13:24, 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 **Alcinei Místico Azevedo, Usuário Externo**, em 22/12/2020, às 10:17, 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 **MÁRCIO PEREIRA, Usuário Externo**, em 28/12/2020, às 12:24, 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 2396156 e o código CRC B4CED2EF.

*Dedico à minha filha Laura.
Ao meu esposo Gustavo.
Aos meus pais Herilton e Joaquina.*

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a DEUS por ter me dado saúde e permissão para realizar este projeto;

Ao meu bem maior, minha filha Laura, que apesar de tão pequena me ensina tanto sobre o amor, carinho, serenidade e gratidão. Você veio para somar meu amor e, me mostrar o quão forte eu sou. Amo-te incondicionalmente!

Ao meu esposo e amigo Gustavo por todo amor, companheirismo, compreensão, dedicação, renúncias, incentivo e por esta sempre ao meu lado. Te amo muito!

Aos meus pais Herilton e Joaquina por não medirem esforços para que eu pudesse realizar meus sonhos e alçar vôos cada vez maiores, vocês são meus maiores exemplos, amo muito vocês;

As minhas irmãs Maria Tereza e Anna Claudia pela amizade, amor, suporte e por estarem sempre ao lado nos momentos bons e ruins;

A minha segunda mãe, minha querida sogra Conceição por toda auxílio, apoio e incentivo e por cuidar de me como filha;

A todos os meus familiares que sempre me incentivaram a ir em buscar sempre do melhor;

As amigas que a soja me presenteou Beliza, Fernanda Gabriela e Silvia pela amizade, zelo, proteção, carinho e amor comigo e minha família. Amo vocês!

Também as amigas Morganna e Lorrayne pela amizade, auxílio na execução dos experimentos e por todos os momentos compartilhados de tropeços e conquistas. Gratidão por ter a amizade de vocês!

A minha co-orientadora Ana Paula pela dedicação e todos ensinamentos transmitidos;

Ao meu orientador Osvaldo Hamawaki pela confiança na execução deste projeto e aos conhecimentos transmitidos;

Aos estagiários do Programa Soja Júlia Peixoto, Marcela Eduarda, Arthur Eustáquio, Diego Peres e Matheus Victor, meu muito obrigada por toda ajuda, apoio, dedicação na execução dos experimentos e aos conhecimentos compartilhados;

Aos colegas do Programa Soja Carolina, Fernanda Bernardes, Flaviani, Layara, Bruno e Fábio pela ajuda e momentos compartilhados;

Ao Programa de Melhoramento Genético da Soja pela disponibilização de todo material genético e infraestrutura para execução dos meus experimentos;

Aos funcionários da Fazenda Experimental Capim Branco pelo apoio durante a instalação e condução dos experimentos;

A Universidade Federal de Uberlândia – UFU e ao Programa de pós-graduação em Agronomia pela oportunidade de realizar o doutorado;

A todos os professores e colegas do Programa de pós-graduação em Agronomia que tive à oportunidade de compartilhar conhecimentos e momentos.

A banca examinadora pelas sugestões para a melhoria da minha Tese;

A Capes pelo apoio financeiro;

A todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho e para minha formação profissional.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT.....	ii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	3
2.1 Cultura da Soja	3
2.2 Melhoramento genético da soja	6
2.3 Soja transgênica	8
2.4 Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia - UFU	9
2.5 Análise de geração	10
2.6 Parâmetros genéticos	11
2.7 Herdabilidade.....	12
2.8 Correlação.....	14
2.9 Análise de trilha	16
2.10 Ganho de seleção	17
2.11 Índice de seleção.....	19
REFERÊNCIAS.....	22
CAPÍTULO 2: Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos em três populações F ₂ de soja.....	29
RESUMO.....	29
ABSTRACT.....	30
1. INTRODUÇÃO.....	31
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	33
2.1 Localização dos experimentos.....	33
2.2 Genitores.....	33
2.3 Semeadura dos genitores	34
2.4 Obtenção de sementes híbridas F ₁ e F ₂	36
2.5 Semeaduras das populações F ₂ e genitores	37
2.6 Avaliações fenotípicas das populações segregantes.....	41
2.7 Análises estatísticas	42
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4. CONCLUSÕES.....	62
REFERÊNCIAS.....	63

CAPÍTULO 3: Correlações fenotípicas e genotípicas e análise de trilha entre caracteres agronômicos em duas populações $F_{2:3}$ de soja.....	68
RESUMO.....	68
ABSTRACT.....	69
1. INTRODUÇÃO.....	70
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	72
2.1 Localização dos experimentos.....	72
2.2 Tratamento e delineamento experimental	72
2.3 Instalação e condução dos experimentos.....	72
2.4 Avaliações fenotípicas dos genitores e progênies $F_{2:3}$	75
2.5 Análises estatísticas	75
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	78
4. CONCLUSÕES.....	95
REFERÊNCIAS.....	96
CAPÍTULO 4: Estratégias de seleção em caracteres agronômicos em progênies $F_{2:4}$ de soja transgênica RR	101
RESUMO.....	101
ABSTRACT.....	102
1. INTRODUÇÃO.....	103
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	105
2.1 Localização dos experimentos.....	105
2.2 Tratamento e delineamento experimental	105
2.3 Instalação e condução dos experimentos	105
2.4 Avaliações fenotípicas dos genitores e progênies $F_{3:4}$	107
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	113
4. CONCLUSÕES.....	126
REFERÊNCIAS.....	127
ANEXOS	132

CARNEIRO, ANNA REGINA TIAGO. **Parâmetros genéticos, análise de trilha e estratégias de seleção em populações segregantes de soja**. 2020, Tese (Doutorado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais. Brasil¹.

RESUMO

O conhecimento do comportamento associativo entre os vários caracteres de interesse econômico e das diferentes estratégias de seleção possibilita a seleção com êxito de genótipos superiores e ganhos de seleção expressivos. Esta tese foi dividida em quatro capítulos. O primeiro capítulo é o referencial teórico que trata sobre a cultura da soja, melhoramento genético, parâmetros genéticos, análise de trilha e índices de seleção. O segundo capítulo teve por objetivo conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para caracteres de importância agrônômica em três populações F_2 de soja, a fim de realizar a seleção com êxito de genótipos superiores. Os experimentos foram realizados no Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, em Uberlândia - MG. Foram desenvolvidas três populações segregantes: PSF_2 -A: $BRS256_{RR} \times TMG1179_{RR}$; PSF_2 -B: $BRS 256_{RR} \times UFUS Xavante$ e PSF_2 -C: $BRS7380_{RR} \times TMG1179_{RR}$ e avaliados onze caracteres agrônômicos. A seleção de genótipos superiores com sucesso é recomendada por meio do número de dias para o florescimento e altura da planta na maturidade na PSF_2 -A; para o número de dias para o florescimento, número de sementes por vagens, produção de grãos por planta, número de vagens totais e número de dias para maturidade na PSF_2 -B e para a altura de inserção da primeira vagem, número de nós ramificados e produção de grãos por planta na PSF_2 -C. No terceiro capítulo os objetivos foram compreender a associação entre caracteres agrônômicos em populações $F_{2:3}$ de soja transgênica RR por meio do estudo de correlação e análise de trilha a fim de possibilitar uma seleção exitosa para o melhoramento genético da cultura. Foram semeadas duas populações segregantes $F_{2:3}$, sendo elas a $PSF_{2:3}$ -A: $BRS256_{RR} \times TMG1179_{RR}$ e a $PSF_{2:3}$ -B: $BRS7380_{RR} \times TMG1179_{RR}$. Foram avaliados oito caracteres agrônômicos. Para a $PSF_{2:3}$ -A a seleção indireta para produção de grãos por planta é indicada por meio do caráter número de vagens totais e para a $PSF_{2:3}$ -B a seleção indireta do número de nós produtivos é recomendada mediante o número de nós na maturidade. O caráter número de vagens totais, em ambas populações, é útil na seleção de progênies superiores quanto ao rendimento de grãos. No quarto capítulo os objetivos foram verificar o potencial genético de caracteres agrônômicos e selecionar progênies $F_{3:4}$ de soja com base em diferentes estratégias de seleção. Foram semeadas 123 progênies e os genitores, $BRS256_{RR}$ e $TMG1179_{RR}$ e avaliados onze caracteres agrônômicos. O potencial genético da população $F_{3:4}$ é elevado e permite aplicar distintas estratégias de seleção no alcance de genótipos superiores. As progênies UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 e UFU 37 foram selecionadas por ambos índices de seleção. As progênies UFU 72, UFU 90, UFU 88 e UFU 69 são agronomicamente superiores tanto na seleção direta e indireta, quanto nos índices de seleção de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e do genótipo-ideótipo.

Palavras-chave: *Glycine max*. seleção direta e indireta. ganho de seleção.

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

CARNEIRO, ANNA REGINA TIAGO. **Genetic parameters, path analysis and selection strategies in segregating soybean populations.** 2020. Thesis (Doctor's Degree in Agronomy/Crop Science) - Federal University of Uberlândia, Minas Gerais. Brazil¹.

ABSTRACT

The knowledge of the associative behavior between the various characters of economic interest and the different selection strategies enables the successful selection of superior genotypes and expressive selection gains. This thesis was divided into four chapters. The first chapter is the theoretical background that deals with soybean culture, genetic improvement, genetic parameters, path analysis and selection indexes. The second chapter aimed to understand the genetic parameters and selection gains for characters of agronomic importance in three F₂soybean populations, in order to carry out a successful selection of superior genotypes. The experiments were carried out in the UFU Soy Genetic Improvement Program, in Uberlândia - MG. Three segregating groups were developed: PSF₂-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}; PSF₂-B: BRS 256_{RR} x UFUS Xavante and PSF₂-C: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR} and eleven agronomic characters were formulated. Successful selection of superior genotypes is recommended by the number of days for flowering and plant height at maturity in PSF₂-A; for the number of days for flowering, number of seeds per pod, grain production per plant, number of total pods and number of days for maturity in PSF₂-B and for the height of insertion of the first pod, number of branched nodes and grain production per plant in PSF₂-C. In the third chapter, the objectives were to understand the association between agronomic traits in F_{2:3}transgenicRRsoybean populations through the correlation study and trail analysis in order to enable a successful selection for the genetic improvement of the crop. Two F_{2:3} segregating populations were sown, PSF_{2:3}-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR} and PSF_{2:3}-B: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR}. Eight agronomic characters were evaluated. For PSF_{2:3}, the indirect selection for grain production per plant is determined by the number of total pods and for PSF_{2:3}-B, the indirect selection of the number of productive nodes is recommended by the number of nodes at maturity. The number of total pods, in both populations, is useful in the selection of superior progenies in terms of grain yield. In the fourth chapter, the objectives were to verify the genetic potential of agronomic traits and to select soybean F_{3:4} progenies based on different selection strategies. 123 progenies were sown and the parents, BRS256_{RR} and TMG1179_{RR} and eleven agronomic characters were evaluated. The genetic potential of the F_{3:4} population is high and allows different selection strategies to be applied to reach superior genotypes. The progenies UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 and UFU 37 were selected by both selection indexes. The UFU 72, UFU 90, UFU 88 and UFU 69 progenies are agronomically superior both in direct and indirect selection, as in Mulamba & Mock (1978) sum of ranks selection indexes and genotype-ideotype.

Keywords: *Glycine max.* direct and indirect selection. selection gain.

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

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das principais fontes de proteína e óleo vegetal do mundo. É usualmente comercializada na forma de grãos, farelo e óleo, podendo ser utilizada para alimentação humana e animal, na indústria química e como biocombustível. Participa do desenvolvimento de um amplo complexo agroindustrial, além de ser uma *commodity*, padronizada e uniforme, que pode ser produzida e negociada por produtores de diversos países (HIRAKURI; LAZZAROTTO, 2014).

No cenário mundial da soja o Brasil se destaca, dado que, tornou-se o principal produtor no ano agrícola 2019/20 com produção de 124,8 milhões de toneladas, numa área de 36,7 milhões de hectares. Além disso, é o principal país exportador com previsão de exportar 85,0 milhões de toneladas na safra 2020/21 (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2020). O sucesso e expansão da soja no Brasil devem-se a diversos fatores, entre eles o melhoramento genético da espécie com o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, adaptadas a diversas áreas de cultivo e resistentes a diversas doenças (HAMAWAKI et al., 2019; SILVA et al., 2017).

No programa de melhoramento genético, o conhecimento sobre a variabilidade genética existente na população é de suma importância e as estimativas de parâmetros genéticos, se destacam, por realizar inferências sobre a variabilidade da população em estudo (HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a).

Estimar os parâmetros genéticos e compreendê-los é extremamente importante, pois permite conhecer a estrutura genética da população, e com isto, auxiliar na escolha de métodos mais adequados e dos caracteres a serem selecionados nas distintas etapas do programas de melhoramento. Além de, contribuir na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e na predição ganhos genéticos esperados com a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012; HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a).

A estimativa de parâmetros genéticos como herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos com a seleção, estão entre os mais importantes parâmetros em programas de melhoramento genético (VASCONCELOS et al., 2012).

A correlação é um parâmetro que infere sobre o grau da relação linear entre um par de caracteres, ou uma medida do grau de variação conjunta (RAMALHO et al., 2012). Dessa maneira fica útil para identificar variáveis que possam ser utilizadas na seleção indireta sobre outra variável que apresenta baixa herdabilidade, e, ou, herança

complexa, manifestações em gerações mais avançadas ou problemas para identificação ou avaliação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Apesar da grande utilidade da correlação ela não permite conclusões sobre causa e efeito, restringindo inferências sobre o tipo de associação que governa um par de caracteres causando equívocos na estratégia de seleção. A análise de trilha é uma alternativa já que, a mesma, desdobra as correlações entre as variáveis, em efeitos diretos e indiretos, e, com isto, permite avaliar se a correlação entre duas variáveis é de causa e efeito ou determinado pela influência de outras variáveis (CRUZ et al., 2017).

O trabalho do melhorista baseia-se na seleção de genótipos superiores para aumentar a frequência de genes favoráveis de dado caráter (BEZERRA et al., 2017). Sabe-se que a seleção baseada em um ou em poucos caracteres, tem-se mostrado ineficiente por conduzir a um genótipo superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho menos favorável em relação aos outros caracteres não considerados na seleção (BÁRBARO et al., 2007b). Este tipo de seleção dificulta o alcance de genótipos superiores, uma vez que, o melhoramento tem como propósito melhorar um caráter principal, e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012).

Os índices de seleção constituem uma alternativa, visto que, conseguem realizar o agrupamento simultâneo de um conjunto de variáveis, independente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Por conseguir tal feito, os índices, identificam de maneira rápida e eficiente os genótipos que podem ser mais adequadas para os propósitos do melhorista aumentando a chance de êxito do programa de melhoramento genético (BIZARI et al., 2017; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016, 2018; TEIXEIRA et al., 2017b).

Nesse sentido, ao se levar em consideração importância da soja e do melhoramento genético vegetal os objetivos deste trabalho foram: conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para caracteres de importância agrônômica em três populações F_2 de soja, com a finalidade de realizar a seleção com êxito de genótipos superiores; compreender a associação entre caracteres agrônômicos em populações $F_{2:3}$ de soja transgênica RR por meio do estudo de correlação e análise de trilha a fim de possibilitar uma seleção exitosa para o melhoramento genético da cultura; verificar o potencial genético de caracteres agrônômicos e selecionar progênies $F_{3:4}$ de soja com base em diferentes estratégias de seleção.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Cultura da Soja

A soja pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, gênero *Glycine* L. e espécie *Glycine max*, sendo a forma cultivada (*Glycine max* (L.) Merrill) diplóide, com número de cromossomos $2n = 40$ (HYMOWITZ, 1970; MULLER, 1981).

É uma oleaginosa anual, herbácea, ereta, autógama, com índices de fecundação cruzada por volta de 1%; com morfologia diversificada, número variado de ramificações e ciclo de vida (emergência à maturação) de 70 a 200 dias, dependendo do genótipo e das condições ambientais (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

O grão de soja origina produtos e subprodutos que podem ser utilizados pela agroindústria de alimentos e indústria química (SEDIYAMA et al., 2015). Ainda, apresenta excelente fonte de óleo e proteína vegetal, com teores em torno de 20% e 40%, respectivamente (SILVA et al., 2017). Com o processamento da soja originam-se dois subprodutos de maior consumo: o farelo e o óleo. O farelo é utilizado, principalmente, na elaboração de rações para animais e o óleo, destinado para o consumo humano (BLACK, 2000; MÜLLER, 1981; NOGUEIRA et al., 2009; SEDIYAMA et al., 1985; SEDIYAMA et al., 1986; SEDIYAMA et al., 2009) e biodiesel para matriz energética (SILVA et al., 2017).

Evidências históricas, geográficas e linguísticas indicam que o centro de origem da soja é o continente asiático, mais especificamente a região centro-leste do norte da China (HYMOVITZ, 1970; SILVA et al., 2017). Com o crescimento de sua importância e do comércio, a soja foi levada da China para Coréia. A partir do século I. a soja chegou ao Japão, Indonésia, Filipinas, Vietnã, Tailândia, Malásia, Myanmar, Nepal e norte da Índia. Em 1739, a soja foi introduzida no Ocidente e em 1765 no continente Americano em Savannah, Georgia. Entretanto, o primeiro relato sobre seu comportamento data 1804 nos Estados Unidos da América do Norte, sendo cultivada na Pensilvânia (SEDIYAMA et al., 2014; SILVA et al., 2017).

No Brasil, a primeira referência de plantio experimental da soja ocorreu no estado da Bahia em 1882, quando cultivares foram introduzidas e testadas por Gustavo

D'Utra, advindas dos Estados Unidos. Contudo, a espécie não se adaptou a regiões de baixas latitudes e seu cultivo não obteve sucesso. Em 1908, uma segunda introdução de sementes ocorreu no estado de São Paulo, com latitudes um pouco mais elevadas, e permitindo o cultivo de forma experimental. Entretanto, foi no Rio Grande do Sul que apresentava condições edafoclimáticas mais similares às dos Estados Unidos que proporcionaram seu cultivo (BONATO; BONATO, 1987; CUNHA; ESPÍNDOLA, 2015; GAZZONI et al., 2018; SILVA et al., 2017).

Os primeiros cultivos de soja introduzidos no Brasil foram realizados com o objetivo de avaliar o desempenho como forrageira, sem propósito de como plantas produtoras de grãos para a indústria de farelo e óleo vegetal. As primeiras estatísticas oficiais de semeadura com fins para produção de grãos começaram a ser reportadas em 1941 no Rio Grande do Sul, com a instalação da primeira indústria de processamento de soja e, em 1945, no Estado de São Paulo (SILVA et al., 2017).

Em Minas Gerais, as primeiras referências da soja datam a década de 1920, quando foram realizados diversos trabalhos de pesquisa e divulgação sobre diferentes cultivares introduzidas, principalmente dos Estados Unidos. Entretanto, o início do melhoramento da leguminosa no Estado deu-se em 1963, pela Universidade Federal de Viçosa – UFV, por intermédio do Projeto UFV/Purdue University (EUA), coordenado por Henry Shands (SEDIYAMA et al., 2015).

Em 1965, foram realizadas as primeiras hibridações por Kirk L. Athow, da Purdue University, tendo como colaboradores Marvin L. Swearingin, Elton R. da Silva e Tuneo Sedyama. Desta pesquisa resultaram, em 1969, as primeiras cultivares desenvolvidas por Minas Gerais, Viçosa (soja de Viçosa) e Mineira, resultantes de linhagens fornecidas por Kuell Hinson, da Estação Experimental da Gainesville, Flórida (EUA) (SEDIYAMA et al., 1983).

Em 1988, institui-se a Fundação Triângulo de Pesquisa e Desenvolvimento. Entre as várias cultivares desenvolvidas pela Instituição destaca-se a MG/BR 46 Conquista, lançada em 1995, e, tornando-se a mais cultivada no Brasil Central. A Cooperativa Agropecuária do Alto Paranaíba Ltda (Coopadap), fundada em 1994, em São Gotardo – MG, também se destacou no melhoramento da soja em Minas Gerais (SEDIYAMA et al., 2015).

Em 1997, sob a coordenação do Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, a Universidade Federal de Uberlândia (UFU) iniciou o programa de melhoramento tendo com metas:

desenvolver cultivares convencionais, resistentes aos estresses bióticos e abióticos, com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas (SILVA et al., 2017).

A expansão da sojicultura no Brasil começou pela região sudeste e em 1970 consolidou-se em regiões do Cerrado brasileiro, atualmente maior produtor da cultura no país (BEZERRA et al., 2015). O acrônimo MATOPIBA formado pelas iniciais dos Estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia refere-se à nova fronteira agrícola no Cerrado brasileiro (SILVA et al., 2017). Nessa região, as pesquisas iniciaram em 1968, no Estado da Bahia em Irecê (SEDIYAMA et al., 2005). Entretanto, foi a partir da década de 90 com a elevação da atividade agrícola que diversas empresas como Monsanto, TMG, Brasmax, Pioner, Soy Tech Seeds e Donmario passaram a indicar cultivares específicas para esta região (SILVA et al., 2017).

A produção mundial de soja na safra 2019/20 foi de 336,7 milhões de toneladas e a previsão para a safra 2020/2021 é de 362,6 milhões de toneladas (USDA, 2020). Os principais produtores mundiais na safra 2019/2020 foram o Brasil (124,8 milhões de toneladas), Estados Unidos da América (96,7 milhões de toneladas), Argentina (49,0 milhões de toneladas) e China (18,1 milhões de toneladas) (USDA, 2020).

O Brasil é o principal exportador, sendo que na safra 2020/21 tem previsão de exportar 85,0 milhões de toneladas de soja (CONAB, 2020a). A cultura da soja é a principal *commodity* agrícola nacional, estima-se para o ano agrícola 2020/21 ocorra um incremento de 3,5% de área cultivada de soja, em relação à safra passada, atingindo 38,2 milhões de hectares semeados, com uma produtividade de 3.528 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020a). Os principais Estados produtores do país, na safra 2019/20 foram: Mato Grosso (35.884,7 milhões de toneladas), Paraná (21.598,1 milhões de toneladas), Goiás (13.159,4 milhões de toneladas), Rio Grande do Sul (11.443,6 milhões de toneladas) e Mato Grosso do Sul (11.362,8 milhões de toneladas) (CONAB, 2020b).

O estado de Minas Gerais é o 6º maior produtor nacional com produção na safra 2019/20 de 6.172,4 milhões de toneladas numa área de 1.647,3 milhões de hectares e com uma produtividade de 3.747 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020b). Quanto a Uberlândia, o município apresentou uma área semeada de 55.00 mil hectares de soja na safra 2016/17 (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E PESQUISA – IBGE, 2017).

O sucesso e expansão da soja no Brasil devem-se a diversos fatores entre eles: a) alta expressiva da cotação da soja no mercado internacional, a partir de meados dos anos 70, tornando o produto competitivo no mercado internacional; b) facilidades de mecanização total da cultura; c) estabelecimento de uma rede de pesquisa de soja articulada, inclusive no Centro-Oeste; d) substituição das gorduras animais, por óleos vegetais; e) demanda por soja na ração para a produção de suínos e aves; f) incentivos fiscais; g) eficiente rede privada no suprimento de insumos: sementes, corretivos, inoculantes, fertilizantes e agrotóxicos e h) agricultores empreendedores competentes e com capacidade gerencial (DALL'AGNOL, 2016).

Ainda, o melhoramento genético da soja no Brasil, realizado por diversas instituições públicas e privadas foi e tem sido um dos grandes responsáveis pela ocupação e expansão da soja no país devido a busca por desenvolver cultivares mais produtivas, adaptadas as diversas condições edafoclimáticas brasileiras e resistentes as principais doenças (HAMAWAKI et al., 2019; SILVA et al., 2017).

2.2 Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético de plantas pode ser definido como a arte e ciência que visam à modificação genética das plantas para torná-las mais úteis aos homens, animais e ambiente (MATSUO; SEDIYAMA; GLASENAPP, 2015). De acordo com Borém; Miranda (2017) estima-se que aproximadamente 50% do aumento do rendimento das principais espécies cultivadas sejam em função do melhoramento genético.

No Brasil, a evolução do melhoramento genético da soja deu-se em dois momentos. A primeira ocorreu desde a introdução da soja no país até a década de 1980. Nesse período, as instituições públicas eram responsáveis pelo desenvolvimento de variedades, fornecimento de sementes e transferência de tecnologia. Nesta época foram criados importantes centros de pesquisas, que possibilitaram o avanço da soja no Brasil por meio de sua adaptação às condições do Cerrado e regiões de baixas latitudes com o período juvenil longo. Plantas com esta adaptação, não florescem durante o período juvenil, mesmo em condições de fotoperíodo indutor, permitindo o crescimento e desenvolvimento da cultivar (KIIHL; GARCIA, 1989; SILVA et al., 2017).

A segunda época do melhoramento da soja no país ocorreu a partir de 1990, com a globalização, a promulgação de Lei de Cultivares – LPC (Lei nº 9456/1997), que possibilitou o retorno financeiro às empresas pela criação de novas cultivares e da Lei nº

10.814/2003, que promoveu a liberação comercial dos Organismos Geneticamente Modificados – OGMs, o que tornou o mercado de desenvolvimento de cultivares mais propício para a instalação de multinacionais como: Monsanto, Pioneer, Syngenta, Basf, Bayer, DOW e outras (SILVA et al., 2017).

O objetivo principal dos programas de melhoramento genético de soja é buscar constantemente por cultivares com elevada produtividade de grãos, seguida de outras características como precocidade, resistência ao acamamento, deiscência de vagens, tipo de crescimento, resistência a estresses bióticos e abióticos e qualidade nutricional (BEZERRA et al., 2017; SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013).

Ainda, com o crescimento populacional mundial previsto e a pressão ambiental, características referentes à sustentabilidade, resistência duradoura a doenças e eficiência no uso da água e nutrientes devem ser alguns dos principais focos do melhoramento vegetal (UNÊDA-TREVISOLI; SILVA; DI MAURO, 2017).

O melhoramento genético é um processo contínuo que possui basicamente três etapas: geração de variabilidade genética, seleção e teste (ALMEIDA; KIIHL, 1998) que são as mesmas no melhoramento de plantas convencionais ou transgênicas. Entretanto, para o melhoramento de plantas transgênicas, além das considerações de biossegurança e *stewardship* (gestão responsável do produto), e dos cuidados para evitar contaminação entre os eventos, tem-se as implicações genéticas e metodológicas, em especial nas etapas de geração de variabilidade genética (SCHUSTER, 2017).

No melhoramento genético, inicialmente, são desenvolvidas as populações segregantes, através de hibridação artificial. Em seguida, essas populações são conduzidas por várias gerações por diferentes métodos (método genealógico, método massal, teste de geração precoce, método da população, método SSD – *Single seed descendent* e método SPD – *Single pod descendent*) até que se obtenha certo grau de homozigose genética. Em populações de gerações mais avançadas são selecionadas plantas para o estabelecimento de testes e seleção de linhagens com características agrônomicas desejáveis. Por fim, são realizados ensaios de avaliação, repetidos em vários ambientes (locais e anos), para a indicação e lançamento de uma nova cultivar (ALMEIDA et al., 1999; CECCARELLI, 2015).

Já no melhoramento de plantas transgênicas, diferentemente do melhoramento convencional, a primeira parte inicia-se com a busca pelo gene de interesse em outra espécie. Neste processo, há três fases distintas e ao mesmo tempo importantes: na 1ª etapa ocorre a identificação do gene de interesse, que é isolado e transferido para uma

planta-modelo (tabaco, *Arabidopsis*). A partir da avaliação desses genes candidatos nas plantas modelo seleciona-se o gene a ser utilizado na planta-alvo (soja). Nesta fase, realiza-se a prova do conceito, no qual, avalia-se na planta-alvo se a característica desejada se manifesta com alta eficiência; em uma 2ª etapa acontece a avaliação da biossegurança, a partir de ensaios regulatórios em campo do novo evento para sua desregulamentação, pela equipe de regulatório; e na 3ª etapa ocorre a obtenção de cultivares transgênicas contendo o novo evento, pela equipe de melhoramento (SCHUSTER, 2017).

2.3 Soja transgênica

A soja transgênica, ou geneticamente modificada, é aquela cujo genoma foi alterado pela introdução de DNA exógeno por meio de diferentes métodos de transformação. Esse DNA pode ser originado de outros indivíduos de mesma espécie ou de outra espécie completamente diferente ou sintetizado em laboratório (BORÉM et al., 2013).

O primeiro cultivar de soja transgênica foi lançado em 1996 e rapidamente ganharam a preferência dos agricultores devido aos benefícios que proporcionaram em virtude da facilidade de manejo de plantas daninhas e redução dos custos de produção (SCHUSTER, 2017).

No Brasil, à implementação e aprovação de eventos transgênicos começou em 1998 com a soja RR - *Roundup Ready*, desenvolvida pela Monsanto, com resistência ao herbicida glifosato. Entretanto, a permissão efetiva para o plantio da soja ocorreu somente na safra 2003/04 (MORAIS; BORÉM, 2017).

As cultivares de soja *Roundup Ready* possui como característica a inserção do gene *cp4 epsps*, codificando uma forma tolerante da enzima 5-enolpiruvato-shiquimato-3-fosfato sintase (EPSPS) ao glifosato, permitindo a sobrevivência da planta sobre a ação do herbicida. O gene em questão foi isolado da bactéria *Agrobacterium tumefaciens* cepa CP4 (bactéria comumente encontrada no solo, causando galhas em plantas suscetíveis). O modo de ação do glifosato, causando as mortes das plantas, acontece devido à capacidade de bloquear a atividade da enzima-alvo (EPSPS) pertencente à via biossintética dos aminoácidos aromáticos tirosina, fenilalanina e triptofano. A transformação genética para esse evento deu-se com bombardeamento de micropartículas (biobalística) (MORAIS; BORÉM, 2017).

Após a aprovação do primeiro evento transgênico da soja, já foram aprovados quatro eventos para esta cultura: 1º Cultivance em 2009, com tolerância aos herbicidas do grupo das imidazolinonas, desenvolvido pela Embrapa e Bayer; 2º Liberty Link TM em 2010, produzido pela Bayer e CropScience, com tolerância ao herbicida glufosinato de amônio; 3º Intacta RR2 PRO®, criado pela Monsanto em 2010, com resistência às lagartas e tolerância ao herbicida glifosato e 4º Enlist E3® em 2015, elaborado pela Dow AgroScience e MS Technologies, com tolerância ao herbicida glifosato, glufosinato de amônia e 2,4-D (Adaptado de FUNDAÇÃO MATO GROSSO, 2014; CONSELHO DE INFORMAÇÃO SOBRE BIOTECNOLOGIA - CBI, 2015; SCHUSTER, 2017; MORAIS; BORÉM, 2017).

Ainda, vem sendo desenvolvida pela Monsanto a soja com tolerância ao herbicida dicamba e a soja com a tecnologia HPPD, com tolerância aos herbicidas inibidores da enzima 4-hidroxienilpiruvato dioxigenase (HPPD), elaborada pela Syngenta e Bayer CropScience (SCHUSTER, 2017).

2.4 Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia - UFU

A Universidade Federal de Uberlândia - UFU juntamente com o Instituto de Ciências Agrárias - ICIAG possui o Programa de Melhoramento Genético da Soja - PMGSoja, implantado em 1996, sob coordenação do professor Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. O intuito do programa é aperfeiçoar as tecnologias de produção da soja em ambientes tropicais com base em métodos de melhoramento clássico e molecular para o desenvolvimento de cultivares convencionais com elevada potencialidade produtiva, resistentes aos estresses bióticos e abióticos e de alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas (PMEGS, 2020).

O programa desempenha todas as fases do melhoramento genético da soja que se inicia com o delineamento dos objetivos de interesse conexos com o mercado, produtor e consumidor, escolha dos genitores, hibridações artificiais, avanços das gerações iniciais nas casas de vegetações e gerações avançadas no campo, avaliação de populações em gerações segregantes, testes de progênies, testes de adaptabilidade e estabilidade, avaliações de resistências as pragas, doenças e aos estresses térmicos e hídricos, seleção de linhagens promissoras até o registro e proteção da nova cultivar e produção de sementes do melhorista e sementes genéticas.

Além disso, o PMEGS busca constantemente por novas tecnologias que venham agregar na criação de genótipos superiores. Dentre estas tem-se: a) a inteligência artificial com auxílio da lógica *fuzzy* em estudos de adaptabilidade e estabilidade em soja (HAMAWAKI et al., 2018); b) aplicações do MicroRNAs com o objetivo de identificar e caracterizar os genes do sistema de proteínas receptoras PYR/PYL/RCAR e que interagem com as proteínas fosfatases (PP2Cs) em *Glycine max* e *Triticum aestivum* e c) fenotipagem de plantas de soja em larga-escala visando a resistência as doenças e ao déficit hídrico por meio da identificação de padrões causais e funcionais entre genótipo e ambiente, o que torna a seleção de plantas mais produtivas e tolerantes aos estresses muito mais rápida e eficiente (PMEGS, 2020).

Diversas cultivares de soja convencional foram desenvolvidas pelo Programa de Soja da UFU, sendo elas: UFUS 7401; UFUS 7415; UFUS 7801; UFUS 7910; UFUS 8301; UFUS 8710; UFUS Guarani; UFUS Impacta; UFUS Milionária; UFUS Riqueza; UFUS Xavante e UFUS 6901 sendo todas registradas junto ao Registro Nacional de Cultivares – RNC e oito protegidas no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – SNPC ambas no Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA, todas com características inovadoras, adaptadas às regiões do Cerrado, com ampla base genética e altamente produtivas (PMEGS, 2020).

2.5 Análise de geração

A análise de gerações é um tipo de análise biométrica realizada por meio de estudos das médias e variâncias. Nela são avaliadas conjuntamente várias gerações ou populações, contendo os progenitores P_1 e P_2 e/ou híbridos (F_1), e as gerações segregantes, tais como as populações F_2 e as provenientes de retrocruzamentos RC_1 e RC_2 (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; SCHMILDT et al., 2016).

Segundo Ramalho et al. (2012) a média representa a estatística de primeira ordem, sendo a soma algébrica de cada loco individualmente estando sujeito a erros devido a presença de genes dominantes. Caso estes estejam em locos no sentido oposto vem a apresentar um efeito menor ou nulo, com isto, a média pode não representar o que realmente está ocorrendo em uma população segregante.

Já a variância por ser uma estatística de segunda ordem permite uma interpretação mais consistente onde, os efeitos dos locos individuais, são elevados ao

quadrado eliminando a possibilidade de se cancelarem (RAMALHO; BRUZI; RAMALHO, 2012).

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

O emprego das variâncias fornece informações úteis aos melhoristas, pois possibilitam estimar parâmetros genéticos como correlação, herdabilidade e ganho esperado com a seleção (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2012), explorando a magnitude e a natureza da variabilidade genética na população em estudo.

2.6 Parâmetros genéticos

Os parâmetros genéticos são empregadas com objetivo de realizar inferências sobre a variabilidade da população em estudo (HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a), auxiliando os melhoristas para realizar o processo de seleção no momento ideal e, que resulte em ganhos genéticos significativos para o desenvolvimento de genótipos superiores.

Estimar os parâmetros genéticos e compreendê-los é extremamente importante, pois permite conhecer a estrutura genética da população, e com isto, auxiliar na tomada de decisões assertivas na escolha de métodos mais adequados e dos caracteres a serem selecionados nas distintas etapas do programas de melhoramento. Além de contribuir na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos e na predição ganhos genéticos esperados com a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012; HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a).

Estimativas de parâmetros genéticos de soja têm sido obtidas por vários autores (SANTOS et al., 2018; SANTOS et al., 2019; SMIDERLE et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a; ZUFFO et al., 2018) e estas têm contribuído para aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético da soja. A estimativa de parâmetros genéticos, como herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos com a seleção, estão entre os mais importantes parâmetros em programas de melhoramento genético (VASCONCELOS et al., 2012).

2.7 Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) expressa o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o genotípico (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). Ela reflete a proporção do valor fenotípico que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético (RAMALHO et al., 2012).

Considerando os genótipos de efeito fixo, não se obtém a estimativa da herdabilidade, mas do coeficiente de determinação genotípico (CRUZ, 2005; YOKOMIZO; VELLO, 2000). Este coeficiente expressa a proporção da variabilidade fenotípica devida às variações genéticas, pois é estimado o componente quadrático genotípico que é referente aos genótipos avaliados e não à variância genotípica (CRUZ, 2005).

De acordo com Johnson e Bernard (1967) a herdabilidade faz parte da maioria das expressões empregadas no melhoramento genético, principalmente na predição de ganhos genéticos decorrentes de seleção. Devido a isto, ela deve ser conhecida para atuar em inúmeras decisões práticas tomadas pelos melhoristas, com base em sua magnitude (FEHR, 1987; RAMALHO et al., 2012).

A importância das estimativas de herdabilidade reside em sua relação com a seleção. Assim, quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Em contrapartida, sendo o seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, visto que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (FALCONER; MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

O valor da herdabilidade pode variar de acordo com o tipo de características agronômicas e de fatores como o método utilizado para estimá-la, a diversidade 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 da coleta de dados (BORÉM; MIRANDA, 2017). Portanto, a estimativa de herdabilidade é específica, sendo difícil extrapolá-la de uma população para outra, ou para diferentes condições experimentais (DUDLEY; MOLL, 1969).

A herdabilidade pode ser expressa no sentido amplo (h_a^2) ou no sentido restrito (h_r^2), sendo que no sentido amplo é a razão entre a variância genotípica e a variância

fenotípica, e no sentido restrito, constitui-se na razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

O coeficiente de herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA, 2017). A herdabilidade no sentido amplo pode ser considerada o limite superior da herdabilidade no sentido restrito, sendo esta última utilizada para estimar o ganho efetivo do processo de seleção. Assim, em gerações avançadas de endogamia, devido à homozigose resultante das sucessivas autofecundações, espera-se que a herdabilidade do sentido amplo e a herdabilidade no sentido restrito sejam praticamente iguais (HANSON, 1963).

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido restrito quanto no sentido amplo varia de 0% a 100%. No caso de herdabilidade igual a 100%, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Quando a herdabilidade é igual a 0% significa que a variabilidade do caráter não tem origem genética. Neste caso não existe correlação alguma entre valor genético e valor fenotípico da unidade de seleção (FALCONER, 1987). De acordo com Cruz et al. (2012) e Ramalho et al. (2012) a herdabilidade é considerada alta quando assume valores acima de 70%.

Santos et al. (2019) ao avaliarem parâmetros genéticos e agrônômicos em progênies F₂ advindos de cruzamentos biparentais entre genitores com ausência de lipoxigenases e genitores com período juvenil longo encontraram herdabilidade no sentido amplo elevadas para os caracteres altura da planta na maturidade (91%), número de dias para maturidade (90%) e baixas para altura de inserção da primeira vagem (46%); número de vagens por planta (57%) e rendimento de grãos (57%).

Teixeira et al. (2017a) em pesquisa com populações F₂ provenientes de genitores contrastantes pra ciclo obtiveram herdabilidade no sentido amplo de 96,04% para número de dias para o florescimento, de 85,39 % para número de dias para a maturidade, de 45,36% para altura da planta na maturidade, de 60,20% para número de vagens por planta, de 2,63% para número de grãos por vagem e de 62,43% para a produção de grãos por planta.

Bologna et al. (2014) ao estimarem a herdabilidade de população F₂ de soja na Faculdade Estadual de San Luis na Argentina obtiveram coeficientes de 62% para número de dias para o florescimento e altura da planta na maturidade, de 78 % para número de vagens e de 49% para produção de grãos.

Em trabalho no município de Jaboticabal – SP Costa et al. (2008) estimaram parâmetros genéticos em seis populações segregantes F_3 e alcançaram herdabilidades de 24% (NDM); de 33% (APM); de 39% (AIV) e de 45% (NVT) para a população 1; para a população 2 as herdabilidades foram de 50% (NDM); de 46% (APM); de 30% (AIV) e de 77% (NVT); de 54% (NDM); de 46% (APM); de 28% (AIV) e de 70% (NVT) para a população 3; para a população 4 os coeficientes de herdabilidade foram de 72% (NDM); de 38% (APM); de 30% (AIV) e de 92% (NVT); já para a população 5 os valores foram de 37% (NDM); de 45% (APM); de 14% (AIV) e de 25% (NVT) e para a população 6 de 58% (NDM); de 43% (APM); de 30% (AIV) e de 55% (NVT).

2.8 Correlação

A correlação é um parâmetro que infere sobre o grau da relação linear entre um par de caracteres, ou uma medida do grau de variação conjunta (RAMALHO et al., 2012). Estimar as correlações entre os caracteres é extremamente relevante, visto que, permite ao melhorista o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012). Esta informação é útil, já que, o melhoramento tem como propósito melhorar um caráter principal, e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012).

Ainda, compreender a correlação entre os caracteres é útil nos casos que um dos caracteres apresenta baixa herdabilidade, e, ou, manifestações em gerações mais avançadas ou problemas para identificação ou avaliação. Com isto, a seleção correlacionada com um caráter de alta herdabilidade e de fácil mensuração pode ser mais apropriada e conduzir a progressos mais rápidos no melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; LEITE et al., 2016; FOLLMANN et al., 2017; MACHADO et al., 2017; NOGUEIRA et al., 2012; SMIRDELE et al., 2019).

De acordo com Falconer e Mackay (1996) podem estimar correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação fenotípica é estimada com base em dados diretamente mensurados, a partir de dois caracteres e certo número de indivíduos da população. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, entretanto, apenas a genética envolve uma associação de natureza herdável, podendo, desse modo, ser utilizada em programas de melhoramento.

A correlação genética é ocasionada, principalmente, pelo pleiotropismo, propriedade na qual um gene afeta duas ou mais características simultaneamente. Outra causa da correlação genética é a ligação gênica em situações de desequilíbrio, que é transitória e ocorre sobretudo em populações provenientes de cruzamentos divergentes, podendo ser alterada em gerações avançadas por quebra nos conjuntos gênicos pelas permutas (CRUZ et al., 2017; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

A correlação ambiental mede o grau de associação entre caracteres devido a fatores ambientais. Ela ocorre sempre que dois ou mais caracteres forem influenciados pelas mesmas variações nos fatores ambientais. Valores negativos desta correlação indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro, e valores positivos mostra que os dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas causas de variações ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os coeficientes de correlação estimados são analisados quanto a sua magnitude e direção. O valor obtido para esse coeficiente varia entre -1 e 1, considerando que o valor zero indica total ausência de relação linear e quanto mais próximo a 1 confirma a existência de forte correlação. As correlações positivas demonstram que os caracteres variam na mesma direção, em contrapartida as negativas refletem caracteres inversamente correlacionados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Pereira et al. (2017) estudaram correlação de qualidade fisiológica da sementes e caracteres agrônômicos em duas populações segregantes F₃ e F₄ de soja. Para população F₃, estes autores, observaram correlação fenotípica não significativa, de baixa magnitude (-0,014) e em sentido desfavorável entre os caracteres NDM e APM e, correlação fenotípica significativa e com magnitude de 0,321 entre o NDM e NVT. Para a população F₄ encontraram correlação não significativa e baixa (0,044) entre NDM e APM e, para os caracteres NDM e NVT a correlação também foi não significativa, de baixa magnitude (-0,176) e em sentido desfavorável.

Peric et al. (2016) realizaram estudo de correlação em duas populações segregantes F₄ de soja e, encontraram para a população 1 correlação genotípica de 0,717 e fenotípica de 0,927 entre APM e NNP e de 0,566 e 0,731 para correlação genotípica e fenotípica respectivamente, entre APM e NVT. Já na população 2 as correlações entre APM e NNP foram de 0,740 e 0,816 para a genotípica e fenotípica, concomitantemente e, de 0,808 para a fenotípica e de 0,855 para a genotípica entre APM e NVT.

2.9 Análise de trilha

A correlação tem grande utilidade no melhoramento de plantas, entretanto, uma correlação alta entre dois caracteres pode resultar no efeito de um terceiro, ou de um grupo de outros caracteres. Este processo não permite conclusões sobre causa e efeito, restringindo inferências sobre o tipo de associação que governa um par de caracteres causando equívocos na estratégia de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A fim de uma análise mais refinada dos estudos das correlações, Wright (1921) propôs um método denominado de análise de trilha, ou "*Path analysis*", que desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre uma variável resposta, e permite avaliar se a correlação entre duas variáveis é de causa e efeito ou determinado pela influência de outras variáveis.

A análise de trilha baseia-se na avaliação do efeito de uma variável independente (x) sobre uma variável dependente (y) após a remoção da influência de todas as outras variáveis independentes (x_i) incluídas na análise (HARTWIG et al., 2007). Com isto, permite de maneira mais fácil, a seleção de plantas por meio do efeito indireto de outros caracteres que interferem positivamente sobre a produtividade (NOGUEIRA et al., 2013).

De acordo com Kline (1991) por se tratar de uma expansão da regressão múltipla, a confiabilidade dos coeficientes da trilha pode ser afetada pelos efeitos da inter-relação ou multicolinearidade existentes entre um conjunto de variáveis explicativas.

A existência de multicolinearidade provoca vários problemas que não são devidos apenas à sua presença, mas sim ao grau em que se manifesta que podem ser de moderados a severos. Havendo a multicolinearidade entre um conjunto de caracteres explicativos, torna-se trabalhoso avaliar a influência destes sobre a resposta do caráter principal, e desconsiderar seus efeitos pode provocar resultados discrepantes. Neste sentido, diagnósticos de multicolinearidade devem ser realizados de maneira a viabilizar o estudo da análise de trilha (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A diagnose e grau de multicolinearidade na matriz de correlação são determinados com base no número de condições (NC), que é a relação entre o maior e o menor autovalor da matriz. Se $NC \leq 100$, a multicolinearidade é denominada de fraca e, portanto, não consiste problema para a análise; se $100 < NC < 1000$, a

multicolinearidade é designada moderada à forte; e se $NC \geq 1000$, é considerada severa (MONTGOMERY; PECK, 1981).

Caso haja presença de alto grau de multicolinearidade, sugere-se realizar a análise de trilha, com acréscimo de um valor k aos elementos da diagonal da matriz de correlação, ou fazer a análise de trilha tradicional com a eliminação de variáveis altamente correlacionadas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Zuffo et al. (2018) por intermédio da análise de trilha avaliaram a influência de caracteres agronômicos de soja em diferentes densidades de semeadura e concluíram que as variáveis número de vagens por planta e número de grãos por vagens foram os componentes que apresentaram maiores efeitos diretos sobre a produtividade de grãos em soja.

Machado et al. (2017) em trabalho com 21 linhagens de soja concluíram que a análise de trilha confirmou que o caráter número de vagens com três grãos apresentou o maior efeito favorável sobre o rendimento de grãos e número total de vagens por planta podendo ser útil na seleção indireta em genótipos produtivos de soja.

Nicolai; Lima; Tomaz (2017) ao estudarem correlações fenotípicas de soja por meio de análise de trilha detectaram efeito direto, alto e positivo da característica produtividade de grãos com as variáveis massa seca total e altura da primeira vagem, demonstrado que a seleção para estes caracteres pode acarretar ganhos de produtividade.

Em estudo sobre a associação entre atributos produtivos em genótipos de soja, Nogueira et al. (2012) observaram, mediante análise de trilha, efeito direto positivo do número de vagens sobre a produtividade de grãos. Os autores afirmam que, com base nos efeitos dos atributos é possível identificar caracteres que podem maximizar a resposta correlacionada em um programa de melhoramento genético.

2.10 Ganho de seleção

Uma das principais contribuições da genética quantitativa é a avaliação dos ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção. Esta informação permite orientar os programas de melhoramento, prever o sucesso do esquema de seleção adotado, selecionar ou descartar população e concentrar esforços na avaliação de caracteres de maior importância e potencialidade de ganho (CRUZ et al., 2017).

Diversos fatores podem interferir direta ou indiretamente no ganho obtido por seleção, sendo os mais importantes: a intensidade de seleção, as propriedades genéticas

da população e as condições ambientais durante o processo seletivo. Quanto maior o nível de expressão da variabilidade genética em relação ao ambiente e, mais ainda, se a proporção dessa variabilidade genética for devida principalmente a efeitos aditivos, maiores serão os ganhos estimados para a geração seguinte (MIRANDA; COSTA; CRUZ, 1988; VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

O melhoramento do genótipo para qualquer característica é o resultado do ganho de seleção, que depende do diferencial de seleção, que é a diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Desta forma, em uma seleção, quanto maior intensidade de seleção, maior será o diferencial e, como consequência, o progresso genético (CRUZ, 2005). Contudo, uma pressão de seleção alta poder provocar um risco de redução drástica da variabilidade genética. Uma maior heterogeneidade da população aumenta as chances de ganho com seleção, pois tal ganho se baseia em diferenças genéticas. O ambiente é outro fator que interfere no ganho obtido por seleção, sendo que normalmente há uma variação ambiental quando o experimento é montado no campo, onde não existe controle local de ano para ano (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992).

A seleção de genótipos em uma população com elevada variabilidade genética pode ser alcançada de forma direta, selecionando os indivíduos com melhor fenótipo; pela seleção indireta mediante o conhecimento das correlações entre as variáveis; ou por intermédio de índices de seleção, que estimam valores de ganho genético fundamentados na seleção simultânea de vários caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A seleção direta fundamenta-se na obtenção de ganhos máximos em um único caráter no qual se pratica a seleção e, dependendo da relação desse caráter com os outros poderão ocorrer respostas positivas ou negativas nos caracteres de importância secundária, que não foram analisados no processo de seleção (CRUZ, 2013).

A seleção indireta baseia-se no conhecimento da correlação entre caracteres. De acordo Falconer e Mackay (1996) quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro caráter associado. Em alguns casos, a seleção indireta, com base na resposta correlacionada pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar para um deles, não provocar mudanças indesejáveis em outros.

No melhoramento genético vegetal, a seleção baseada em um ou em poucos caracteres tem-se mostrado ineficiente por conduzir a um genótipo superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho menos favorável em relação aos outros caracteres não considerados na seleção (BÁRBARO et al., 2007b), dificultando a seleção de genótipos superiores.

Devido à dificuldade de selecionar múltiplas características simultaneamente e à complexidade de inferências sobre o que se quer selecionar, surgiu a necessidade de realizar seleção de um conjunto de características de interesse para obter ganhos no sentido favorável a todas elas de forma sincronizada. Este processo fez com que critérios de seleção, que não fossem baseados em apenas uma característica ou na seleção indireta, fossem executados, tais como os índices de seleção (CRUZ, 2013).

Teixeira et al. (2017a) ao trabalharem com população segregante F₂ de soja contrastante para ciclo encontraram ganhos de seleção de -10,10% para número de dias para o florescimento; de - 4,0% para número de dias para maturidade; de 10,62% para altura da planta na maturidade; de 4,02% para número de nós; de 31,99 para número de vagens/planta e de 29,54% para produção de grãos.

2.11 Índice de seleção

Os índices de seleção agregam as informações relativas a múltiplos caracteres de importância agrônômica com as propriedades genéticas da população avaliada, e com isto, conseguem realizar a seleção simultaneamente de um conjunto de variáveis, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Por conseguir tal feito, os índices de seleção, identificam de maneira rápida e eficiente, as progênies que podem ser mais adequadas para os propósitos do melhorista aumentando a chance de êxito do programa de melhoramento genético (BIZARI et al., 2017; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016, 2018; TEIXEIRA et al., 2017b).

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) a seleção ocorre com base nos valores dos índices (valor numérico), que funciona como caráter adicional (super caráter), teórico, resultante da combinação linear de todos os caracteres de interesse para cada unidade a ser selecionada, avaliando as respostas indiretas esperadas a partir dos caracteres originais. De modo geral, o ganho sobre o caráter é reduzido, no entanto, essa

redução é compensada por uma melhor distribuição dos ganhos favoráveis nos demais caracteres.

Atualmente, distintas metodologias para obtenção de índices têm sido propostas. Sendo que, cada uma delas refere-se a diferentes alternativas de seleção, e, consequentemente diferentes percentuais de ganhos, devendo ser avaliadas e escolhidas de acordo com o objetivo do melhorista (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Entre os índices de seleção, os mais utilizados em programas de melhoramento são o índice baseado na soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e o índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013).

O índice de soma de classificação ou soma de postos foi desenvolvido por Mulamba e Mock (1978) baseado na soma de “*ranks*”. Consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem favorável ao melhoramento, sendo, em seguida, somadas as ordens de “*ranks*” ou a classificação de cada genótipo, resultando no índice de seleção.

O índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013) permite determinar os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados adequados para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores.

Teixeira et al. (2017b) utilizaram índices de seleção para realizarem a seleção de genótipos de soja no município de Uberlândia – MG. Os autores utilizaram os índices de Smith (1936) e Hazel (1943); Soma de “*Ranks*” de Mulamba & Mock (1978); Willians (1962) e da Distância genótipo-ideótipo em dez caracteres de soja (número de dias para florescimento e maturidade; altura da planta no florescimento e na maturidade; número de nós no florescimento e maturidade; peso de 100 grãos; número de nós produtivos; produtividade de grãos e número de vagens por plantas) e obtiveram ganhos de seleção totais de 42,44%; 49,56%; 47,81% e 59,38% para cada um dos índices, respectivamente.

Bizari et al. (2017) compararam diferentes estratégias de seleção: seleção direta e indireta; índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943); índice baseado em soma de *ranks* de Mulamba & Mock (1978); índice de Willians (1962); índice baseados nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) e o índice da distância genótipo- ideótipo (Cruz, 2013) em sete populações segregantes de soja em geração F₅. Os autores concluíram que os índices de Smith e Hazel e de Willians apresentaram as menores variações quanto aos ganhos conseguidos nas diferentes situações e pesos econômicos

estudados. E que o índice que proporcionou os ganhos mais favoráveis foi o de soma de *“ranks”*.

REFERÊNCIAS:

- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil: desafios e perspectivas. In: GIL, M. S. **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba: USP- ESALQ, 1998. p. 40-54.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J.A. Melhoramento da soja para regiões de baixa latitude. In: QUEIRÓZ, M. A. de; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Org.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Brasília: EMBRAPA, 1999. p. 73-88. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1538>>. Acesso em: 10 abr. 2020.
- BÁRBARO, I.M.; CENTURION, M.A.P. C.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISIOLI, S.H.; COSTA, M.M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F₅ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v.54, n. 313, p.250-261, 2007b.
- BLACK, R.J. Complexo soja: Fundamentos, situação atual e perspectivas. In: CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia de produção**. Piracicaba, SP, p. 1-17, 2000.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M., Importância econômica. In: SEDIYAMA, T. ; SILVA, F., BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa: UFV, 2015, p. 09-26.
- BEZERRA, A.R.G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Atributos agronômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 506-528.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDATREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. **A soja no Brasil: história e estatística**. Londrina, EMBRAPA-CNPSO, 61p. (EMBRAPA-CNPSO. Documentos, 21), 1987.
- BORÉM, A.; DIOLA, V.; FRITSCHÉ-NETO, R. O melhoramento de plantas e os avanços biotecnológicos. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Biotecnologia aplicada ao melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2013.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV. 2017. 523 p.
- CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 87-97, 2015. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.02.0158>
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Acompanhamento da safra brasileira. **Grãos** – Safra 2020/21 – 2º Levantamento – Novembro, 2020, v.8, 84

p.Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 7 de dez., 2020a.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Soja – Comparativo de área, produtividade e produção safras 2019/20 e 2020/21**. Tabela de Levantamento. 3º Levantamento – Safra 2020/21. Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em: 10 de Nov.2020b.

CONSELHO DE INFORMAÇÃO SOBRE BIOTECNOLOGIA – CBI. **Eventos aprovados**. Disponível em:<<http://cib.org.br/biotecnologia/regulamentacao/ctnbio/eventos-aprovados>>. Acesso em: 15 de abr. 2020.

COSTA, M.M.; DI 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-crosses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1p. 101-108, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100012>

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.

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

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

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá,v. 35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C.D.; RODRIGUES, H.S.; ROSADO, R.D.S.; BHERING, L.L. Biometria aplicada ao melhoramento genético. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE,W. **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 249-287.

DALL’AGNOL, A. **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 72 p. 2016.

DUDLEY, J.W., MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 9, n. 3, p. 257-262, 1969. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1969.0011183X000900030001x>

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

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

- FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan, 1987.
- GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 16-18, 2018. DOI: <https://doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>
- HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.
- HAMAWAKI, C.D.L.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.; AZEVEDO, A.M.; CARNEIRO, A.R.T.; FELICI, P.N.; HAMAWAKI, R.L. GLASENAPP, J.S.; FARIA, M.V. Lógica *fuzzy* em estudos adaptabilidade e estabilidade em soja. *In: VIII Congresso Brasileiro de Soja*, 2018. **Anais do VIII Congresso Brasileiro de Soja**, Goiânia: Embrapa, 2018. p. 709.
- HAMAWAKI, O.T.; HAMAWAKI, R.L.; NOGUEIRA, A.P.O.; GLASENAPP, J.S.; HAMAWAKI, C.D.L.; SILVA, C. O. Evaluation of soybean breeding lineages to new sources of root-knot nematode resistance. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v.43, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1590/1413-7054201943009519>
- HANSON, W. D. Heritability. *In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. Statistical genetics and plant breeding*. Washington, DC: National Academy of Science, 1963. p. 125-139.
- HARTWIG, I.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; SILVA, J.; BERTAN, I.; BUSATO, C.C. Estimativa de coeficientes de correlação e trilha em gerações segregantes de trigo hexaplóide. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.2, p.203-218, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052007000200004>
- HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina: Embrapa Soja – (Documentos, 349) 37p., 2014. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/-/publicacao/990000/o-agronegocio-da-soja-nos-contextos-mundial-e-brasileiro>>. Acesso em: 24 de mai.2020.
- HYMOWITZ, T. On the domestication of the soybean. **Economic Botany**, New York, v.24, n.4, p.408-421, 1970. DOI: <https://doi.org/10.1007/BF02860745>
- INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Produção Agrícola Municipal – PAM**. Soja: área plantada, área colhida, quantidade produzida, rendimento médio e valor da produção das lavouras temporárias – Variável – Área plantada em hectares – ano 2017. Disponível em: <<https://sidra.ibge.gov.br/tabela/1612#resultado>>. Acesso em: 6 de dez.2020.
- JOHNSON, H.W.; BERNARD, R.L. Soybean, genetics and breeding. *In: Norman, A.G. The soybean genetics, breeding, physiology, nutrition and management*. New York: Academic Press, 1967. p. 1-73.

KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. *In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE*. Buenos Aires. **Proceedings**. Buenos Aires: AASOJA, v.2, p.994-1000, 1989.

KLINE, R.B. Latent variable path analysis in clinical research: A beginner's tour guide. **Journal of Clinical Psychology**, [s.l.], v.47, n.4, p.471-484, 1991. DOI: [https://doi.org/10.1002/1097-4679\(199107\)47:4<471::AIDJCLP2270470402>3.0.CO;2-O](https://doi.org/10.1002/1097-4679(199107)47:4<471::AIDJCLP2270470402>3.0.CO;2-O)

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; 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.

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

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

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; GLASENAPP, J.S. Seleção assistida por marcadores moleculares. *In: SEDIYAMA, T. (ed.) Melhoramento genético da soja*. Londrina, PR: Mecnas, 2015. p. 94-102.

MIRANDA, J.E.C.; COSTA, C.P.; CRUZ, C.D. Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente entre caracteres de fruto e planta de pimentão (*Capsicum annuum* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.4, p.457-467, 1988.

MORAIS, P.P.P.; BORÉM, A. Cultivares transgênicas. *In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.) Melhoramento da Soja*. Viçosa: UFV, 2017, p.396-418.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E.A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley, 1981. 504 p.

MULAMBA, N. N. ; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Cairo, v. 7, p. 40-51, 1978.

MULLER, L. Taxonomia e morfologia. *In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (ed.) A soja no Brasil*. Campinas: ITAL, p. 65-108, 1981.

NICOLAI, A.B.; LIMA, R.C.; TOMAZ, R.S. Correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeadas na região da Alta Paulista. **Revista Científica**, Jaboticabal, v.10, n.20, 2017. DOI: <https://doi.org/10.17271/19843240102020171666>

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

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, P. A. G.; ZOZ, T.; NUNES, J. G. S.; FILHO, P. R. R.; VENTURINI, G. C. Correlação e análise de trilha de produtividade de grãos e seus componentes e caracteres de planta em milho. *In: CONGRESSO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DAS FACULDADES INTEGRADAS DE OURINHOS*. Ourinhos. **Anais...Ourinhos: FIO/FEMM**, 2013. p. 20. CD-ROM.

PROGRAMA DE MELHORAMENTO E ESTUDOS GENÉTICOS EM SOJA – PMEGS. Histórico do Programa Soja da UFU. Uberlândia, [s.n]. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/4>>. Acesso em: 21 de abr. 2020.

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: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M.A.P.; BRUZI, A.T.; TEIXEIRA, R. S. Genética quantitativa no melhoramento. *In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. LUDKE, W. (ed.)Melhoramento da Soja*. Viçosa: UFV, 2017, p 147-195.

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P.R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v.15,n.1, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B. Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n.1, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

SCHUSTER, I. Melhoramento para cultivares transgênicas. *In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. LUDKE, W. (ed.)Melhoramento da Soja*. Viçosa, MG, 2017, p. 372-395.

SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C.S.; PEREIRA, M.G.; BORÉM, A.; GOMES, J.L.L.; REIS, M.S.; DUTRA, J.H., BERING, M.S. **Vinte anos de melhoramento na Universidade Federal de Viçosa**. Viçosa: UFV, MG, 1983, 4 p.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da Soja – Parte I**. Viçosa: UFV, 1985, 96p.

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

SEDIYAMA, H.A.; TEIXEIRA, R.C.; SEDIYAMA, T. Soja e seus derivados na alimentação humana. *In: SEDIYAMA, T. (ed.)Tecnologias de produção e usos da soja*. Londrina: Mecenass, 2009, p. 261-272.

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

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

SEDIYAMA, T. MATSUO, E.; OLIVEIRA, R.C.T.; GLASSENAP,J.S. Origem e evolução. *In: SEDIYAMA, T. (ed.)Melhoramento genético da soja*. Londrina: Mecenass, 2015, p. 11-18.

SEDIYAMA, T. Melhoramento genético da soja no Brasil central. *In: XVIII Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas*”. 1 ed.**Anais do XVIII Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras: Edição Fundecc. 27-30.p.2014.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C.; SEDIYAMA, H.A. A Soja. *In: SEDIYAMA, T. (ed.)Produtividade da Soja*. Londrina: Mecenass, 2016. 310 p.

SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. LUDKE, W. **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, 563p.

SMIDERLE, O.J.; SOUZA, A. G.; GIANLUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K.N.A. C.; GOMES, H. H. S. Correlações entre componentes de produção de soja BRS Tracajá e diferentes densidades de plantas no Cerrado Roraima. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v.9, n.1, p.34-40, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21206/rbas.v9i1.3065>

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; HAMAWAKI, C.L.; MATTOS, T.P.; SILVEIRA, I.C.; MEDEIROS, L.A. Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4., 2017a. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

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

UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; DI MAURO, A.O. Seleção assistida por marcadores moleculares e seleção genômica. *In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. LUDKE, W. (ed.)Melhoramento da Soja*. Viçosa: UFV, 2017, p.348-371.

VASCONCELOS, E.S.D.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja

produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais, [s.l], v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012. DOI: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406 p.

VISSCHER, P.M.; HILL, W.G.; WRAY, N.R. Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics**, [s.l], v.9, p. 255-266, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg2322>

YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Coeficiente de determinação genotípica e de diversidade genética em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 11, p. 2223-2228, 2000. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100014>

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 Agrônômica**, Ilha Solteira, v.27, n.1, p.78-90, 2018. DOI: <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90>

CAPÍTULO 2: Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos em três populações F₂ de soja

RESUMO

Os parâmetros genéticos possibilitam conhecer sobre a variabilidade genética da população em estudo. Entre os parâmetros genéticos a herdabilidade e o ganhos por seleção destacam-se, pois têm grande utilidade nos programas de melhoramento genético. Com isto, objetivou-se conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para caracteres de importância agronômica em três populações F₂ de soja, a fim de realizar a seleção com êxito de genótipos superiores. Os experimentos foram realizados na Fazenda Capim Branco pertencente a UFU, em Uberlândia - MG. Foram avaliadas três populações segregantes. Para a PSF₂-A: BRS256_{RR} X TMG1179_{RR}, a semeadura ocorreu em casa de vegetação, sendo semeadas 149 sementes F₂ com duas sementes por vaso. A cada 10 vasos de plantas F₂, foram colocados três vasos do P₁ (BRS256_{RR}) e três do P₂ (TMG1179_{RR}), totalizando 30 vasos de cada um dos genitores. Para a PSF₂-B: BRS 256_{RR} X UFUS Xavante e PSF₂-C: BRS7380_{RR} X TMG1179_{RR} a semeadura foi em campo, em covas, com uma planta por cova. A PSF₂-B foi composta por 196 sementes F₂ e 25 sementes de cada um dos genitores, P₁ (BRS256_{RR}) e P₂ (UFUS Xavante). Já a PSF₂-C foi composta por 393 sementes de F₂ e 40 sementes de cada um dos genitores, P₁ (BRS7380_{RR}) e P₂ (TMG1179_{RR}). Foram avaliados o número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; altura de inserção da primeira vagem; número de nós no florescimento, totais, produtivos e ramificados, respectivamente; número de vagens totais; número de sementes por vagem e produção de grãos por planta. Estimou-se as variâncias genotípica, fenotípica e ambiental, a herdabilidade no sentido amplo, número de genes e predito os ganhos de seleção. A herdabilidade no sentido amplo foi superior a 70% para o número de dias para o florescimento (81,85%) e altura da planta na maturidade (77,05%) na PSF₂-A; para o número de dias para o florescimento (91,81%); número de dias para maturidade (75,93%); número de vagens totais (78,23%); número de sementes por vagem (91,43%) e produção de grãos por planta (82,46%) na PSF₂-B e o número de dias de maturidade (87,93%); altura de inserção da primeira vagem (71,95%); número de vagens totais (74,58%) e número de sementes por vagens (72,58%) na PSF₂-C. A seleção de genótipos superiores com sucesso é recomendada por meio dos caracteres número de dias para o florescimento e altura da planta na maturidade na PSF₂-A; para o caracteres número de dias para o florescimento, número de sementes por vagens, produção de grãos por planta, número de vagens totais e número de dias para maturidade na PSF₂-B e para a altura de inserção da primeira vagem, número de nós ramificados e produção de grãos por planta na PSF₂-C. Ganhos de seleção elevados na próxima geração são indicados a partir dos caracteres altura de inserção da primeira vagem, número de nós ramificados e produção de grãos por planta na PSF₂-A; dos caracteres número de sementes por vagem, produção de grãos por planta e número de vagens totais na PSF₂-B e dos caracteres número de vagens totais, altura de inserção da primeira vagem e produção de grãos por plantas na PSF₂-C.

Palavras-chave: *Glycine max*. variância. herdabilidade.

CHAPTER 2: Estimates of genetic parameters for agronomic traits in three soybean F₂ populations

ABSTRACT

Genetic parameters are used in order to make inferences about the genetic variability of the study population. Among genetic parameters, heritability and selection gains stand out, because they are very useful in breeding programs. In this context, the objective was to know the genetic parameters and selection gains for characters of agronomic importance in three soybean F₂ populations, in order to carry out the successful selection of superior genotypes. The experiments were carried out in the UFU Soybean Breeding Program, in Uberlândia – MG. Three segregating populations were developed: PSF₂-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}; PSF₂-B: BRS256_{RR} x UFUS Xavante and PSF₂-C: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR}. For PSF₂-A, sowing took place in a greenhouse, in plastic pots of 5 dm³, filled with 2/3 of soil and 1/3 of organic matter. 149 F₂ seeds were sown with two seeds per pot. For every 10 pots of F₂ plants, three pots from P₁ (BRS256_{RR}) and three from P₂ (TMG1179_{RR}) were placed, totaling 30 pots from each parent. For PSF₂-B and PSF₂-C, sowing was carried out in the field, in hills with a plant/hills. PSF₂-B was composed of 196 F₂ seeds and 25 replicates from each parent, P₁ (BRS256_{RR}) and P₂ (UFUS Xavante). PSF₂-C was composed of 393 F₂ seeds and 40 repetitions from each parent, P₁ (BRS7380_{RR}) and P₂ (TMG1179_{RR}). The number of days for flowering and maturity, respectively; plant height at flowering and maturity, respectively; first pod height; number of nodes in flowering, total, productive and branched, respectively; number of total pods; number of seeds per pod and grain production per plant were evaluated. Genotypic, phenotypic and environmental variances, broad-sense heritability, number of genes and predicted selection gains were estimated. The analyzes were performed in the Genes Program. The phenotypic variance; genotypic and environmental had wide variation in the three populations with the character number of seeds per pod, showing the greatest variances in the three populations. Broad-sense heritability was greater than 70% for the characters: number of days for flowering (81.85%) and plant height at maturity (77.05%) in PSF₂-A; for the characters number of days for flowering (91.81%), number of days to maturity (75.93%), number of total pods (78.23%), number of seeds per pod (91.43%) and grain production (82.46%) in PSF₂-B; and for the characters number of days of maturity (87.93%), first pod height (71.95%), number of total pods (74.58%) and number of seeds per pod (72.58%) in PSF₂-C. The successful selection of superior genotypes is recommended by means of the characters number of days for flowering and plant height at maturity in PSF₂-A; for the number of days for flowering, number of seeds per pod, grain production per plant, number of total pods and number of days for maturity in PSF₂-B; and for the height of insertion of the first pod, number of branched nodes and grain production per plant in PSF₂-C. High selection gains in the next generation are indicated from the characters height of insertion of the first pod, number of branched nodes and grain production per plant in PSF₂-A; for the characters number of seeds per pod, grain production per plant and number of total pods in PSF₂-B; and the characters number of total pods, height of insertion of the first pod and grain production by plants in PSF₂-C.

Keywords: *Glycine max.* heritability. variance.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil no ano agrícola de 2019/2020 tornou-se o principal produtor mundial de soja, com uma produção de 124,8 milhões toneladas, numa área de 36,7 milhões de hectares, com produtividade de 3.379 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020). Este sucesso, devem-se aos empresários rurais, as tecnologias de produção e ao melhoramento genético da soja (MATSUO et al., 2015; SILVA et al., 2017).

No melhoramento genético, a análise de gerações é um tipo de análise biométrica realizada por meio de estudos das médias e variâncias. Nela são avaliados conjuntamente, os genitores P₁ e P₂, as gerações F₁, F₂ e, as provenientes de retrocruzamentos RC₁ e RC₂ (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; SCHMILDT et al., 2016). O estudo das variâncias fornece informações úteis aos melhoristas, pois possibilitam a estimativa de parâmetros genéticos.

Estimar os parâmetros genéticos e compreendê-los é extremamente importante, pois permite conhecer a estrutura genética da população, e com isto, auxiliar na tomada de decisões assertivas na escolha de métodos mais adequados e, dos caracteres, a serem selecionados nas distintas etapas do programas de melhoramento além de permitir a predição ganhos genéticos esperados com a seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012; HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a).

A herdabilidade e os ganhos com a seleção estão entre os mais importantes parâmetros genéticos em programas de melhoramento (VASCONCELOS et al., 2012). A herdabilidade permite estimar o ganho com a seleção antes que a mesma seja realizada, o que possibilita escolher o método de seleção mais eficaz para cada caráter (HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al. 2019; TEIXEIRA et al., 2017a; VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). Enquanto, o ganho esperado com a seleção possibilita prever o sucesso do esquema de seleção adotado, selecionar ou descartar população e, concentrar esforços na avaliação de caracteres de maior importância e potencialidade de ganho (CRUZ et al., 2017).

Apesar da relevância deste assunto, existem poucas pesquisas sobre as estimativas de parâmetros genéticos em populações iniciais de soja, F₂. De acordo com Santos et al. (2018) isso ocorre pela dificuldade de realização das hibridações e da limitada quantidade de sementes colhidas nas plantas F₁, o que inviabiliza o estudo nas gerações iniciais. O estudo de parâmetros genéticos em gerações iniciais permite descartar genótipos não promissores logo no início do processo de melhoramento e,

com isto, reduzir tempo, trabalho e custos adicionais nas gerações posteriores. Além de, possibilitar conduzir maior quantidade de populações segregantes simultaneamente.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção para caracteres de importância agronômica em três populações F₂ de soja, a fim de realizar a seleção com êxito de genótipos superiores.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização dos experimentos

Os experimentos foram realizados na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja instalado na fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia - UFU, localizada no município de Uberlândia – MG, situada na latitude 18° 53'19"S, longitude 48°20'57"W e altitude de 835 m (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE, 2020).

2.2 Genitores

Foram desenvolvidas três populações segregantes distintas, sendo utilizadas duas cultivares para realização das hibridações artificiais em cada uma das populações (TABELA 1). Para a escolha destas cultivares, considerou-se a resistência aos nematoides de galhas das espécies (*Meloidogyne incognita* e *Meloidogyne javanica*) e/ou aos nematoides de cisto (*Heterodera glycines*).

TABELA 1 - Genitores de soja (*Glycine max*) com ciclo de maturação em dias e resistência aos nematoides de galhas e/ou nematoides de cisto.

Genitores	Nematoides			Maturação (dias)
	<i>M. incognita</i>	<i>M. javanica</i>	<i>H. glycines</i>	
PSF ₂ -A: BRS256 _{RR} x TMG1179 _{RR}				
BRS256 _{RR} ♀ ⁽¹⁾	R [*]	R	S	146 -150
TMG1179 _{RR} ♂ ⁽²⁾	MR ⁽⁺⁾	S ^{**}	R (1 e 3)	128 a 132
PSF ₂ -B: BRS 256 _{RR} x UFUS Xavante				
BRS256 _{RR} ♀	R	R	S	146 -150
UFUS Xavante ♂ ⁽³⁾	S	S	S	142
PSF ₂ -C: BRS7380 _{RR} x TMG1179 _{RR}				
BRS 7380 _{RR} ♀ ⁽⁴⁾	R	R	R (3, 4, 6, 9, 10 e 14)	105 a 110
TMG 1179 _{RR} ♂	MR	S	R (1 e 3)	128 a 132

PS = população segregante. *R = resistente; ** S = suscetível; (+) MR = moderadamente resistente. ⁽¹⁾ (EMBRAPA SOJA, 2010); ⁽²⁾ Tropical Melhoramento Genético - TMG (TMG, 2020); ⁽³⁾ Programa de Melhoramento Genético de Soja - PMGSoja - UFU (PMGSoja, 2020) e ⁽⁴⁾ (EMBRAPA SOJA, 2015).

A cultivar BRS256_{RR} desenvolvida pela EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA é transgênica portadora do gene RR – *Roundup Ready* que apresenta resistência ao herbicida glifosato. Possui flor branca, tipo

de crescimento determinado, cor de pubescência cinza, cor da vagem cinza claro, cor do hilo marrom claro. Exibe resistência ao cancro da haste (*Diaporthe phaseolorum* f. sp. *meridionalis*), mosaico comum da soja e moderada resistência a podridão parda da haste (*Cadophora gregata*). É adaptada aos estados de SC, PR e SP (EMBRAPA SOJA, 2010).

A TMG1179_{RR} foi criada pela TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO – TMG, também é uma cultivar transgênica resistente ao herbicida glifosato, com flor roxa, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência cinza, cor do hilo marrom claro. Possui moderada resistência ao nematoide das lesões radiculares (*Pratylenchus brachyurus*) e resistência ao cancro da haste, mancha olho-de-rã (*Cercospora sojina* Hara), pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis* pv. *glycines*) e é recomendada para os Estados do MT, MS e GO (TMG, 2020).

A UFUS Xavante é uma cultivar convencional, desenvolvida pelo Programa de Melhoramento Genético da Soja da UFU – PMGSoja – UFU e apresenta flor roxa, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência marrom, cor do hilo marrom claro, adaptada aos Estados da BA, MA, MG, MT, PA, PI e TO. Possui resistência a podridão vermelha da raiz (*Fusarium solani* f. sp. *glycines*), mancha olho-de-rã, míldio (*Peronospora manshuria*), pústula bacteriana, cancro da haste e necrose da haste. E moderada resistência a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) e oídio (*Erysiphe diffusa*) (PMGSoja, 2020).

A cultivar BRS7380_{RR} também foi desenvolvida pela Embrapa Soja bem como é transgênica com resistência ao herbicida glifosato. Destaca-se pela sua precocidade (110 dias), apresenta flor branca, tipo de crescimento indeterminado sendo adaptada aos Estados de GO, DF, BA (oeste), MG (noroeste) e MT (EMBRAPA SOJA, 2015).

2.3 Semeadura dos genitores

Para formação do bloco de cruzamentos, as sementes (genitores) foram semeadas, em casa de vegetação, nas seguintes datas: PSF₂-A e PSF₂-B a partir de 07 de abril de 2016 e para a PSF₂-C a partir 03 de agosto de 2017 (FIGURA 1).

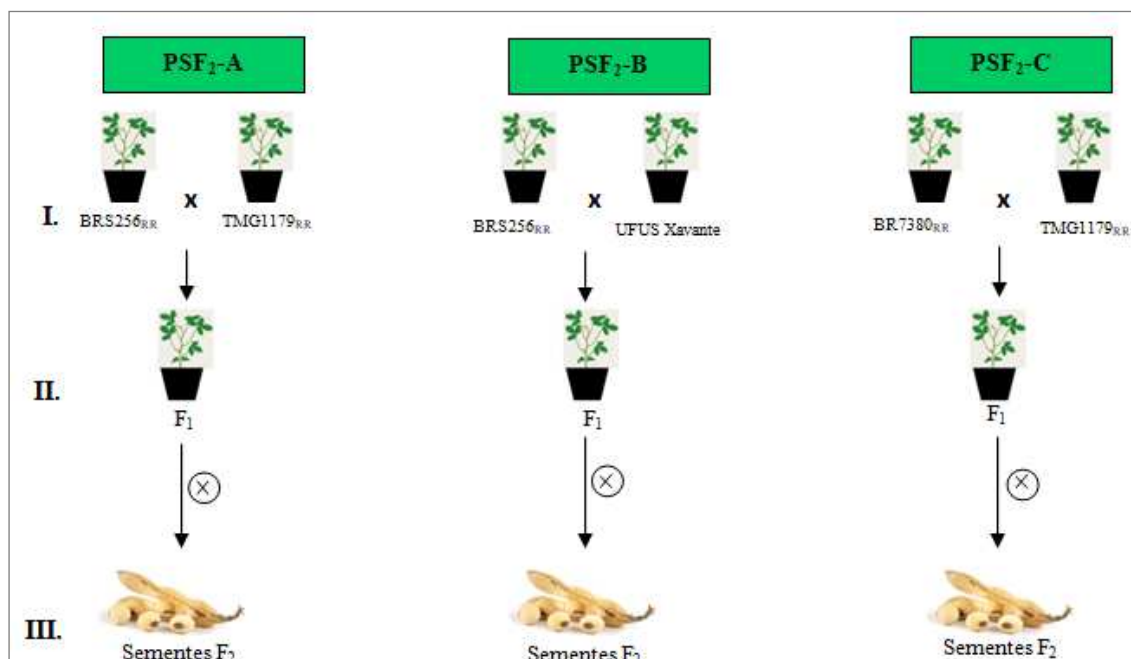


FIGURA 1 - Etapas para obtenção das sementes F₂. I. Hibridação artificial entre os genitores; II. Semeadura das sementes híbridas (F₁) e III. Obtenção das sementes F₂. Fonte: A autora.

Foram semeadas de forma escalonada cinco vasos de cada um dos genitores em 10 épocas distintas com uma variação de, três a cinco dias, de uma sementeira para a próxima dependendo das características de ciclo de maturação dos genitores. O escalonamento do tempo (dias) teve por objetivo conseguir o máximo de disponibilidade e coincidência de flores e botões viáveis durante todo o período das hibridações artificiais, de ambos os genitores de cada uma das populações.

A sementeira foi manual em vasos plásticos de 5 dm³, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Foram semeadas cinco sementes por vaso a uma profundidade de três centímetros. Quando as plantas atingiram o estágio vegetativo V1, no qual as folhas unifolioladas apresentam-se completamente desenvolvidas (FEHR; CAVINESS, 1977) realizou-se o desbaste, deixando duas plantas mais vigorosas por vaso. Ainda, no estágio V5, no qual a planta apresenta quatro folhas trifolioladas completamente desenvolvidas (FEHR; CAVINESS, 1977) foram removidos os meristemas apicais das plantas para evitar o seu estiolamento e estimular as ramificações.

Todos os dias a partir da data de sementeira foram realizadas duas regas manualmente, sendo uma rega feita na parte da manhã (9:30h) e a segunda a tarde (15:30h). A adubação iniciou-se a partir do estágio V2 no qual a planta apresenta uma folha trifoliolada completamente desenvolvida (FEHR; CAVINESS, 1977), sendo

realizada uma vez por semana com a formulação NPK 02-18-12 e, a cada 15 dias com o adubo fosfatado mono-amônio-fosfato (MAP).

Para o controle do fungo *Erysiphe diffusa* causador do oídio aplicou-se o fungicida e acaricida com o princípio ativo enxofre, na dosagem de 300 g 100 L⁻¹. E, uma vez por semana realizou-se o desbaste das plantas daninhas.

2.4 Obtenção de sementes híbridas F₁ e F₂

Ficou estabelecido para as três populações que a determinação dos genitores feminino e masculino para a hibridação seria com base no caráter cor da flor. Assim, o genitor feminino (♀) seria o que apresentasse alelos recessivo (w1w1) para esta característica e, conseqüentemente flor branca, o genitor masculino (♂) o apresenta alelos dominantes (W1_) com flor roxa.

Este processo foi realizado devido ao seu efeito pleiotrópico, no qual a cor do hipocótilo e a cor da flor são influenciados pelo mesmo gene (W1/w1) (NOGUEIRA et al., 2015), sendo utilizado como marcador morfológico para confirmar o sucesso da hibridação de forma antecipada, por meio da cor da flor e, descartar possíveis autofecundações.

Para obtenção das sementes híbridas F₁, na época do florescimento foram realizadas diariamente hibridações artificiais biparentais. Para este procedimento com auxílio de uma pinça de relojoeiro (número 05) as sépalas e pétalas dos botões florais do genitor feminino foram removidas com um leve movimento de rotação. Em seguida, realizou-se a emasculação com a retirada completa dos estames sem danificar o pistilo antes que ocorresse a cleistogamia. Posteriormente, coletou-se o pólen do genitor masculino, que foi retirado de uma flor aberta no dia da hibridação e, com isso, apresentava pólen fértil que foi aplicado sobre o estigma da flor emasculada (BORÉM, 2009).

Após o procedimento da hibridação foi amarrado uma etiqueta de papel cartão de identificação, no nó, abaixo da flor trabalhada. Na etiqueta foi escrito a lápis a genealogia, quantidade de flores polinizadas no nó, a data, horário e o nome da pessoa que o efetuou.

A quantidade de sementes híbridas F₁ obtidas para cada um das populações se encontra na Tabela 2. A semeadura das F₁ foi realizada manualmente em vasos

plásticos, conforme a semeadura dos genitores (FIGURA 1). A identificação das sementes híbridas foi realizada por meio da presença de pigmentação antociânica no hipocótilo das plântulas e durante a segregação da geração F₂. As plântulas identificadas como provenientes de autofecundação foram eliminadas.

TABELA 2 - Quantidades de sementes híbridas (F₁) obtidas de três populações segregantes.

Populações segregantes	Quantidade de sementes F ₁
A - BRS256 _{RR} X TMG1179 _{RR}	34
B - BRS256 _{RR} X UFUS Xavante	89
C - BRS7380 _{RR} X TMG1179 _{RR}	25

Fonte: A autora.

As vagens contendo sementes F₂ foram manualmente colhidas, debulhadas, identificadas e armazenadas individualmente em sacos de papel pardo dentro da câmara fria, considerando as plantas F₁.

2.5 Semeaduras das populações F₂ e genitores

A PSF₂-A foi semeada em casa de vegetação, no dia 03 de fevereiro de 2018, em vasos plásticos de 5 dm³, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica (FIGURA 2).

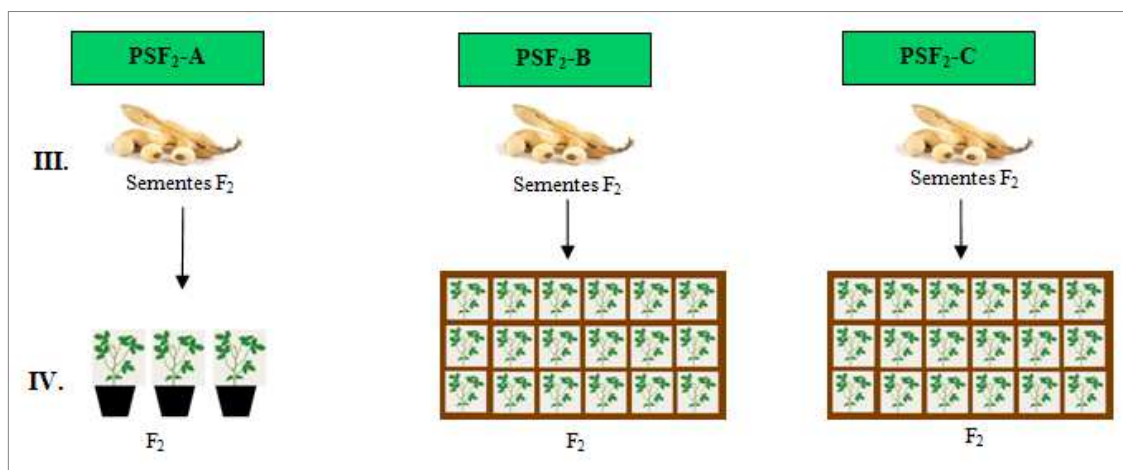


FIGURA 2 - III. Obtenção das sementes F₂; IV. Semeadura da sementes F₂, sendo para a PSF₂-A em casa de vegetação e em campo para as PSF₂-B e PSF₂-C. Fonte: A autora.

Previamente as sementes foram inoculadas com inoculante líquido contendo *Bradyrhizobium japonicum* (CEPASEMIA 5079) e *Bradyrhizobium elkanii* (CEPA SEMIA 5019). Foram semeadas 149 sementes F₂ com duas sementes por vaso a uma profundidade de aproximadamente três centímetros. A cada 10 vasos de plantas F₂,

foram colocados três vasos do genitor feminino - BRS256_{RR} e três do genitor masculino - TMG1179_{RR}, totalizando 30 vasos de cada um dos genitores.

A partir do estágio V2 foram realizadas adubações uma vez por semana com NPK na formulação 02-18-12 e a cada 15 dias com o adubo fosfatado mono-amônio-fosfato (MAP). Todos os dias a partir da data de semeadura foram realizadas duas regas manual, uma na parte da manhã e a outra na parte da tarde. A partir do estágio R1, no qual a planta apresenta uma flor aberta em qualquer nós da haste principal (FEHR; CAVINESS, 1977), foram realizadas três regas, sendo uma rega feita na parte da manhã (9:30h) e duas na parte da tarde (13:00h e as 16:30h).

A temperatura foi anotada diariamente e capturada pelo termômetro de máxima e mínima, no fixado na parte central do interior da casa de vegetação. A temperatura máxima e mínima durante os meses de condução do experimento estão registrada na FIGURA 3.

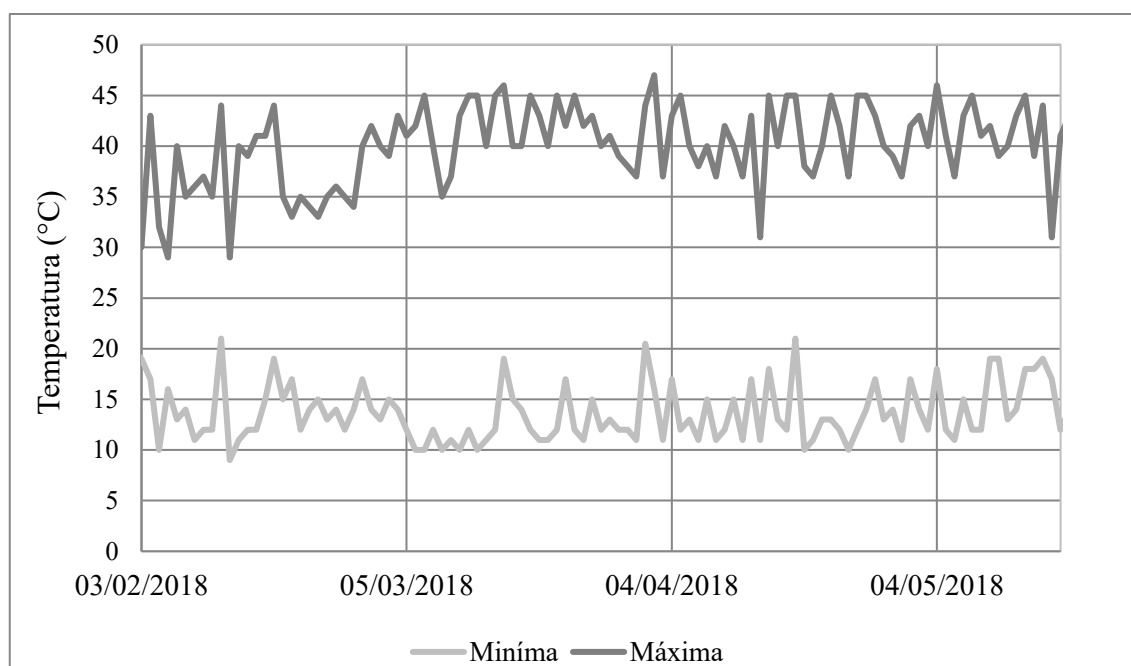


FIGURA 3 - Temperatura mínima e máxima entre 03/02/2018 a 18/05/2018 da PSF₂-A durante condução do experimento em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético da Soja – UFU, em Uberlândia – MG. Fonte: A autora.

As medidas fitossanitárias foram realizadas com aplicações de produtos químicos comerciais por meio de pulverizador costal manual com 5L de calda. Para o controle do fungo *Erysiphe diffusa* causador do oídio, aplicou-se fungicida com o princípio ativo Enxofre, na dosagem de 2,5 kg ha⁻¹. E para mosca branca (*Bemisia tabaci*) aplicou-se inseticida com o ingrediente ativo Tiametoxam e Lambda-Cialotrina,

na dose de 200 mL ha⁻¹. Uma vez por semana realizou-se o desbaste das plantas daninhas.

Para as PSF₂-B e PSF₂-C a semeadura ocorreu em campo sobre solo Latossolo Vermelho Escuro distrófico (FIGURA 2). O solo foi previamente preparado de maneira convencional com uma aração profunda e duas gradagens. A adubação foi efetuada diretamente nos sulcos de plantio com seis a oito centímetros de profundidade, empregando-se 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 02-18-12.

As sementes foram previamente tratadas com fungicida com os ingredientes ativos Carbendazim e Thiram. A inoculação foi realizada no sulco de semeadura com pulverizador manual costal de 20L, com inoculante líquido na dose de 300 mL ha⁻¹ contendo as bactérias *Bradyrhizobium japonicum* (CEPASEMIA 5079) e *Bradyrhizobium elkanii* (CEPA SEMIA 5019).

Cada população foi semeada em covas espaçadas a 0,3 m entre plantas e 0,5 m entrelinhas. Para a PSF₂-B a semeadura ocorreu em 03 de setembro de 2018, sendo composta por 196 sementes F₂ e 25 sementes de cada um dos genitores, BRS256RR (♀) e UFUS Xavante (♂). Já a PSF₂-C foi semeada em 19 de fevereiro de 2019 com 393 sementes de F₂ e 40 sementes de cada um dos genitores, BRS7380RR (♀) e TMG1179RR (♂).

Logo após a semeadura com o auxílio de um pulverizador costal manual de 20 L foi aplicado herbicida seletivo de pré-emergência composto por S-Metolacloprovisando o controle de plantas daninhas, na dosagem de 0,2 L ha⁻¹. E 20 dias após semeadura aplicou-se herbicida seletivo pós-emergente com ingrediente ativo Haloxifoprop-P-Metílico para controle de plantas daninhas de folhas estreitas. Posteriormente, foram realizadas duas capinas manuais até o final do ciclo da cultura, para cada uma das duas populações segregantes.

Para prevenção da ferrugem asiática (*Phakopsara pachrhizi*) foi aplicado a cada 15 dias de forma intercalada fungicidas com ingrediente ativo Mancozebe, na dosagem de 1,5 kg ha⁻¹ e composto por Trifloxistrobina e Prothioconazol com dose de 0,4 L ha⁻¹. A partir do estágio reprodutivo R1 (início do florescimento) e R2 (florescimento pleno) (FEHR; CAVINESS, 1977) com o surgimento de vaquinha (*Diabrotica speciosa*) e do percevejo marrom (*Euschistus heros*) foram aplicados inseticidas com o ingrediente ativo Acefato, na dosagem de 750 g ha⁻¹ e o com ingrediente ativo Tiametoxam e Lambda-Cialotrina, na dose de 200 mL ha⁻¹.

Quando as plantas atingiram o estágio V4(FEHR; CAVINESS, 1977)realizou-se adubação foliar com os micronutrientes Cobalto (Co) e Molibdênio (Mo), na dosagem 150 mL ha⁻¹,no dia 05 de outubro de 2018 para a PSF₂-B e em 21 de março de 2019 para a PSF₂-C. E adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 100 kg ha⁻¹, em 27 de novembro de 2018 na PSF₂-B e em 08 de abril de 2019 na PSF₂-C.

A irrigação ocorreu por sistema de aspersão a cada três dias com 25 milímetros (mm) de água durante 1 hora. Para a PSF₂-B a irrigação ocorreu ao longo de dois meses do ciclo da cultura, sendo que com o início das chuvas a irrigação foi cessada. Para a PSF₂-C a irrigação foi empregada durante todo o ciclo da soja. Nas FIGURAS 4 e 5 encontram-se os dados de precipitação pluvial e temperatura média do ar durante a realização dos experimentos, das PSF₂-B e PSF₂-C, respectivamente.

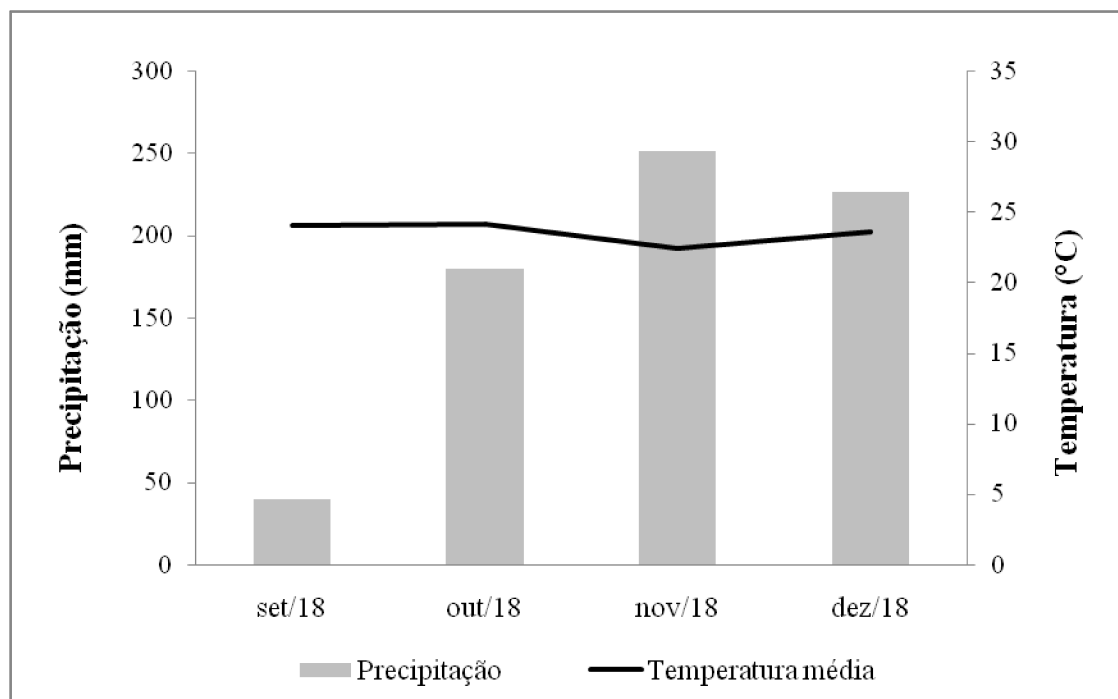


FIGURA 4 - Temperatura média do ar (°C) e precipitação pluvial (mm) de setembro a dezembro de 2018, durante condução em campo da PSF₂-B, na Fazenda Capim Branco – UFU, em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA da UFU.

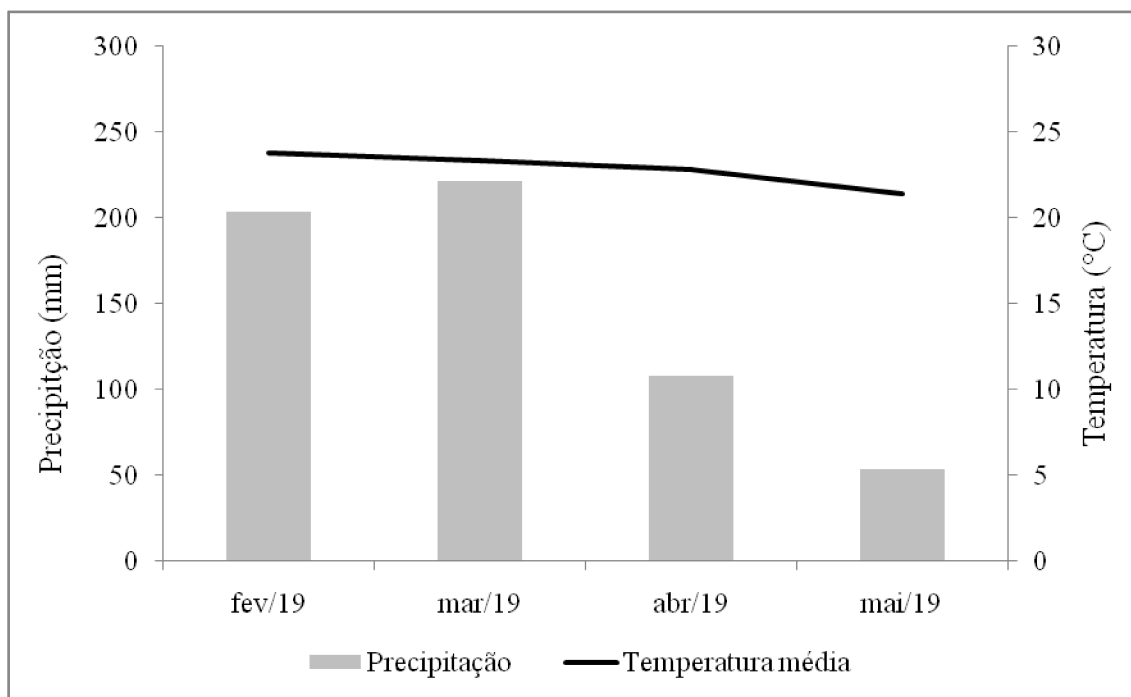


FIGURA 5 - Temperatura média do ar (°C) e precipitação pluvial (mm) de fevereiro a maio de 2019, durante condução em campo da PSF₂-C, na Fazenda Capim Branco – UFU, em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA da UFU. Fonte: A autora.

2.6 Avaliações fenotípicas das populações segregantes

As plantas foram identificadas e avaliadas individualmente para os seguintes caracteres agrônômicos:

- Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) no qual os cotilédones estão acima da superfície do solo até o aparecimento da primeira flor na haste principal (estádio R1);
- Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) até a maturidade quando 95% de vagens da soja atinge a cor de vagem madura (estádio R8);
- Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua, a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade da haste principal (meristema apical) quando as plantas atingirem o florescimento (estádio R1);
- Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade do

meristema apical, na maturidade (estádio R8);

- Altura de inserção da primeira vagem (AIV): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- Número de Nós no Florescimento (NNF): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);
- Número de Nós na Maturidade (NNM): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
- Número de Nós Produtivos (NNP): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal que apresentavam a presença de vagens (R8);
- Número de Nós Ramificados (NNR): obtida pela contagem de todos os nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);
- Número de vagens (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;
- Número de Sementes por Vagens (NSV): razão entre o número total sementes e o número total de vagens;
- Produção de grãos por planta (PG): massa dos grãos em gramas (g), produzido por cada planta.

Para definição dos estádios vegetativos e reprodutivos das plantas, foi utilizada a escala de Fehr e Caviness (1977).

2.7 Análises estatísticas

Com base nos dados fenotípicos avaliados dos genitores e dos indivíduos das F₂ das populações PSF₂-A, PSF₂-B e PSF₂-C realizaram-se as estimativas dos seguintes parâmetros, pelas fórmulas abaixo:

- Variância genotípica em F₂:

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

Em que:

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

$\sigma_{F(F_2)}^2$: variância fenotípica da população F_2 ;

$\sigma_{E(F_2)}^2$: variância ambiental da população F_2 .

- Variância ambiental em F_2 :

$$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2 = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(P_1)}^2 + \hat{\sigma}_{(P_2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$: variância ambiental;

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

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

- Herdabilidade no sentido amplo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{G(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{F(F_2)}^2} \times 100$$

Em que:

h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo;

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

$\hat{\sigma}_{F(F_2)}^2$: variância fenotípica da população F_2 .

- Predição de ganhos por seleção:

$$\Delta G = DSh^2 \quad \text{e} \quad \Delta G\% = \frac{\Delta G}{X_o}$$

ΔG : ganho de seleção;

DS : diferencial de seleção, dado pela fórmula $DS = \overline{X}_s - \overline{X}_o$;

\overline{X}_s : média dos selecionados;

\overline{X}_o : média observada da população F₂;

h^2 : herdabilidade.

- Número de genes envolvidos na expressão do caráter:

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

Em que:

η : número de genes;

R: amplitude entre as médias dos progenitores ou $R = \overline{P}_1 + \overline{P}_2$;

$\hat{\sigma}_G^2$: variância genética.

Para as três populações analisadas, o ganho de seleção, foi estimado com a intensidade de seleção de 25% dos indivíduos F₂ para cada caráter. O sentido de seleção foi inferior para os caracteres NDF e NDM e superior para os demais caracteres.

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística - GENES (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias e variâncias fenotípicas da análise das gerações P₁, P₂ e F₂ das três populações segregantes de soja estão apresentadas na Tabela 3.

TABELA 3 - Médias e variâncias fenotípicas de 11 caracteres agrônômicos obtidos nas gerações P₁, P₂ e F₂ de três populações segregantes de soja, Uberlândia – MG.

Gerações		PSF ₂ – A: BRS256 _{RR} x TMG1179 _{RR}										
		NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
P ₁	\bar{X}	38.5	96.5	51.1	65.4	14.5	14.7	12.3	6.4	59.5	2.5	17.3
	$\hat{\sigma}_f^2$	0.9	11.8	31.5	19.1	12.5	1.6	1.3	1.6	227.1	0.0	6.6
P ₂	\bar{X}	36.8	96.9	44.8	56.6	12.2	15.1	12.0	5.6	67.9	2.6	15.1
	$\hat{\sigma}_f^2$	0.3	6.0	24.5	14.1	2.3	1.1	2.6	1.7	299.7	0.0	4.0
F ₂	\bar{X}	38.0	95.6	47.8	59.3	13.3	15.0	11.9	5.8	55.5	2.6	15.0
	$\hat{\sigma}_f^2$	3.5	9.8	40.6	72.4	21.4	1.9	4.0	4.1	375.8	0.0	15.0
Gerações		PSF ₂ – B: BRS256 _{RR} x UFUS Xavante										
		NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
P ₁	\bar{X}	41.4	121.4	36.1	44.8	11.9	13.6	12.0	6.8	180.6	1.8	65.9
	$\hat{\sigma}_f^2$	1.6	11.9	17.8	28.5	10.0	1.0	4.3	1.0	705.3	0.1	103.1
P ₂	\bar{X}	35.9	134.8	31.1	39.6	10.6	13.4	11.9	5.9	246.3	1.4	65.0
	$\hat{\sigma}_f^2$	1.1	15.8	17.8	11.2	2.5	2.8	3.4	1.6	739.9	0.1	60.8
F ₂	\bar{X}	41.0	125.7	34.3	41.7	8.3	13.2	11.6	6.5	169.4	2.3	57.2
	$\hat{\sigma}_f^2$	16.9	57.8	55.3	46.4	8.0	3.3	4.5	2.2	3319.6	1.7	437.5
Gerações		PSF ₂ – C: BRS7380 _{RR} x TMG1179 _{RR}										
		NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
P ₁	\bar{X}	33.7	90.6	20.5	33.0	6.2	10.5	9.0	3.6	32.9	2.2	12.5
	$\hat{\sigma}_f^2$	16.5	4.1	23.7	41.1	2.3	2.9	2.6	1.5	47.6	0.0	9.3
P ₂	\bar{X}	38.5	95.8	21.2	28.8	5.4	10.5	8.7	4.1	33.2	2.2	11.8
	$\hat{\sigma}_f^2$	17.0	6.2	15.6	26.5	1.5	2.7	2.6	1.9	52.8	1.6	5.2
F ₂	\bar{X}	33.6	89.4	19.6	29.1	5.0	10.9	9.4	2.8	34.3	2.3	11.5
	$\hat{\sigma}_f^2$	32.1	42.8	29.5	76.6	6.9	6.5	6.1	2.9	197.8	0.0	17.9

\bar{X} : média; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APF e APM: altura de plantas no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNM, NNP e NNR: número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g). Fonte: A autora.

As análises de geração envolvendo os genitores P_1 e P_2 e a geração F_2 permitem o estudo das médias e variâncias (SCHMILDT et al., 2016). De acordo com Ramalho et al. (2012) o estudo das médias e variâncias possibilita inferir se as estimativas são proporcionadas por causas genéticas ou outros fatores. Com isto, é possível obter estimativas de parâmetros genéticos úteis para a avaliação da potencialidade de populações para fins de melhoramento, bem como estabelecer estratégias eficazes de seleção.

Para o caráter número de dias para o florescimento (NDF) observou-se fase vegetativa curta para, ambos parentais e geração F_2 , nas três populações estudadas com variação de 33,6 dias na F_2 da PSF₂-C a 41,4 dias no P_1 (BRS256_{RR}) da PSF₂-B (TABELA 3). Shigihara et al. (2018) em estudo no município de Uberlândia- MG para determinarem a herança de caracteres relacionadas à precocidade e caracteres agrônômicos em população segregante F_2 de soja encontraram média de NDF acima das obtidas nesta pesquisa, com 50,89 dias para este caráter. Resultado acima dos obtidos neste trabalho também foram alcançados por Santos et al. (2017) que ao estimarem parâmetros genéticos em população $F_{2:3}$ de soja obtiveram média de 45,92 dias para o florescimento.

Diversos estudos demonstram que os caracteres número de dias para florescimento e maturidade apresentam correlação significativa e de alta magnitude (MACHADO et al., 2017; NOGUEIRA et al., 2012; RODRIGUES et al., 2015; SOUSA et al., 2015). Ao analisar o caráter número de dias para maturidade (NDM) pode-se inferir que em todas as gerações com destaque para a PSF₂-A (95,67 dias) e na PSF₂-C (89,42 dias), ambas na F_2 , a fase vegetativa curta estava de acordo com o ciclo total mais curto (TABELA 3).

O ciclo da cultivar consiste no período de dias entre a emergência (cotilédones estão acima da superfície do solo) e a maturidade plena (95% das vagens maduras) (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). No Estado de Minas Gerais o grupo de maturação relativo, os quais representam a duração do ciclo de desenvolvimento da soja, classifica-as em: semiprecoce (101 a 110 dias); médio (111 a 125 dias); semitardio (126 a 145 dias) e tardio (acima de 145 dias) (EMBRAPA SOJA, 2013).

Na PSF₂-A o P_1 (BRS256_{RR}) apresenta ciclo de maturação de 146 a 150 dias (EMBRAPA SOJA, 2010) e o P_2 (TMG1179_{RR}) ciclo de 128 a 132 dias (TMG, 2020), sendo classificados como semitardio e tardio, respectivamente. Entretanto, na Tabela 3 observou-se que para o caráter NDM, ambos os genitores tiveram ciclos menores de

100 dias com 96,48 dias para o P₁ (BRS256_{RR}) e 96,96 dias para o P₂ (TMG1179_{RR}). Para a geração F₂ a média do NDM foi de 95,67 dias.

Na PSF₂-B o P₂ (UFUS Xavante) apresenta ciclo de maturação de 142 dias (PMGSoja, 2020), sendo classificado para o Estado de Minas Gerais como semitardio. Para o presente trabalho o NDM do mesmo foi menor com 134,8 dias, entretanto, a cultivar permaneceu classificada como semitardio (TABELA 3). De modo similar o P₁ (BRS256_{RR}), também apresentou redução do ciclo de maturação com 121,4 dias. Já os indivíduos F₂ alcançaram ciclo de maturação médio de 125,8 dias.

A PSF₂-C o P₁ (BRS7380_{RR}) apresenta ciclo de 105 a 110 dias (EMBRAPA SOJA, 2015), sendo classificado como semiprecoce. Entretanto, neste experimento observou-se ciclo menor com média de 90,65 dias. Do mesmo modo, o P₂ (TMG1179_{RR}) e o F₂ obtiveram ciclo de maturação menor que 100 dias com 95,8 e 89,4 dias, respectivamente.

A semeadura fora da época preferencial da soja no Estado de Minas Gerais, que de acordo com o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA, (2019) tem início na segunda quinzena de outubro a 10 de dezembro, explica a redução do ciclo de maturação das três populações. De acordo com Silva; Sedyama; Soares (2016) a semeadura fora da safra da soja expõe a cultura a fotoperíodos mais curtos, baixa temperatura e baixa radiação levando a florescimento e maturação precoce.

Os resultados encontrados neste estudo estão de acordo com o exposto por Barcellos et al. (2018), em que a antecipação ou retardamento na época de semeadura, alongam ou reduzem respectivamente, a duração do ciclo de desenvolvimento da planta independente do grupo de maturidade e da cultivar semeada. Teixeira et al. (2017a) ao realizarem semeadura em fevereiro no município de Uberlândia – MG também observaram floração e maturação precoce para parentais e genótipos F₂ de soja.

O fato dos genitores BRS256_{RR}, BRS7380_{RR} e TMG1179_{RR} não serem cultivares recomendadas para a região do Triângulo Mineiro e, portanto estarem em latitude/fotoperíodo diferente a sua região de recomendação, também justifica a redução do ciclo total da soja. Sabe-se que uma mesma cultivar pode alongar ou reduzir o ciclo, dependendo da combinação nas alterações de temperatura e fotoperíodo entre regiões (BERGAMASCHI, 2017).

De acordo com a Embrapa Soja (2018) a soja é sensível ao fotoperíodo e a adaptabilidade de cada cultivar é alterada com a latitude, ou seja, à medida que o seu

cultivo se desloca em direção ao sul ou ao norte. Portanto, cada cultivar tem uma faixa limitada de adaptação em função do seu grupo de maturidade.

Os ciclos menores de 100 dias na PSF₂-A, ainda, pode ser explicado pelo fato do experimento ter sido realizado em casa de vegetação com temperaturas altas. A condição ótima de temperatura para o crescimento e desenvolvimento de soja se encontra entre 20°C e 30°C (EMBRAPA SOJA, 2013). Entretanto, de acordo com a Figura 3 é possível observar que, a temperatura da casa de vegetação foi acima da considerada ideal para a cultura da soja. Sabe-se que a disponibilidade térmica tem influência direta no ciclo de maturidade das plantas, sendo que as temperaturas elevadas aceleram o metabolismo vegetal e consequentemente a maturação, enquanto as baixas o reduzem e prolongam o ciclo das plantas (BERGAMASCHI, 2017; EMBRAPA SOJA, 2013). Ao conduzirem população segregante F₂ e parentais em casa de vegetação Teixeira et al. (2017a) também observaram redução do ciclo vegetativo e total em consequência de temperaturas acima das consideradas adequadas para a cultura.

A altura de planta na floração e maturidade é um caráter de grande relevância, pois influencia o acamamento da planta. Para este trabalho a altura da planta no florescimento variou de 19,6 cm na F₂ da PSF₂-C a 51,13 cm no P₁ (BRS256RR) da PSF₂-A (TABELA 3). Em pesquisa com populações F₂ de soja no município de Piracicaba - SP Lopes et al. (2002) encontraram variação de 50,69 cm a 56,54 cm para altura da planta no florescimento.

Segundo Sedyama; Silva; Borém (2015) na soja a altura na maturidade satisfatória para favorecer a colheita mecanizada evitar o acamamento varia entre 50 a 110 cm. O P₁ (BRS256RR), P₂ (TMG1179RR) e o F₂, da PSF₂-A, atingiram altura apropriada para o respectivo caráter com 65,4; 56,6 e 59,3 cm para respectivamente. Já para a PSF₂-B e PSF₂-C a média de APM foi abaixo dos considerados ideais (TABELA 3). Santos et al. (2019) em pesquisa com caracteres agrônômicos em genótipos F₂ encontraram valores acima para APM quando comparado ao presente estudo com média de 67,46 cm de altura.

A inserção da primeira vagem determina a regulação da altura da barra de corte da colheitadeira, esse processo visa obter a máxima eficiência para evitar prejuízos danos e perdas de grãos durante a colheita. Assim, a altura mínima da vagem deve ser entre 10 a 15 cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Para a PSF₂-A e PSF₂-B os valores foram aproximados entre os P₁, P₂ e F₂ e de acordo com o estimado como ideal. Com exceção da F₂ da PSF₂-B que obteve AIV de 8,3 cm. Do mesmo modo, para a

PSF₂-C todas as gerações apresentaram média abaixo do limite ideal para a cultura da soja (TABELA 3).

Em estudo realizado com três populações segregantes F₂ de soja Kang et al. (2017) observaram oscilação de 7,0 cm a 19,0 cm para altura de inserção da primeira vagem, sendo dentro dos valores alcançados neste trabalho.

O número de nós é um caráter importante no melhoramento de soja, pois há predominância de correlações positivas com o rendimento de grãos (NOGUEIRA et al., 2012; LEITE et al. 2016). Segundo Sedyama (2016) uma planta de soja com elevado potencial produtivo deve apresentar em média de 17 a 18 nós na haste principal. Para este trabalho o número de nós na maturidade (NNM) oscilou de 10,5 no P₁ (BRS7380_{RR}) da PSF₂-C a 15,1 nós no P₂ da PSF₂-A. Teixeira et al. (2017a) ao analisarem caracteres agronômicos em parentais, F₁ e F₂ em soja encontraram médias de número de nós de 13,00; 14,46; 14,74 e 15,50 nós respectivamente para P₂, F₂, F₁ e P₁.

Quanto ao número de nós produtivos (NNP) observou-se variação de 12,3 no P₁ (BRS256_{RR}) da PSF₂-A a 8,7 nós no P₂ (TMG1179_{RR}) da PSF₂-C. Para ambos caracteres a média dos indivíduos F₂ da PSF₂-C superou os parentais (TABELA 3), indicando o potencial para seleção de indivíduos com maior NNM e NNP.

O maior número de ramificações proporciona um maior surgimento de gemas que, consequentemente originará nós produtivos (TORRES et al., 2015). Neste trabalho, as maiores médias de número de nós ramificadas (NNR) foram observadas na PSF₂-B com 6,8; 5,9 e 6,5 nós para P₁ (BRS256_{RR}), P₂ (UFUS Xavante) e F₂ respectivamente. Para as demais populações observaram-se médias com oscilação de 6,44 no P₁ da PSF₂-A a 2,83 ramificações na F₂ da PSF₂-C (TABELA 3).

Uma amplitude similar ao presente estudo foi obtido por Torres et al. (2015) ao avaliarem o desempenho agronômico de cultivares de soja no Cerrado brasileiro com médias para NNR de 3,25 a 6,77. Em contrapartida Smiderle et al. (2019) ao determinarem correlações em componentes de produção da soja encontraram valores inferiores ao presente estudo com número de ramificações de 1,83 a 3,45.

Os componentes de produção envolvem o número de vagens por planta (NVT) e número de sementes por vagens (NSV). As médias para esses caracteres e para produção de grãos por planta (PG) estão apresentadas na Tabela 3.

Segundo Matsuo; Ferreira; Sedyama (2015) apesar de um potencial máximo de 400 vagens por planta de soja, as cultivares semeadas no Brasil apresentam um máximo de 80 vagens/planta. Para a PSF₂-B as médias foram acima das cultivares brasileiras

com 180,6; 246,3 e 169,4 vagens para (BRS256_{RR}), P₂ (UFUS Xavante) e F₂, respectivamente. Já para as demais populações as médias variaram de 67,9 vagens para o P₂ (UFUS Xavante) da PSF₂-A a 32,9 no P₁ (BRS7380_{RR}) da PSF₂-C. Santos et al. (2018) avaliaram caracteres agronômicos em populações F₂ de soja e observaram média de 59,56 vagens por planta.

Assim como o número total de vagens, é importante conhecer como se comporta o genótipo em relação ao número de sementes por vagem. A população que apresentou as maiores médias para este caráter foi a PSF₂-A com 2,5; 2,6 e 2,6 sementes para as gerações P₁ (BRS256_{RR}), P₂ (TMG1179_{RR}) e F₂, respectivamente. A PSF₂-C obteve o segundo maior NSV seguida da PSF₂-A. Para o caráter NVT a F₂ da PSF₂-C ultrapassou a média dos parentais e, para o NSV a F₂ da PSF₂-B e PSF₂-C também se destacaram comparada aos genitores, evidenciando potencial de seleção de indivíduos com maior NVT e NSV (TABELA 3). Do mesmo modo, Friedrichs; Burton; Brownie (2016) em estudo com populações segregantes de soja obtiveram médias superiores dos indivíduos F₂ comparados aos parentais para o caráter NVT.

A escolha de genótipos com elevada produção de grãos está entre os principais objetivos do melhoramento genético da soja, o que torna este caráter um dos mais importantes no processo de seleção de genótipos para o avanço de gerações e posterior lançamento como cultivares. Para este caráter as médias mais elevadas foram observadas na PSF₂-B com 65,9; 65,0 e 57,2 gramas para o P₁ (BRS256_{RR}), P₂ (UFUS Xavante) e F₂, respectivamente. Para a PSF₂-A e PSF₂-C as médias tiveram menor amplitude de variação e foram menores comparadas a PSF₂-B (TABELA 3). Ao estudaram geração F₂ de soja Santos et al. (2018) e Shigihara et al. (2018) obtiveram média de produção de grãos por planta, inferior a este estudo, com 13,69 gramas e 13,18 gramas, respectivamente.

A avaliação das variâncias dos caracteres em uma população é realizada de maneira fracionada em componentes da variância, sendo elas a variância fenotípica, a variância genotípica e a variância ambiental (FALCONER; MACKAY, 1996).

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

As estimativas de componentes de variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes envolvidos para cada caráter avaliado estão apresentados na Tabela 4.

A variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$); genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) e ambiental ($\hat{\sigma}_e^2$) tiveram ampla variação nas três populações estudadas, sendo o caráter número de sementes por vagem (NSV) o que exibiu as maiores variâncias nas três populações (TABELA 4).

Na PSF₂-A a variância fenotípica ficou entre 0,03 e 375,82 para os caracteres número de sementes por vagem e número de vagens totais, respectivamente. Enquanto a variância genética teve uma variação de 0,01 a 112,41 para os mesmos caracteres. Para as PSF₂-B e PSF₂-C a menor $\hat{\sigma}_f^2$ ocorreu, no mesmo caráter, número de sementes por vagem com 1,74 e 0,03, respectivamente. Em contrapartida, a $\hat{\sigma}_g^2$ menor foi para número de nós produtivos (0,78) na PSF₂-B e para o número de sementes por vagem (0,02) na PSF₂-C (TABELA 4).

De acordo com a Tabela 4 foi possível concluir que as causas da variância fenotípica foram explicadas pela variância genética dada seu elevado valor comparado ao valor da variância ambiental para os caracteres: NDF, APM, AIV, NNP, NNR e PG na PSF₂-A; para os caracteres NDF, NDM, APF, APM, NV, NSV e PG na PSF₂-B e para os caracteres NDM, APM, AIV, NNM, NNP, NVT, NSV e PG na PSF₂-C. Estes resultados demonstram que como a maior parte da variação observada, para estes caracteres, foi de natureza genética, a seleção a partir destes caracteres promove o desenvolvimento de genótipos superiores.

Em estudo com geração F₂ provenientes de cultivares destinadas a alimentação animal Santos et al. (2018) encontraram variância genética superior a variância ambiental para as características NDM ($\hat{\sigma}_g^2= 221,42$; $\hat{\sigma}_e^2= 9,33$); APM ($\hat{\sigma}_g^2= 83,65$; $\hat{\sigma}_e^2= 5,92$); AIV ($\hat{\sigma}_g^2= 1,19$; $\hat{\sigma}_e^2= 0,54$); NVT ($\hat{\sigma}_g^2= 269,19$; $\hat{\sigma}_e^2= 53,53$) e PG ($\hat{\sigma}_g^2= 11,17$; $\hat{\sigma}_e^2= 2,51$), concordando com os resultados alcançados neste estudo.

TABELA 4 - Estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos de 11 caracteres agrônômicos obtidos de P₁, P₂ e F₂ de três populações segregantes de soja.

Parâmetros	PSF ₂ -A: BRS256 _{RR} x TMG1179 _{RR}										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
$\hat{\sigma}_g^2$	2.92	0.91	12.64	55.76	13.95	0.63	2.08	2.46	112.41	0.01	9.81
$\hat{\sigma}_f^2$	3.57	9.85	40.64	72.36	21.37	1.99	4.06	4.13	375.82	0.03	15.07
$\hat{\sigma}_e^2$	0.64	8.94	28.00	16.60	7.42	1.35	1.98	1.67	263.41	0.01	5.26
h_a^2 (%)	81.85	9.26	31.11	77.05	65.27	31.86	51.31	59.62	29.91	45.47	65.07
η	4.27	26.82	20.46	11.36	4.33	23.81	11.74	6.13	13.94	12.40	5.09
Parâmetros	PSF ₂ -B: BRS256 _{RR} x UFUS Xavante										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
$\hat{\sigma}_g^2$	15.52	43.89	37.44	26.58	1.74	1.42	0.78	0.90	2597.52	1.59	385.56
$\hat{\sigma}_f^2$	16.90	57.80	55.31	46.43	8.06	3.33	4.59	2.24	3318.68	1.74	467.53
$\hat{\sigma}_e^2$	1.38	13.91	17.87	19.84	6.31	1.91	3.80	1.34	722.15	0.14	81.97
h_a^2 (%)	91.81	75.93	67.68	57.25	21.67	42.70	17.19	40.28	78.23	91.43	82.46
η	8.24	6.29	22.44	7.15	14.42	10.61	22.78	11.17	4.65	3.52	4.21
Parâmetros	PSF ₂ -C: BRS7380 _{RR} x TMG1179 _{RR}										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
$\hat{\sigma}_g^2$	15.34	37.70	9.77	42.86	4.98	3.64	3.46	1.07	147.60	0.02	10.73
$\hat{\sigma}_f^2$	32.11	42.87	29.49	76.65	6.92	6.48	6.13	2.86	197.89	0.03	17.96
$\hat{\sigma}_e^2$	16.76	5.17	19.71	33.79	1.94	2.84	2.67	1.78	50.28	0.02	7.23
h_a^2 (%)	47.78	87.93	33.15	55.91	71.95	56.15	56.48	37.70	74.58	72.58	29.73
η	16.49	7.63	16.57	7.88	38.94	6.72	11.67	56.02	7.64	13.23	9.79

$\hat{\sigma}_g^2$: variância genotípica; $\hat{\sigma}_f^2$: variância fenotípica; $\hat{\sigma}_e^2$: variância ambiental. h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; η : número de genes. NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APF e APM: altura de plantas no florescimento (cm) e na maturidade (cm), respectivamente; AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNM, NNP e NNR: número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem e PG: produção de grãos (g).
Fonte: A autora.

A herdabilidade (h^2) é definida como a proporção da variabilidade existente na população segregante de natureza genética (RAMALHO et al., 2012). Estimar a herdabilidade é de suma relevância para a condução eficiente do programa de melhoramento genético. Isso porque, este parâmetro permite prever o ganho com seleção antes da sua realização contribuindo para definir a melhor estratégia de seleção (HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al. 2019; TEIXEIRA et al., 2017a). A estimativa de herdabilidade pode variar de 0 a 100% e é considerada alta quando assume valores acima de 70% (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012).

Considerando a herdabilidade no sentido amplo a mesma foi superior a 70% para os caracteres: NDF (81,85%) e APM (77,05%) na PSF₂-A; para os caracteres NDF (91,81%); NDM (75,93%); NVT (78,23%); NSV (91,43%) e PG (82,46%) na PSF₂-B e para os caracteres NDM (87,93%); AIV (71,95%); NVT (74,58%) e NSV (72,58%) na PSF₂-C (TABELA 4). Estes resultados indicam probabilidade de sucesso na seleção de genótipos com superioridade em gerações iniciais nas três populações estudadas.

As menores herdabilidades foram obtidas para os caracteres: APF, NNM, NVT e NSV na PSF₂-A; para AIV, NNM, NNP e NNR na PSF₂-B e para os caracteres NDF, APF, NNR e PG na PSF₂-C. Herdabilidades baixas evidenciam maior influência do ambiente e que, conseqüentemente, a seleção pode ser ineficiente nas gerações iniciais para estas variáveis. Apesar disso, herdabilidades médias acima de 50% foram encontradas na PSF₂-A para os caracteres: AIV, NNP e NNR; para os caracteres APF e APM na PSF₂-B e na PSF₂-C para os caracteres APM, NNM e NNP (TABELA 4).

A herdabilidade para o caráter PG na PSF₂-B foi elevada com 82,46%. Entretanto, para nas PSF₂-A e PSF₂-C as herdabilidades para esta variável foram menores que 70% com 65,07% e 29,73%, respectivamente (TABELA 4). Santos et al. (2019) ao avaliarem parâmetros genéticos agrônômicos em geração F₂ no campo em Brasília – DF encontraram herdabilidade ampla de 57 % para produção de grãos por planta.

As herdabilidades encontradas nos experimentos em campo (PSF₂-B e PSF₂-C) foram superiores, em magnitude (acima de 70%) e quantidade de caracteres que as apresentaram, quando, comparadas as herdabilidades obtidas na PSF₂-A, conduzida em casa de vegetação. Estes resultados podem ser explicados, devido às diferenças do tipo de ambiente de condução do experimento, do número de indivíduos avaliados, da época de semeadura e dos parentais distintos das populações.

Sabe-se que a herdabilidade é um parâmetro específico, segundo Borém; Miranda (2017) seu valor vai depender do tipo de característica agrônômica e de fatores como a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental e da precisão na condução do experimento.

Oliveira; Viana; Cruz; Sediya (2000) avaliaram a herdabilidade no sentido amplo de populações F₂ em dois experimentos, um em campo com 550 F₂ e, outro em casa de vegetação com 389 indivíduos F₂ e, também, encontraram discrepâncias de valores de herdabilidades entre os experimentos. Para o experimento em casa de

vegetação as herdabilidades foram de 78% (NDF), sendo esta menor que a herdabilidade obtida para a PSF₂-A (81,85%) e PSF₂-B (91,81%) e maior que a da PSF₂-C (47,78%); de 88% (APF), com superioridade as encontradas para as três populações (PSF₂-A=31,11%; PSF₂-B=67,38%; PSF₂-C=33,15%); de 57% (NVT) com valor superior ao encontrado na PSF₂-A (29,91%) e inferior para as PSF₂-B (78,23%) e PSF₂-C (74,58%) e de 77% (PG) com herdabilidade superior a PSF₂-A (65,07%) e PSF₂-C (29,73%) e inferior a PSF₂-B (82,46%). E em campo, os coeficientes de herdabilidades foram de 99% (NDF), este valor foi aproximado ao encontrado na PSF₂-B (91,81%) e superior aos obtidas na PSF₂-A (81,85%) e PSF₂-C (47,78%); de 95% (APF) sendo maior do que os alcançados para as três populações (PSF₂-A=31,11%; PSF₂-B=67,38%; PSF₂-C=33,15%); de 11% (NVT) sendo inferior aos obtidos nas PSF₂-A=29,91%, PSF₂-B=78,23% e PSF₂-C=74,28% e de 64% (PG) sendo esta aproximada a obtida na PSF₂-A (65,07%); inferior na PSF₂-B (82,46%) e superior a PSF₂-C (29,73%).

Shigihara et al. (2018) em estudo com 120 indivíduos F₂ em agosto de 2017, no campo, alcançaram herdabilidades no sentido amplo de 76,09 % para NDF, sendo inferior a obtida para a PSF₂-A (81,85%) e PSF₂-B (91,81%) e, superior para a PSF₂-C (47,78%); de 40,25 % para APM, inferior para as três populações deste estudo; de 41,85% para NNM, sendo superior a PSF₂-A (31,86%), aproximada para a PSF₂-B (42,7%) e inferior a PSF₂-C (56,15%) e de 62,08% para PG, sendo aproximada PSF₂-A (65,07%), inferior a PSF₂-B (82,46%) e superior a PSF₂-C (29,73%).

Hakim; Suyanto (2017) estimaram a herdabilidade no sentido amplo de seis populações segregante F₂ em campo e, de forma similar a este estudo, obtiveram coeficientes distintos devido às variadas condições ambientais em que cada população foi conduzida. Assim, para a população 1 os coeficientes de herdabilidade foram de 43% (NDM); 29,8% (APM); 42,2% (NVT); 16,4 (NSV) e 11,2% (PG). Para a população 2, foram de 47,1% (NDM); 36,5% (APM); 39,2% (NVT); 21,6% (NSV) e 16,8% (PG). Para a população 3, encontraram coeficientes de 59,4% (NDM); 40,3% (APM); 47,1% (NVT); 11,9% (NSV) e 13,0% (PG). A população 4 os valores obtidos foram de 50,2% (NDM); 33,9% (APM); 50,0% (NVT); 20,1% (NSV) e 9,1% (PG). Na população 5, alcançaram herdabilidades de 45,0% (NDM); 21,7% (APM); 40,3% (NVT); 24,5% (NSV) e 12,3% (PG). E, por fim a população 6 os valores de herdabilidade foram de 51,1% (NDM); 37,0% (APM); 54,2% (NVT); 15,3% (NSV) e 15,6% (PG).

Teixeira et al. (2017a) em fevereiro ao conduzirem 127 indivíduos F₂ com ciclo contrastante, em casa de vegetação, obtiveram herdabilidade no sentido amplo de 96,04 % para NDF, sendo maior do que a PSF₂-A (81,85%) e PSF₂-C (47,78 %), mas, aproximadas para a PSF₂-B (91,81%); de 85,39 % para NDM, sendo maior para a PSF₂-A (9,26%) e PSF₂-B (75,93%) e, inferior a PSF₂-C (87,93%); de 45,36 % para APM, sendo inferior nas três populações; de 17,29 % para NNM, com valor menor do que os obtidos nas três populações deste estudo; de 60,20 % para NVT, menor para as PSF₂-B (78,23%) e PSF₂-C (74,58%), mas, acima para a PSF₂-A (29,91%); de 2,63% para NSV, sendo menor comparado aos alcançados nas três populações e de 62,43 % para PG, sendo aproximado da PSF₂-A (65,07%), inferior na PSF₂-B (85,46%) e superior na PSF₂-C (29,73%).

A estimativa do número de genes que estão envolvidos no controle de um caráter tem importância na identificação do caráter como monogênico, oligogênico ou poligênico, além de, permite inferir sobre o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo (BALDISSERA et al., 2014). De acordo com esses mesmos autores esta estimativa é dificultada quando há alta influência ambiental na manifestação do caráter, e quando estão envolvidos muitos genes de pequeno efeito.

Os valores mínimos quantificados para número de genes foram: de 4,27 para NDF na PSF₂-A; 4,21 genes no caráter PG da PSF₂-B e de 6,72 genes para o NNM na PSF₂-C. Já os maiores valores foram observados nos caracteres NDM (26,82 genes); NNP (22,78) e NNR (56,02) nas PSF₂-A, PSF₂-B e PSF₂-C, respectivamente (TABELA 4). Os maiores valores para esta estimativa demonstram que os caracteres analisados apresentam herança poligênica. De acordo com Ramalho et al. (2012) a seleção é difícil quando o número de genes envolvidos no controle de um caráter é muito grande.

Teixeira et al. (2017a) ao estimarem número de genes em caracteres agrônômicos em geração F₂ de soja obtiveram valor aproximado com 11,62 genes para APM na PSF₂-A; menor número de genes para NDF (2,10) e NDM (1,73); superior para NSV (159,39 genes) e valores intermediários para NNM (17,35 genes); NVT (6,26 genes) e PG (6,28 genes) aos encontrados neste estudo. Já Santana et al. (2018) em estudo com geração F₂ e genitores no município de Uberlândia – MG encontraram menor número de genes (2,45) aos alcançados neste estudo para a característica número de vagens total.

A Tabela 5 apresenta os valores máximos e mínimos dos genitores e os segregantes transgressivos para as das três populações F₂ de soja.

TABELA 5 - Valores máximos e mínimos nos genitores e F₂, e presença de segregantes transgressivos de três populações F₂ de soja no município de Uberlândia – MG.

PSF₂-A: BRS256_{RR} X TMG1179_{RR}											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
Máxima nos pais	40.0	103.0	59.0	71.5	21.0	18.0	15.0	9.0	112.0	2.7	24.0
Mínimo nos pais	36.0	91.0	34.5	50.0	10.0	12.0	10.0	4.0	36.0	1.9	14.0
Máximo na F ₂	42.0	103.0	68.0	94.0	25.0	19.0	17.0	11.0	115.0	2.9	25.0
Mínimo na F ₂	32.0	89.0	22.5	22.8	3.0	8.0	3.0	0.0	3.0	1.6	5.0
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Não	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
PSF₂-B: BRS256_{RR} X UFUS Xavante											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
Máxima nos pais	44.0	139.0	44.0	54.2	19.0	17.0	16.0	9.0	315.0	2.7	91.0
Mínimo nos pais	34.0	114.0	19.5	32.5	6.5	10.0	7.0	4.0	138.0	0.8	53.0
Máximo na F ₂	56.0	149.0	59.0	66.0	16.0	19.0	18.0	12.0	355.0	6.7	129.0
Mínimo na F ₂	24.0	102.0	17.0	27.0	1.8	8.0	6.0	3.0	44.0	0.3	15.0
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim
PSF₂-C: BRS7380_{RR} X TMG1179_{RR}											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
Máxima nos pais	47.0	101.0	34.0	43.0	10.0	15.0	13.0	7.0	49.0	2.4	24.0
Mínimo nos pais	26.0	88.0	12.0	17.0	2.5	7.0	5.0	0.0	15.0	2.0	7.0
Máximo na F ₂	47.0	106.0	43.0	61.0	41.0	20.0	19.0	12.0	100.0	2.9	32.0
Mínimo na F ₂	21.0	58.0	7.0	9.0	1.6	6.0	5.0	0.0	5.0	1.2	3.0
Transgressivo	Sim	Sim	Sim	Sim	Não	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim	Sim

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APF e APM: altura de plantas no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNM, NNP e NNR: número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g). Fonte: A autora.

Ao confrontar os valores máximos e mínimos observados em cada geração F₂ verificou-se segregantes transgressivos nas três populações avaliadas e em todos os caracteres, com exceção para o caráter AIV na PSF₂-A e PSF₂-C (TABELA 5).

No melhoramento de plantas, a finalidade de realizar cruzamentos, além da ampliação da variabilidade genética é a obtenção de genótipos transgressivos, ou seja, superiores. Assim, segregantes transgressivos são uma fração de indivíduos da população segregante que extrapolam os valores fenotípicos dos parentais, seja no sentido positivo quanto negativo em gerações iniciais e avançadas (BALDISSERA et al., 2014).

A ocorrência de transgressivos é importante para a seleção de genótipos superiores, principalmente para os caracteres correlacionados diretamente com a produtividade, tais como número de vagens totais, número de sementes por vagens e produção de grãos. Teixeira et al. (2017a) observaram a presença de genótipos transgressivos de soja para os caracteres número de dias para o florescimento, altura de planta, número de vagens, número de grãos por vagens e produção de grãos.

As estimativas dos parâmetros genéticos e a presença de segregantes transgressivos para as três as populações, demonstrou a perspectiva de sucesso para a seleção de indivíduos superiores na geração F₂. Com isto, foi possível estimar o ganho de seleção alcançado na população de selecionados apresentados na Tabela 6.

De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) a possibilidade de predição do ganho de seleção é uma das principais contribuições da genética quantitativa ao melhoramento. Com base nessas informações é possível orientar de maneira eficaz o programa de melhoramento, prever o sucesso do método de seleção adotado e determinar cientificamente quais técnicas podem ser mais efetivas.

Nas três populações estudadas, adotou-se a intensidade de seleção de 25% dos indivíduos F₂. Quanto ao sentido de seleção determinou-se inferior para os caracteres NDF e NDM e, superior para os caracteres APF, APM, AIV, NNM, NNP, NNR, NVT, NSV e PG.

Os maiores ganhos de seleção foram obtidos para os caracteres AIV (31,25%); NNR (25,67%) e PG (23,13%) na PSF₂-A. Para a PSF₂-B os maiores ganhos foram alcançados para caracteres relacionados com a produtividade da soja, sendo eles NSV (76,36%); seguido pela PG (41,38%) e NVT (36,2%), indicando a possibilidade de ganhos com a seleção para produtividade. E para a PSF₂-C para os caracteres NVT (41,80%); AIV (39,37%) e PG (29,41%). E os menores ganhos de seleção foram obtidos para os caracteres NDM com -0,36% e -7,89% na PSF₂-A e PSF₂-C, respectivamente e para NNP (3,84%) na PSF₂-B (TABELA 6).

No melhoramento genético da soja uma das principais finalidades é o desenvolvimento de genótipos com precocidade de ciclo vegetativo e total. Deste modo, foram selecionados os indivíduos com as menores médias para os caracteres NDF e NDM (TABELA 6).

TABELA 6 - Ganhos por seleção para caracteres agrônômicos e produção de grãos em soja, em três populações segregante distintas de F₂.

PSF₂-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
\bar{X}_o	37.96	95.67	47.81	59.32	13.28	15.08	11.91	5.81	55.55	2.61	15.05
\bar{X}_s	35.62	91.89	55.78	69.77	19.64	16.70	14.18	8.32	79.21	2.81	20.40
GS (%)	-5.05	-0.36	5.18	13.57	31.25	3.42	9.80	25.67	12.73	3.44	23.13
MP – 1º CS ⁽¹⁾	36.04	95.32	50.29	67.37	17.43	15.59	13.08	7.31	62.63	2.70	18.53
PSF₂-B: BRS256_{RR} x UFUS Xavante											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
\bar{X}_o	41.05	125.77	34.34	46.43	8.27	13.19	11.68	6.45	169.39	2.29	57.22
\bar{X}_s	36.93	117.30	42.59	50.61	12.02	15.44	14.30	8.48	247.77	4.21	85.93
GS (%)	-9.20	-5.11	16.26	12.11	9.82	7.29	3.84	12.66	36.20	76.36	41.38
MP – 1º CS	37.27	119.34	39.93	46.83	9.08	14.15	12.13	7.27	230.71	4.05	80.90
PSF₂-C: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR}											
Parâmetros	Caracteres										
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNM	NNP	NNR	NVT	NSV	PG
\bar{X}_o	33.69	89.42	19.6	29.12	5.01	10.95	9.4	2.83	34.33	2.26	11.53
\bar{X}_s	26.53	81.39	26.47	40.97	7.76	14.46	12.58	4.71	53.57	2.48	17.21
GS (%)	-10.15	-7.89	11.62	22.73	39.37	17.98	19.06	25.05	41.80	6.88	29.41
MP – 1º CS	30.26	82.37	21.87	35.76	7.00	12.93	11.20	3.54	48.68	2.42	14.92

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APF e APM: altura de plantas no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNM, NNP e NNR: número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grão por planta (g). \bar{X}_o : média original da F₂; \bar{X}_s : média dos indivíduos F₂ selecionados; GS (%): ganho por seleção; ⁽¹⁾ Média predita para o 1º ciclo de seleção. Fonte: A autora.

Na PSF₂-A foram selecionados 37 genótipos com menor NDF e NDM de um total de 149 indivíduos F₂. Considerando estes caracteres, os genótipos selecionados apresentaram média de 35,62 e 91,89 dias para florescimento e maturidade, o que representa 36,04 e 95,32 dias de média predita para o 1º ciclo de seleção respectivamente. Os ganhos de seleção foram negativos uma vez que objetiva-se a redução para estas características, com isto, foram obtidos ganhos de - 5,05 % para NDF e de - 0,36 % para NDM (TABELA 6).

Para a PSF₂-B de 196 genótipos F₂, foram selecionados 49 indivíduos F₂ com melhor desempenho para precocidade de ciclo vegetativo e total. Para o NDF a média

dos selecionados foi de 36,93 dias o que representa - 9,2 % dias a menos de florescimento comparado aos parentais. E para NDM a média foi de 117,30 dias com ganho de seleção de - 5,11 %. Para o 1º ciclo de seleção as médias preditas foram de 37,27 dias (NDF) e 119,3 dias (NDM) (TABELA 6).

Já na PSF₂-C foram selecionados 98 genótipos de 393 indivíduos F₂, sendo que para o florescimento a média dos selecionados foi de 26,53 dias, com ganho de seleção de -10,15 % e média predita de 30,26 dias para o 1º ciclo de seleção. Para a maturidade a média da F₂ selecionada foi de 81,39 dias, com de ganho de seleção de -7,89 % e 82,37 dias de média predita com o 1º ciclo de seleção (TABELA 6).

Teixeira et al. (2017a) que ao trabalharam com população segregante F₂ de soja encontraram ganhos de seleção de -10,10 % NDF, sendo superior aos obtidos na PSF₂-A (-5,05) e PSF₂-B (-9,2%) e aproximado ao obtido na PSF₂-C (-10,15%) deste estudo. Quanto ao NDM, os autores alcançaram ganho de - 4,0 %, comparado a este trabalho foi superior ao obtido pela PSF₂-A (-0,36%) e, inferior a PSF₂-B (-5,11%) e PSF₂-C (-7,89%).

A APM é uma característica importante e deve ser preferencialmente entre 50 a 110 cm para permitir a colheita mecanizada (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM; 2015). As médias para altura das plantas selecionadas na maturidade foram dentro da ideal para a PSF₂-A e PSF₂-B com 69,77 cm e 50,61 cm, respectivamente. Em contrapartida para a PSF₂-C foi abaixo da média com 40,97 cm para os indivíduos selecionados (TABELA 6).

Hakim; Suyanto; Paturohman (2014) ao estimarem ganhos de seleção de caracteres agrônômicos em três populações segregantes F₂, com intensidade de 10% de seleção encontraram ganhos de seleção para APM acima dos obtidos neste estudo. Para a população 1 o ganho foi de 33,4%, para a população 2 de 35,3% e para a população 3 de 32,3 %.

Para a AIV na PSF₂-A e PSF₂-C a média dos selecionados foi acima (19,64 cm) e abaixo (7,76 cm) das recomendadas, que deve ser em torno de 12 a 15 cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM; 2015), respectivamente. Apesar disso, os maiores ganhos de seleção foram obtidos para este caráter com 31,25 % (PSF₂-A) e 39,37 % (PSF₂-C). Para a PSF₂-B a média dos selecionados foi dentro do ideal com 12,02 cm, com ganho de seleção de 9,82% e média predita de 9,08 cm para o 1º ciclo de seleção (TABELA 6).

Costa et al. (2004) ao avaliarem ganhos de seleção em populações segregantes F₂ de soja no município de Jaboticabal – SP observaram um ganho de 29,71 % para o caráter altura de inserção da primeira vagem. Comparado a este estudo, os autores obtiveram ganho menor para a PSF₂-A (31,25%) e PSF₂-C (39,37%) e, maior para a PSF₂-B (9,82%).

Outra característica importante é o número de nós, segundo Sedyama (2016), uma planta de soja com elevada potencialidade produtiva deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal. Nenhuma das três populações atingiu média dos selecionados e média predita adequada para os caracteres NNM e NNP. Do mesmo modo, para ambos os caracteres, nas três populações, o ganho de seleção foi menor com 3,42 % e 9,80 % na PSF₂-A; de 7,29 % e 3,84 % na PSF₂-B e de 17,98 % e 19,06 % na PSF₂-C, todos respectivamente para NNM e NNP (TABELA 6).

Em relação ao NNR a média dos selecionados na PSF₂-A foi de 8,32 nós, com ganho de seleção de 25,67 %; para a PSF₂-B a média foi de 8,48 nós para os indivíduos F₂ selecionados com ganho de 12,66 % e para a PSF₂-C a média foi de 4,71 nós e ganho de seleção de 25,05 % (TABELA 6). Resultados divergentes para o NNR foram encontrados por Hakim; Suyamto; Paturohman (2014) em estudo de ganhos de seleção com três populações na geração F₂. Os ganhos de seleção para este caráter foram de 10,7%; 14,4% e 11,8%, para a população um, dois e três, respectivamente.

O NVT e o NSV estão entre os componentes de produção da soja que mais contribuem diretamente na determinação do rendimento de grãos. Para o caráter NVT a PSF₂-B e PSF₂-C se destacaram com ganho de seleção de 36,20 % e 41,80 %, enquanto, a PSF₂-A obteve ganho inferior de 12,73%. Já para o NSV a PSF₂-B alcançou ganho de seleção elevado com 76,36 %. Em contrapartida, na PSF₂-A e PSF₂-C os ganhos foram menores de 3,44% e 6,88 %, respectivamente. Ainda, para o caráter NVT a PSF₂-B superou a média dos cultivares nacionais que apresentam de 30 a 80 vagens/planta (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015) com 247,77 vagens para os genótipos selecionados. As PSF₂-A e PSF₂-C ficaram dentro da média brasileira com 79,21 e 53,57 vagens, respectivamente (TABELA 6).

Ao estimarem o ganho de seleção para seis populações F₂ Hakim; Suyamto (2017) obtiveram ganhos de seleção para NVT de 22,7%; 38,0%; 25,1%; 24,3%; 38,7% e de 25,8% para as populações um, dois, três, quatro, cinco e seis, respectivamente.

Para a produção de grãos por planta a PSF₂-B destacou-se com ganho de seleção de 41,38% e média dos selecionados de 85,93 gramas. As PSF₂-A e PSF₂-C obtiveram

ganho de seleção de 23,13 % e 29,41 % e média dos selecionados de 20,4 g e 17,21 g, respectivamente (TABELA 6).

Teixeira et al. (2017a) ao estimarem os ganhos de seleção em 127 indivíduos F_2 de soja encontraram ganhos de 29,54 % para produção de grãos por planta. Em comparação com este trabalho, o ganho foi inferior apenas a PSF₂-A (23,13%), já para as PSF₂-B (41,38%) e PSF₂-C (29,41%) os ganhos foram superiores. Ainda, quanto à média dos selecionados, estes autores obtiveram 18,82 g para produção de grãos. Em contrapartida, para o presente estudo, as médias dos selecionados foram maiores para a PSF₂-A (20,4 g) e PSF₂-B (85,93 g) e, menor para a PSF₂-C (17,21 g).

Hakim; Suyanto; Paturohman (2014) observaram ganhos de seleção acima dos alcançados nesta pesquisa, ao estimarem o ganho de seleção para o caráter PG, em três populações na geração F_2 . Sendo os ganhos de seleção de 36,6% para a população 1; de 34,5% para a população 2 e de 35,5% para a população 3.

4. CONCLUSÕES

Na PSF₂-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR} a seleção de genótipos superiores com sucesso é recomendada por meio dos caracteres número de dias para o florescimento e altura da planta na maturidade.

Para a PSF₂-B: BRS256_{RR} x UFUS Xavante a seleção com êxito é indicada por intermédio dos caracteres número de dias para o florescimento, número de sementes por vagens, produção de grãos por planta, número de vagens totais e número de dias para maturidade.

Na PSF₂-C: BRS7980_{RR} x TMG1179_{RR} a seleção é bem sucedida mediante os caracteres altura de inserção da primeira vagem, número de nós ramificados e produção de grãos por planta.

Na PSF₂-A a seleção a partir dos caracteres altura de inserção da primeira vagem, número de nós ramificados e produção de grãos por planta admiti ganhos de seleção elevados na próxima geração.

Para a PSF₂-B a seleção mediante os caracteres número de sementes por vagem, produção de grãos por planta e número de vagens totais ocasiona os maiores ganhos de seleção.

Na PSF₂-C a seleção por meio dos caracteres número de vagens totais, altura de inserção da primeira vagem e produção de grãos por planta resulta em ganhos de seleção superiores.

REFERÊNCIAS:

- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias (Journal of Agroveterinary Sciences)**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- BARCELLOS, G.A.; MARKS, P.; PUNTEL, S.; CERA, J.C. Influência do grupo de maturidade relativa e época de semeadura na produtividade final de cultivares de soja. *In: Anais do I Congresso online para aumento da produtividade de soja 2018*. Santa Maria, RS. Disponível em: <www.even3.com.br/anais/maissoja>. Acesso em: 19 jun. 2020.
- BERGAMASCHI, H. **Temperatura do ar**. *In: BERGAMASCHI, H.; BERGONCI, J.I. As Plantas e o Clima: Princípios e Aplicações*. Guaíba: Agrolivros, 2017. 137-185 p.
- BORÉM, A. **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa:UFV. 2009. 625p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV. 2017. 523 p.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira – Grãos – Safra 2020/2021**. 2º Levantamento – Novembro 2020, v. 8, n.2, 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 3 dez. 2020.
- COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p.1095-1102, 2004. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- CRUZ, C.D.; RODRIGUES, H.S.; ROSADO, R.D.S.; BHERING, L.L. Biometria aplicada ao melhoramento genético. *In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed) Melhoramento da Soja*. Viçosa: UFV 2017, p. 249-287.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. **Cultivares de Soja – Regiões Sul e Central do Brasil 2010/2011**. Londrina, 2010.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. (2015). Embrapa lança soja RR resistente a nematoides. [s.l.; s.e] Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-noticias/-/noticia/3212267/embrapa-lanca-soja-rr-resistente-a-nematoides>>. Acesso em: 15 ago. 2020.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 265p., 2013. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes/publicacao/975595/tecnologias-de-producao-de-soja---regiao-central-do-brasil-2014>>. Acesso em: 09 jun. 2020.

FRIEDRICH, M.R.; BURTON, J.W.; BROWNIE, C. Heterosis and Genetic Variance in Soybean Recombinant Inbred Line Populations. **Crop Science**, Madison, v.56, [s.n], 2016. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0702>

HAKIM, L.; SUYAMTO; PATUROHMAN, E. Genetic variability, heritability and expected genetic advances of quantitative in F₂ progenies of soybean crosses. **Indonesian Journal of Agricultural Science**, Bogor, v.15, n.1, p.11-16, 2014. DOI: <https://doi.org/10.21082/ijas.v15n1.2014.p11-16>

HAKIM, L.; SUYAMTO. Gene action heritability estimates of quantitative characters among lines derived from varietal crosses of soybean. **Indonesian Journal Agricultural Science**, Bogor, v, 18, n.1, p. 25-32, 2017. DOI: <https://doi.org/10.21082/ijas.v18n1.2017.p25-32>

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

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Documentos, 349, Londrina: Embrapa Soja –37p., 2014.

IBGE - INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA (2020). **Cidades**. Disponível em: < <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mg/uberlandia/panorama> >. [s.l.; s.e]. Acesso em: 29 de nov, 2020.

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

LEITE, W. S.; PAVAN, B.E.; FILHO, C.H.A.M.; NETO, F. A.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F.S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F₈ de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, 302-310 p., 2016. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

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

NOGUEIRA, A.P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

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

BRASIL . Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento – MAPA. Secretaria de Política Agrícola. Portaria nº 156, de 28 de maio de 2020. Zoneamento Agrícola de Risco Climático para a cultura de soja no Estado de Minas Gerais, ano-safra 2020/2021. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/riscos-seguro/programa-nacional-de-zoneamento-agricola-de-risco-climatico/portarias/safra-vigente/minas-gerais/word/copy_of_PORTN156SOJAMG.ret.pdf>. Acesso em: 17 de jun.2020.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. *In*: SEDIYAMA,T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa:UFV, 2015, p. 27-53.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; FERREIRA, S. C.; GLASSENAPP. Hibridação. *In*: SEDIYAMA, T. **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenass, 2015, p.57-72.

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

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: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; BRUZI, A. T.; TEIXEIRA, R. K. S. Genética quantitativa no melhoramento. *In*: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.) **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV 2017, p. 147-172.

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

SANTANA, A.J.O.; NOGUEIRA, A.P.O.; SILVA, C.O.S.; BERNARDES, F.C.; NUNES, B.M.; PIERDONÁ, F.G.; BERNARDES, F.S.; HARNISCH, M.; MARTINS, J.A.; THESING, L; PERES, D.S.; FERNANDES, GM.; SILVA, A.F.E.; SILVA, C.O.; COSTA, S.C. Estimativas de herdabilidade e ganho de seleção para número de vagens em soja. *In*: **Anais VIII Congresso Brasileiro de Soja**. Goiânia – GO, 2018,[s.e]. Disponível em: <<https://maissoja.com.br/estimativas-de-herdabilidade-e-ganho-de-selecao-para-numero-de-vagens-em-soja/>>. Acesso em: 23 de jun. 2020.

SANTOS, M.F.; MOLLER, M.; CLOUGH, S.J.; PINHEIRO, J.B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in a F_{2:3} soybean population derived from IAC-100. **Journal of Crop Improvement**, Manhattan v.32, n.1, p.1-18, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1080/15427528.2017.1370404>

SANTOS, E.R.; SPEHAR, C.R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P.R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e

ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v.15,n.1, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B. Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n.1, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

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

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2016. 310 p.

SEDIYAMA, T. OLIVEIRA, R. C.; SEDIYAMA, H.A. A Soja. In: SEDIYAMA, T. (ed.) **Produtividade da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2016. 310 p.

SILVA, A.F.; SEDIYAMA,T.; SOARES, M.M. Época de semeadura. In: SEDIYAMA, T. (ed.) **Produtividade da Soja**. Londrina: Mecenaz, p.125-141.

SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D.; AMARAL, J. A. T.; CAVATTE, P. C.; NASCIMENTO, A. L. Delineamento genético: análise de gerações. In: FERREIRA, A.; PARTELLI, F. L.; AMARAL, J. A. T.; DALVI, L. P.; CALDEIRA, M. V. W.; COELHO, R. I. (ed.) **Tópicos especiais em genética e melhoramento**. Visconde do Rio Branco: Suprema, p.115-129, 2016.

SHIGIHARA, D.; SHIGIHARA, C.M.B.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; MATTOS, T.P. Análise de geração em população de soja visando produtividade de grãos. In: VIII Congresso Brasileira de Soja. **Anais VIII Congresso Brasileiro de Soja**. Goiânia – GO, 2018. Disponível em: <<https://maissoja.com.br/analise-de-geracoes-em-populacao-de-soja-visando-produtividade-de-graos/>>. Acesso em: 17 de jun. 2020.

SMIDERLE, O. J.; SOUZA, A. G.; GIANLUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K.N.A. C.; GOMES, H. H. S. Correlações entre componentes de produção de soja BRS Tracajá e diferentes densidades de plantas no Cerrado Roraima. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v.9, n.1, p.34-40, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21206/rbas.v9i1.3065>

SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; OLIVEIRA, V. M.; NOGUEIRA, A.P.O.; MUNDIM, F.M. de; HAMAWAKI, R.L.; HAMAWAKI, C.D. Correlação entre caracteres em progênies F₆ de soja provenientes de sete cruzamentos biparentais. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; HAMAWAKI, C.L.; MATTOS, T.P.; SILVEIRA, I.C.; MEDEIROS, L.A. Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4., 2017a. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO – TMG. Cultivares de soja. Disponível em:<<http://www.tmg.agr.br/ptbr/cultivares/soja>>. [s.e]. Acesso em: 27 ago. 2020.

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

VASCONCELOS, E.S.D.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012. DOI: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>

VISSCHER, P.M.; HILL, W.G.; WRAY, N.R. Heritability in the genomics era – concepts and misconceptions. **Nature Reviews Genetics**, [s.l.], v.9, p. 255-266, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrg2322>

CAPÍTULO 3: Correlações fenotípicas e genotípicas e análise de trilha entre caracteres agronômicos em duas populações F_{2:3} de soja

RESUMO

A correlação permite conhecer as mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado, porém, ela não permite conclusões sobre causa e efeito, restringindo inferências sobre o tipo de associação que governa um par de caracteres. A análise de trilha desdobra a correlação e, com isto, permite avaliar se a correlação entre dois caracteres é de causa e efeito ou determinado pela influência de outros caracteres. Os objetivos deste trabalho foram compreender a associação entre caracteres agronômicos em populações F_{2:3} de soja transgênica RR por meio do estudo de correlação e análise de trilha a fim de possibilitar uma seleção exitosa para o melhoramento genético da cultura. Os experimentos foram conduzidos em campo na fazenda experimental Capim Branco da UFU. Foram semeadas duas populações segregantes F_{2:3}, sendo elas a PSF_{2:3}-A: BRS256_{RR} X TMG1179_{RR}, constituída por 82 progênies F_{2:3} e, a PSF_{2:3}-B: BRS7380_{RR} X TMG1179_{RR} composta por 73 progênies F_{2:3}, em blocos casualizados com duas repetições. Avaliaram-se número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; altura da planta na maturidade; número de nós na maturidade e produtivos, respectivamente; número de vagens totais; produção de grãos por planta e produção de grãos por linha. Realizaram-se estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas e análise de trilha no Programa Genes. Constatou-se a existência de variância genética para todos os caracteres, nas duas populações segregantes. As magnitudes das correlações genotípicas foram superiores às correlações fenotípicas, nas duas populações estudadas, com exceção para o número de dias para o florescimento e número de nós na maturidade na PSF_{2:3}-B. Foram obtidas 07 e 12 correlações fenotípicas significativas e de mesmo sentido para a PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B. As maiores correlações fenotípica e genotípica, significativa e de direção favorável foram observadas entre os caracteres que compõem o rendimento de grãos. Sendo que, para a PSF_{2:3}-A isso ocorreu entre número de vagens totais e produção de grãos por planta com 0,88 para a fenotípica e 0,95 para a genotípica e na PSF_{2:3}-B entre número de nós na maturidade e número de nós produtivos com correlação fenotípica de 0,91 e genotípica de 0,99. O caráter número de dias para maturidade não obteve correlação significativa e de alta magnitude com os componentes de produção e nem com a produção de grãos por linha nas duas populações. Observou-se baixo efeito da variável residual na PSF_{2:3}-A (0,43) e PSF_{2:3}-B (0,44) indicando condição favorável para a análise de trilha devido à existência de fortes relações de causa e efeitos entre as variáveis analisadas com a variável básica produção de grãos por planta. O caráter número de vagens obteve a maior relação de causa e efeito sobre a variável principal produção de grãos por planta, em ambas populações, isso porque, apresentou efeito direto superior ao efeito residual. Conclui-se que para a PSF_{2:3}-A a seleção indireta para produção de grãos por planta é indicada por meio do caráter número de vagens totais. E para a PSF_{2:3}-B a seleção indireta do número de nós produtivos é recomendada mediante o número de nós na maturidade. O caráter número de vagens totais, em ambas populações, é útil na seleção de progênies superiores quanto ao rendimento de grãos.

Palavras-chave: *Glycine max*. seleção indireta. produção de grãos.

CHAPTER 3: Phenotypic and genotypic correlations and path analysis between agronomic traits in two soybean F_{2:3} populations

ABSTRACT

The correlation allows to know the changes that occur in a character when the selection is made in another character related to it, however, it does not allow conclusions about cause and effect, restricting inferences about the type of association that governs a pair of characters. The path analysis unfolds the correlation and it allows to evaluate if the correlation between two characters is of cause and effect or determined by the influence of other characters. The objectives of this work were to understand the association between agronomic traits in F_{2:3} populations of transgenic RR soybean through the correlation study and trail analysis in order to enable a successful selection for the genetic improvement of the crop. The experiments were conducted in the field at the experimental farm Capim Branco, belonging to the Federal University of Uberlândia. Two F_{2:3} segregating populations were sown: PSF_{2:3}-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}, consisting of 82 F_{2:3} progenies; and PSF_{2:3}-B: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR} composed of 73 F_{2:3} progenies, in randomized blocks with two replicates. Number of days to flowering and maturity, respectively; plant height at maturity; number of mature and productive nodes, respectively; number of total pods; grain production per plant and grain production per line were evaluated. Estimates of phenotypic and genotypic correlations and path analysis were performed in the Genes Program. The existence of genetic variance for all traits was found in the two segregating populations. The magnitudes of the genotypic correlations were higher than the phenotypic correlations in the two populations studied, except for the number of days for flowering and the number of nodes at maturity in PSF_{2:3}-B. 07 and 12 significant and similar phenotypic correlations were obtained for PSF_{2:3}-A and PSF_{2:3}-B. The greatest significant and favorable phenotypic and genotypic correlations were observed among the attributes that constitute grain yield. For PSF_{2:3}-A, this occurred between the number of total pods and grain production per plant with 0.88 for the phenotypic and 0.95 for the genotypic and in the PSF_{2:3}-B, between number of nodes at maturity and number of productive nodes, with a phenotypic correlation of 0.91 and a genotypic correlation of 0.99. The character number of days to maturity did not have a significant and high magnitude correlation with the production components or with the production of grains per row in both populations. There was a low effect of the residual variable on PSF_{2:3}-A (0.43) and PSF_{2:3}-B (0.44), indicating a favorable condition for the trail analysis due to the existence of strong cause and effect relationships among the variables analyzed with the basic variable grain production per plant. The character number of pods obtained the highest cause and effect relationship on the main variable grain production per plant, in both populations, because it had a direct effect superior to the residual effect. It is concluded that for PSF_{2:3}-A the indirect selection for grain production per plant is indicated by means of the number of total pods. And for PSF_{2:3}-B the indirect selection of the number of productive nodes is recommended based on the number of nodes at maturity. The number of total pods, in both populations, is useful in the selection of superior progenies in terms of grain yield.

Keywords: *Glycine max.* grain production. indirect selection.

1. INTRODUÇÃO

A seleção é uma das etapas mais, importante e complexa, no programa do melhoramento genético. Isso porque, os caracteres agronômicos de importância, em sua grande maioria, são de herança quantitativa, altamente influenciados pelo ambiente e, estão interligados em magnitude e sentido variáveis de forma que a seleção em um provoca alteração em outro, dificultando uma seleção bem sucedida.

No processo de seleção objetiva-se melhorar um caráter principal e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos superiores devem agrupar várias características favoráveis e, se destacarem comparadas aos pré-existentes para satisfazer as exigências do mercado. Com isto, a seleção baseada em um ou em poucos caracteres tem-se mostrado ineficiente por trazer desempenho menos favorável em relação aos caracteres não considerados na seleção (BÁRBARO et al., 2007b). Nesse sentido, conhecer o comportamento associativo entre os vários caracteres de interesse é fundamental.

A correlação permite este conhecimento, uma vez que, infere sobre o grau da relação linear entre um par de caracteres (RAMALHO et al., 2012) e, com isto, possibilita ao melhorista conhecer sobre as mudanças que acontecem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele associado. Além disso, identifica caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta sobre outro caráter que apresenta baixa herdabilidade, manifestações em gerações mais avançadas ou problemas para identificação ou avaliação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; FOLLMANN et al., 2017; LEITE et al., 2016; MACHADO et al., 2017; NOGUEIRA et al., 2012; SMIRDELE et al., 2019).

Apesar da grande utilidade desta estimativa no melhoramento de plantas, uma correlação alta entre dois caracteres pode resultar no efeito de um terceiro, ou de um grupo de outros caracteres. Este processo não permite conclusões sobre causa e efeito, restringindo inferências sobre o tipo de associação que governa um par de caracteres causando equívocos na estratégia de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A fim de uma análise mais refinada dos estudos das correlações Wright (1921) propôs um método denominado de análise de trilha, ou "*Path analysis*", que desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre uma variável resposta, e permite avaliar se a correlação entre dois caracteres é de causa e efeito ou determinado pela influência de outros caracteres.

Diante do exposto objetivou-se compreender a associação entre caracteres agronômicos em populações $F_{2:3}$ de soja transgênica RR por meio do estudo de correlação e análise de trilha a fim de possibilitar uma seleção exitosa para o melhoramento genético da cultura.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos em campo na fazenda experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia - UFU, localizada no município de Uberlândia – MG, situada na latitude 18°53'19"S, longitude 48°20'57"W, com altitude de 835 m (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE, 2020).

2.2 Tratamento e delineamento experimental

Foram avaliadas duas populações segregantes $F_{2:3}$ advindas de cruzamentos biparentais, sendo elas a PSF $_{2:3}$ –A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}, com 82 progênies $F_{2:3}$, e a PSF $_{2:3}$ –B: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR} com 73 progênies $F_{2:3}$, em blocos casualizados (DBC) com duas repetições para cada tratamento.

Cada parcela foi constituída por uma linha de 1,5 m de comprimento representada por uma progênie $F_{2:3}$ da população em estudo ou pelos genitores de cada uma das populações, com espaçamento entrelinhas de 0,5m e densidade média de 10 sementes a cada 0,5 m

2.3 Instalação e condução dos experimentos

A semeadura ocorreu em campo sobre solo Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. O solo foi previamente preparado de maneira convencional com uma aração profunda e duas gradagens. A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com seis a oito centímetros de profundidade, empregando-se 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 4–20–20.

As sementes foram previamente tratadas com fungicida com os ingredientes ativos Carbendazim e Thiram, na dosagem de 150 mL 100 kg⁻¹ de semente. Para a PSF $_{2:3}$ –A a semeadura ocorreu em 13 de novembro de 2018 e para a PSF $_{2:3}$ –B em 11 de dezembro de 2019.

A semeadura foi manual e para a distribuição das sementes em campo foi utilizado o esquema de parcelas de progênies com parcelas dos genitores intercalados. A cada 20 parcelas de progênies $F_{2:3}$ foi colocada uma parcela do genitor, totalizando oito parcelas de cada um dos genitores por bloco. A inoculação foi realizada no sulco de

semeadura com pulverizador manual costal de 20L com inoculante líquido, com dose de 300 mL ha⁻¹, contendo as bactérias: *Bradyrhizobium japonicum* (CEPASEMIA 5079) e *Bradyrhizobium elkanii* (CEPA SEMIA 5019).

Logo após a semeadura foi aplicado herbicida seletivo de pré-emergência composto por S-Metolaclopro visando o controle de plantas daninhas, na dosagem de 0,2 L ha⁻¹. E 20 dias após semeadura aplicou-se herbicida seletivo pós-emergente com ingrediente ativo Haloxifop-P-Metílico para controle de plantas daninhas de folhas estreitas, na dose de 0,5 L ha⁻¹. Posteriormente, foram realizadas duas capinas manuais até o final do ciclo, para cada uma das populações segregantes.

No dia 10 de dezembro de 2018 na PSF_{2:3}-A e em 14 de janeiro de 2020 na população PSF_{2:3}-B foram aplicados via foliar Cobalto (Co) e Molibdênio (Mo) na dosagem 150 mL ha⁻¹. E em 18 de dezembro de 2018 na população PSF_{2:3}-A e em 29 de fevereiro de 2020 na população PSF_{2:3}-B foi realizada adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 100 kg ha⁻¹.

Os manejos fitossanitários foram realizados com aplicações de produtos químicos comerciais por meio de pulverizador costal manual com 20L de calda. Para a PSF_{2:3}-A foi aplicado a cada 15 dias fungicidas com ingrediente ativo Mancozebe, na dosagem de 1,5 kg ha⁻¹, fungicida composto por Trifloxistrobina e Protiocanazol com dose de 0,4 L ha⁻¹ e fungicida com ingrediente ativo Piraclostrobina e Epoxinazol, na dosagem de 600 mL ha⁻¹. A partir do estágio reprodutivo R1 (início da floração) e R2 (floração plena) (FEHR; CAVINESS, 1977) com o surgimento de vaquinha (*Diabrotica speciosa*) e do percevejo marrom (*Euschistus heros*) foram aplicados a cada 10 dias inseticidas com ingrediente ativo Acefato, na dosagem de 750 g ha⁻¹ e o com ingrediente ativo Tiametoxam e Lambda-Cialotrina, na dose de 200 mL ha⁻¹.

Para a PSF_{2:3}-B foi aplicado a cada 15 dias fungicidas com ingrediente ativo Trifloxistrobina e Protiocanazol com dose de 0,4 L ha⁻¹, o fungicida com ingrediente ativo Piraclostrobina e Epoxinazol, na dosagem de 600 mL ha⁻¹ e o com o princípio ativo Enxofre, na dosagem de 2,5 kg ha⁻¹. Os inseticidas aplicados foram o com ingrediente ativo Acefato, na dosagem de 750 g ha⁻¹, com ingrediente ativo Tiametoxam e Lambda-Cialotrina, na dose de 200 mL ha⁻¹ e com o composto por Profenofós e Lufenurom, na dosagem de 200 mL ha⁻¹.

Nas FIGURAS 6 e 7 encontram-se os dados de precipitação pluvial e temperatura média do ar durante a realização dos experimentos das PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, respectivamente.

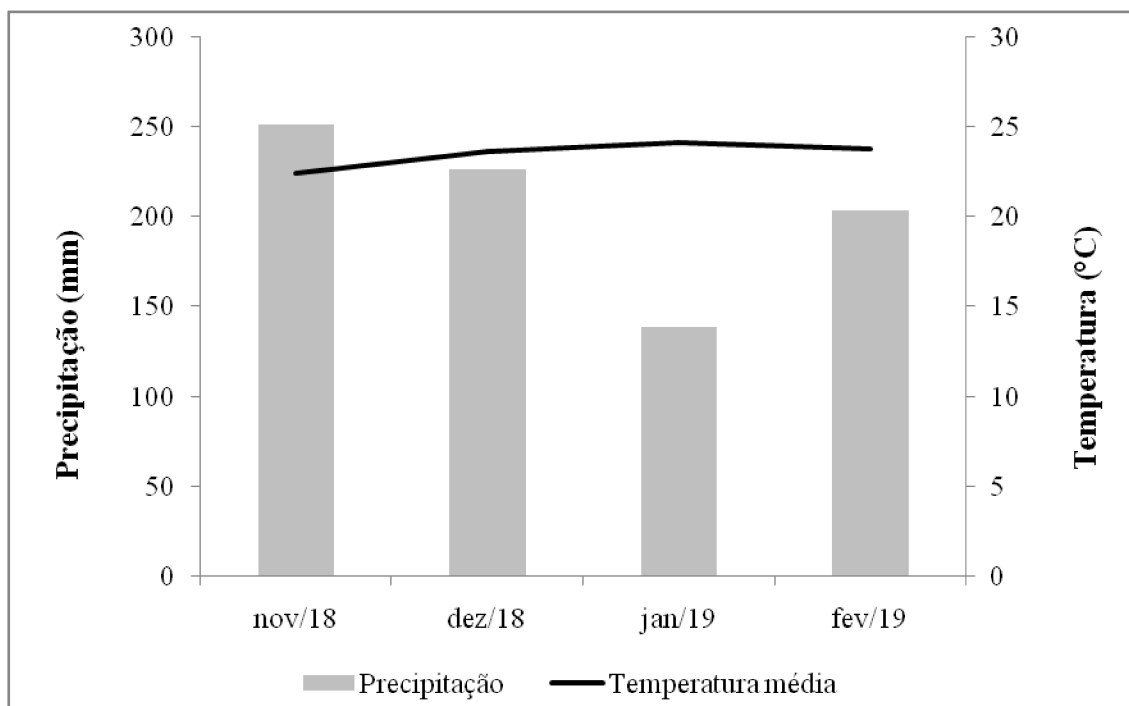


FIGURA 6 - Temperatura média (°C) e precipitação (mm) de novembro de 2018 a fevereiro de 2019 durante condução em campo da PSF_{2:3}-A, na Fazenda Capim Branco – UFU em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA da UFU.

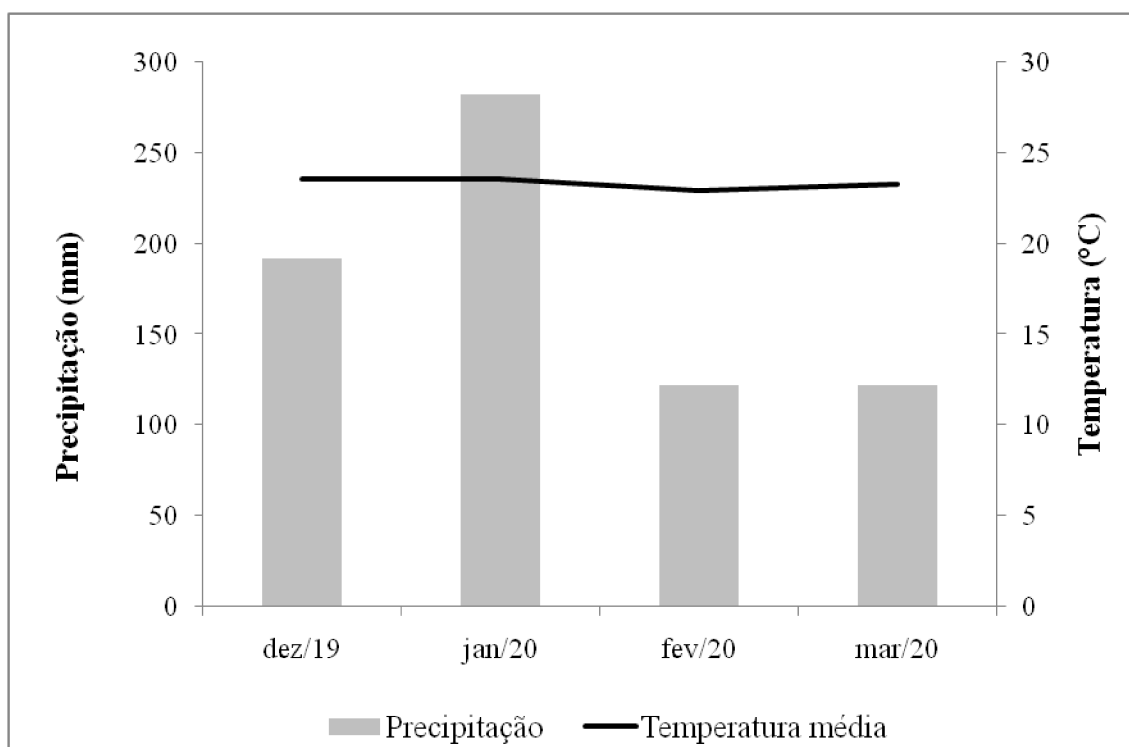


FIGURA 7 - Temperatura média (°C) e precipitação (mm) de dezembro de 2019 a março de 2020 durante condução em campo da PSF_{2:3}-C, na Fazenda Capim Branco – UFU em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA da UFU.

2.4 Avaliações fenotípicas dos genitores e progênes F_{2:3}

Foram amostradas e identificadas com fita de cetim colorida três plantas fenotipicamente superiores que entraram primeiro no estágio fenológico reprodutivo R1 - uma flor aberta em qualquer nó na haste principal (FEHR; CAVINESS, 1977) para avaliações dos seguintes caracteres agronômicos:

- Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) no qual os cotilédones estão acima da superfície do solo até o aparecimento da primeira flor na haste principal (estádio R1);
- Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) até a maturidade quando 95% de vagens da soja atinge a cor de vagem madura (estádio R8);
- Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade do meristema apical, na maturidade (estádio R8);
- Número de Nós na Maturidade (NNM): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
- Número de Nós Produtivos (NNP): obtida pela contagem de todos os nós ou ramos na haste principal que apresentavam a presença de vagens (R8);
- Número de vagens (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;
- Produção de grãos por planta (PGP): massa dos grãos em gramas (g), produzido pelas três plantas da parcelas útil;
- Produção de grãos por linha (PGL): massa dos grãos em gramas (g), produzido por todas as plantas da parcela.

Para definição dos estádios vegetativos e reprodutivos das plantas, foi utilizada a escala de Fehr e Caviness (1977).

2.5 Análises estatísticas

Os dados para cada um dos caracteres agronômicos avaliados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) em cada uma das populações, considerando os efeitos

dos genótipos/progênes aleatório, conforme o modelo estatístico abaixo:

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

Em que:

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

μ : média geral da caráter;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i ;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j ;

ε_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

As correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres avaliados foram mensuradas:

Correlação fenotípica

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

Em que:

rf : estimador da 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.

Correlação genotípica

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

Em que:

rg : estimador de correlação genotípica;

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

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

A significância das correlações genotípicas foi avaliada via *bootstrap* com 5.000 simulações. E a significância da correlação fenotípica foi estimada pelo test t com $(n-2)$ graus de liberdade, em que n refere-se ao número de genótipos avaliados.

Como pré-requisito pra a análise de trilha, realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade envolvendo os 11 caracteres. O grau de multicolinearidade foi classificado segundo os princípios propostos por Montgomery e Peck (1981), no qual os valores do determinante e do número de condição (NC) são dados pela razão entre o maior e o menor autovalor da matriz. Para distinguir os caracteres que cooperaram para o surgimento da multicolinearidade, verificaram-se os elementos dos autovetores associados aos autovalores.

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística - GENES (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância constatou a existência de diferença estatística pelo teste F ao nível de 5% e 1% de probabilidade, para todos os caracteres analisados, nas duas populações segregantes (TABELA 7). Isso demonstra presença de variância genética entre as progênes F_{2:3}, sendo importante no contexto de melhoramento genético, para a seleção de indivíduos promissores.

TABELA7 - Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação para caracteres agrônômicos e de produção de grãos em duas populações segregantes F_{2:3} de soja, no município de Uberlândia – MG.

PSF_{2:3} – A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR}					
Caracteres	QMG	h_a^2(%)	CVg(%)	CVg/CVe	CVe (%)
NDF	18.67 **	44.17	4.12	0.62	6.55
NDM	52.90 *	31.02	2.27	0.47	4.80
APM	178.40**	77.45	14.77	1.31	11.27
NNM	6.04**	55.15	9.22	0.78	11.76
NNP	4.08**	42.79	8.19	0.61	13.4
NVT	815.55**	58.75	23.13	0.84	27.41
PGP	16.08**	63.72	17.35	0.93	18.51
PGL	1670.93*	31.27	11.97	0.47	25.09
PSF_{2:3} – B: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR}					
Caracteres	QMG	h_a^2 (%)	CVg(%)	CVg/CVe	CVe (%)
NDF	14.94**	56.07	5.63	0.79	7.05
NDM	47.93*	33.49	2.89	0.5	5.77
APM	197.99**	60.20	12.65	0.86	14.55
NNM	7.73**	41.97	7.68	0.6	12.77
NNP	8.05*	41.83	8.77	0.59	14.62
NVT	1381.38*	36.55	17.56	0.53	32.72
PGP	59.99*	35.83	15.63	0.52	29.58
PGL	1433.61*	35.55	10.09	0.52	19.21

** e *: Significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo teste F. NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APM: altura de plantas na maturidade (cm); NNM e NNP: número de nós na maturidade e produtivos, respectivamente; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g); PGL: produção de grãos por linha (g). QMG: quadrado médio do genótipo; h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo; CVg: coeficiente de variação genético; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CVe: coeficiente de variação ambiental. Fonte: A autora.

A herdabilidade (h^2) expressa o grau de correspondência entre o valor fenotípico e o genotípico. Conhecer a herdabilidade dos caracteres é de extrema importância nos

programas de melhoramento genético, isso porque, ela permite estimar o ganho com a seleção antes que a mesma seja realizada, o que possibilita escolher o método de seleção mais eficaz para cada caráter (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017; VISSCHER; HILL; WRAY, 2008).

Notou-se alta oscilação de herdabilidade nas duas populações para todos os caracteres analisados. Na PSF_{2:3}-A a herdabilidade variou de 31,02% para o número de dias para maturidade (NDM) a 77,45% para altura da planta na maturidade (APM). Do mesmo modo, para a PSF_{2:3}-B a variação foi obtida para os mesmos caracteres com 33,49% e 60,2% de herdabilidade, respectivamente (TABELA 7).

Bologna et al. (2014) em pesquisa com estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos em progênies F₃ de soja obtiveram herdabilidades no sentido amplo de 79% para NDF; de 76% para NDM; de 25% para APM; de 70% para NVT e de 74% para PGP.

Em estudo com duas populações F₄ de soja Hakim; Suyamto (2012) encontraram herdabilidades divergentes as obtidas neste estudo. Para a população 1, os autores, observaram herdabilidades de 30,3% (NDF); 39,8% (NDM); 53,7% (APM); 33,5% (NNM); 20,6% (NNP); 55,4 % (NVT) e 18,3 % (PGP). Para a população 2, as herdabilidades foram de 36,1 % (NDF); 42,6 % (NDM); 58,2% (APM); 26,7 % (NNM); 18,3% (NNP); 47,6 % (NVT) e 21,1 % (PGP).

Em trabalho no município de Jaboticabal – SP Costa et al. (2008) estimaram parâmetros genéticos em seis populações segregantes F₃ e alcançaram herdabilidades de 24% (NDM); de 33% (APM); de 39% (AIV) e de 45% (NVT) para a população 1; para a população 2 as herdabilidades foram de 50% (NDM); de 46% (APM); de 30% (AIV) e de 77% (NVT); para a população 3 de 54% (NDM); de 46% (APM); de 28% (AIV) e de 70% (NVT); para a população 4 foram de 72% (NDM); de 38% (APM); de 30% (AIV) e de 92% (NVT); para a população 5 os valores foram de 37% (NDM); de 45% (APM); de 14% (AIV) e de 25% (NVT) e para a população 6 de 58% (NDM); de 43% (APM); de 30% (AIV) e de 55% (NVT).

A herdabilidade não é um parâmetro imutável, segundo Borém e Miranda (2017) ela pode variar de acordo com o tipo de características agrônômicas e de fatores como o método utilizado, a diversidade na população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes, a unidade experimental e a precisão na condução do experimento.

Estimativa de herdabilidade acima de 70% é considerada alta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), o que viabiliza a seleção em gerações iniciais. De acordo com Storck e Ribeiro (2011) herdabilidades elevadas estão relacionadas a uma maior variabilidade genética, maior precisão seletiva e probabilidade de selecionar com êxito, genótipos de soja com bons atributos agronômicos.

Alta magnitude de herdabilidade foi obtida na PSF_{2:3}-A para o caráter APM com 77,45% (TABELA 7), significando que a seleção com base neste caráter é bastante efetiva e, que, sua expressão fenotípica foi ocasionada exclusivamente por causas genéticas. Bologna et al. (2014) ao estimarem herdabilidade em população de F₃ de soja, obtiveram coeficiente inferior para APM, com 25%.

Bambodkar et al. (2019) em estudo de parâmetros genéticos em oito populações F₃ de soja encontraram estimativas de herdabilidades para altura da planta na maturidade acima das encontradas neste estudo com variação de 78,66% a 89,52%. Ainda, estes autores, obtiveram herdabilidades que oscilaram de 39,14% a 88,92% para número de dias para o florescimento; de 48,29% a 81,68% para número de dias para a maturidade; de 89,95% a 94,80% para número de vagens totais e de 73,68% a 85,91% para produção de grãos por planta.

Herdabilidades acima de 50% foram encontradas na PSF_{2:3}-A para os caracteres número de nós na maturidade (NNM) com 55,15%; número de vagens totais (NVT) com 58,75% e para produção de grãos por planta (PGP) com 63,72%. Já para a PSF_{2:3}-B valores acima de 50% foram obtidas para APM com 60,2% e número de dias para o florescimento (NDF) com 56,07% (TABELA 7).

Quanto ao coeficiente de variação genético - CVg (%) observou-se uma variação de 2,27% para NDM a 23,13% para NVT na PSF_{2:3}-A. E para a PSF_{2:3}-B este parâmetro oscilou para os mesmos caracteres com 2,89% para NDM a 17,56% para NVT (TABELA 7). Estes resultados indicam ocorrência de variância genética dos caracteres nas duas populações em estudo.

A razão entre o coeficiente de variação genético e coeficiente de variação ambiental (CVg/CVe) representa uma informação a mais para o pesquisador, sendo utilizada como referência de aquisição de ganhos genéticos mais expressivos na seleção de genótipos superiores. Quando o quociente estimado for maior ou igual a um evidencia situação propícia para a seleção, uma vez que, a variação genética disponível é a maior responsável pela variação estimada dos dados experimentais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para as duas populações e, para todos os caracteres a

razão CVg/CVe foi abaixo da unidade. Exceção ocorreu apenas o caráter APM na PSF_{2:3}-A, que apresentou razão de 1,31% (TABELA 7).

O CVe (%) está relacionado com o controle da variação ambiental e indicam precisão e qualidade experimental. Neste estudo, os CVe (%) estimados se encontram na Tabela 7 e oscilaram de baixo a alto nas duas populações. As variáveis NDF (6,55%) e NVT (27,41%) e NDF (5,77) e NDM (32,72%), apresentaram o maior e menor valor deste parâmetro na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, concomitantemente (TABELA 7).

Os menores coeficientes de variação foram para caracteres NDF e NDM em ambas populações. Sendo que, para a PSF_{2:3}-A esta estimativa foi de 6,55 % (NDF) e 4,80 % (NDM) e na PSF_{2:3}-B de 7,05 % (NDF) e 5,77 % (NDM) (TABELA 7). Conforme Cargnelutti Filho et al. (2012) experimentos com coeficientes de variação baixos, ou de elevada precisão, são desejados pelos melhoristas, isto porque, permitem a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos mais fidedignos, ou acurados, as quais são importantes nas tomadas de decisões nos programa de melhoramento.

Os maiores valores de CVe (%) foram para NVT (27,41%) e PGL (25,09%) na PSF_{2:3}-A e para NVT (32,72%), seguido de PGP (29,58%) na PSF_{2:3}-B (TABELA 7). Altos valores de CVe (%) são comuns nestes caracteres que exibem comportamento quantitativo, em função do grande número de genes que o controla, levando consequentemente, a uma grande influência do ambiente. Outro fator, que pode explicar parâmetro elevado é à grande diferença genética e fenotípica entre os genótipos nas duas populações analisadas (LEITE et al., 2016). Estes resultados estão de acordo com os limites de coeficiente de variação encontrados em, outros estudos, com estes caracteres na cultura da soja (BÁRBARO et al., 2007a; ZUFFO et al. 2018; LUIZ et al., 2020).

Na Tabela 8 estão apresentadas as médias e os valores máximos e mínimos para onze caracteres agrônômicos nas duas populações segregantes de soja. Observou-se formação de diferentes grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott, para a maioria dos caracteres avaliados, na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, isto, demonstra diversidade dos valores fenotípicos médios entre as progênies para as duas populações.

TABELA 8 - Médias, valores máximos e mínimos obtidos para seis caracteres agrônômicos, produção de grãos por planta e produção de grãos por linha de duas população segregante ($F_{2:3}$) no município de Uberlândia - MG.

PSF _{2:3} - A								
Est. Descritiva	NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NVT	PGP	PGL
Média	49	125	56	14	11	67	13	135
Máximo	60	154	81	21	17	152	28	241
Mínimo	40	105	13	8	6	26	7	52
Scott-knott	a-b**	-	a-b**	a-b**	-	a-c**	a-d**	a-b**
P ₁ - BRS256 _{RR}	51 a	136 a	56 a	15 a	11 a	55 c	11 d	159 a
P ₂ - TMG1179 _{RR}	51 a	134 a	63 a	15 a	12 a	86 b	15 d	136 b
PSF _{2:3} - B								
Est. Descritiva	NDF	NDM	APM	NNM	NNP	NVT	PGP	PGL
Média	36	97	61	17	15	91	21	158
Máximo	45	128	91	22	21	223	49	269
Mínimo	28	86	28	10	8	39	12	66
Scott-knott	a-b**	-	a-b**	-	a-b+	a-b+	a-b+	-
P ₁ - BRS7380 _{RR}	28 b	98a	58 b	17 a	15 a	67 b	17 b	165 a
P ₂ - TMG1179 _{RR}	41 a	123 a	58 b	16 a	14 b	108 a	21 b	194 a

Est. Descritiva = Estatística descritiva. NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade (dias), respectivamente; APM: altura da planta na maturidade (cm); NNM e NNP: número de nós na maturidade e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta (g); PGL: produção de grãos por linha (g). ** e +: significativo ao nível de 5% e 10% de probabilidade pelo teste de agrupamento de médias de Scott-Knott. Fonte: A autora.

Em ambas populações, formaram-se dois grupos homogêneos e significativamente distintos para o NDF. Sendo que, na PSF_{2:3}-A à média das progênies/genótipos e do valor mínimo, foram de 49 e 40 dias, respectivamente com ciclo vegetativo inferior quando comparado as cultivares BRS256_{RR} e TMG1179_{RR} que obtiveram média de 51 dias. Da mesma maneira, na PSF_{2:3}-B o NDF das progênies foi menor, de 36 dias, quando confrontado com a TMG1179_{RR} que obteve média de 41 dias. Nesta população, observou-se precocidade para floração, com a menor média dos genótipos e da cultivar BRS7380_{RR} similares, de 28 dias (TABELA 8). Estes resultados demonstram que nas duas populações existe perspectiva de seleção para genótipos com menor ciclo vegetativo.

Para o caráter NDM não houve a formação de grupos em ambas as populações (TABELA 8). De acordo com a EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – Embrapa Soja (2013) para o Estado de Minas Gerais (MG) os genótipos quanto ao ciclo de maturidade são classificados como: semiprecoce (101 a 110 dias); médio (111 a 125 dias); semitardio (126 a 145 dias) e tardio (> 145 dias). Na

PSF_{2:3}-A o NDM variou desde tardio (154 dias) a semiprecoce (105 dias) com diferença de 49 dias entre o maior e o menor ciclo de maturação. A média de maturação das progênes foi de 125 dias destacando-se em precocidade, quando comparado as cultivares, que alcançaram média de 136 e 134 dias, respectivamente, para o BRS256_{RR} e TMG1179_{RR} (TABELA 8).

Para a PSF_{2:3}-B o ciclo de maturação oscilou de 86 a 128 dias, com variação de 42 dias, entre o mais precoce e o mais tardio. A menor média (86 dias) apresentou ciclo menor de 100 dias, superando a classificação de semiprecoce dos grupos de maturação para Minas Gerais. Para a maior média (128 dias) o ciclo foi classificado como semitardio. Da mesma forma, a maturação das progênes (97 dias) e da cultivar BRS7380_{RR} (98 dias) se destacaram por completaram o ciclo de maturação com uma inferioridade de 100 dias (TABELA 8). Estes resultados indicam que, nas duas populações analisadas, é possível realizar a seleção genótipos precoces.

Sousa et al. (2020) em estudo com microssatélites e características fenotípicas para a seleção de linhagens de soja ano agrícola 2011/2012 em Uberlândia –MG também alcançaram dois grupos para NDF com média de 47,29 dias. E para o caráter NDM notaram formação de quatro grupos divergentes com 125,10 dias de ciclo na maturação. Bárbaro et al. (2007a) avaliaram sete populações segregantes F₄ e F₅ de soja na safra e notaram variação de 41,79 a 50,68 dias para o número de dias para o florescimento e de 99,18 a 114,97 dias para o número de dias para a maturidade.

É importante ressaltar que o ciclo dos parentais em ambas populações foi alterado. Na PSF_{2:3}-A a BRS256_{RR}, que tem um ciclo de 146 a 150 dias (EMBRAPA SOJA, 2010), foi reduzida para 136 dias e o da TMG1179_{RR}, que apresenta ciclo de 128 a 132 dias (TMG, 2020) ampliou para 134 dias. Já na PSF_{2:3}-B a maturação de ambos parentais foi reduzida, sendo que, a BRS7380_{RR} que apresenta ciclo de 105 a 110 dias, reduziu para 98 dias e a TMG1179_{RR} para 123 dias (TABELA 8).

O efeito sobre o ciclo do genitores pode ser explicado, pelo fato de nenhum deles serem adaptados a região do Triângulo Mineiro e, portanto, estarem em condições edafoclimáticas de fotoperíodo e de latitude diferentes aos que são recomendadas.

Segundo a Embrapa Soja (2019) a soja é sensível ao fotoperíodo e a adaptabilidade de cada cultivar é alterada com a latitude, ou seja, à medida que o seu cultivo se desloca em direção ao sul ou ao norte. Portanto, cada cultivar tem uma faixa limitada de adaptação em função do seu grupo de maturidade. Ainda, uma mesma cultivar pode alongar ou reduzir o ciclo, dependendo da combinação nas alterações de

temperatura e fotoperíodo (BERGAMASCHI, 2017), justificando o fato da TMG1179_{RR} ter ampliado seu ciclo na PSF_{2:3}-A e reduzido na PSF_{2:3}-B.

A altura da planta está diretamente relacionada com o grupo de maturação, o fotoperíodo e a presença de período juvenil longo (SPEHAR et al., 2014). Este caráter tem influência para os produtores e melhoristas, isso porque, plantas de soja muito altas tendem a acamar o que provoca danos e perdas dos grãos, além de dificultar a colheita mecanizada (NOGUEIRA et al. 2009; SEDIYAMA et al., 2013). De acordo com Sedyama; Oliveira; Sedyama (2016) a maioria das cultivares comerciais brasileiras, em condições de lavoura, apresenta cerca de 50 a 90 cm de altura.

Na Tabela 8, observou-se que a APM, em ambas populações, formou-se dois grupos distintos. Na PSF_{2:3}-A a média de altura das plantas das progênes (56 cm), a maior média (81 cm) e da BRS256_{RR} (56 cm) e TMG1179_{RR} (63 cm) obtiveram altura adequadas e dentro da média das cultivares nacionais. Ainda, nesta população apesar da média geral (56 cm) ter sido inferior a média dos genitores, a maior média (81 cm), destacou-se em relação às cultivares BRS256_{RR} e TMG1179_{RR}. Já na PSF_{2:3}-B apenas a média geral das progênes (61 cm) e dos parentais (58 cm) apresentaram altura similar as cultivares do Brasil. Nesta população, a maior média de altura foi de 91 cm, sendo acima de ambos parentais (TABELA 8). Valores intermediários aos encontrados nesta pesquisa para altura de planta na maturidade foram obtidos por Meier et al. (2019); Oliveira et al. (2017) e Leite et al. (2015) com altura/média de 47,96 cm; 60,52 cm e 54,18 cm, respectivamente.

Para o NNM, na PSF_{2:3}-A, ocorreu a formação de dois grupos distintos. Já para a PSF_{2:3}-B, não observou-se agrupamento de médias do NNM. Na PSF_{2:3}-A a média deste caráter para as progênes foi de 14 nós, sendo inferior as duas cultivares que alcançaram, ambas, 15 nós na maturidade. Para a PSF_{2:3}-B a média dos genótipos foi de 17 nós, sendo similar a cultivar BRS7380_{RR} e superior à TMG1179_{RR} que obteve 16 nós. Apesar disso, para ambas as populações, a maior média foi de 21 e 22 nós, ultrapassando os parentais e permitindo a seleção de progênes com maior número de nós na maturidade (TABELA 8).

Para o NNP na PSF_{2:3}-A as médias foram agrupadas em dois grupos e, na PSF_{2:3}-B não ocorreu a formação de grupos. Na PSF_{2:3}-A a média das progênes e a maior média apresentaram a mesma quantidade de nós, 14, sendo estes valores superiores aos genitores, que obtiveram 11 (BRS256_{RR}) e 12 nós (TMG1179_{RR}). Para a PSF_{2:3}-B tanto as progênes quanto a cultivar BRS7380_{RR} conseguiram 15 nós

produtivos. Apesar disso, a maior da média foi de 21 nós, destacando-se em relação aos dois genitores (TABELA 8).

O NVT é um dos componentes de produção e segundo Tejo et al. (2019) a quantidade de vagens, é dependente da quantidade de flores emitidas pelas plantas no início do período reprodutivo (florescimento). As médias deste caráter originou três grupos na PSF_{2:3}-A e dois grupos na PSF_{2:3}-B PSF_{2:3}-B.

De acordo com Matsuo; Ferreira; Sediyaama (2015) as cultivares nacionais apresentam em média um máximo de 80 vagens por planta. Para esta característica, na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, o maior valor apresentou 152 e 223 vagens, respectivamente, excedendo a média nacional e dos genitores. O NVT das progênes (67 vagens) na PSF_{2:3}-A foi acima da cultivar BRS256_{RR} (55 vagens) e abaixo da TMG1179_{RR} (86 vagens). De igual modo, na PSF_{2:3}-B o número de vagens totais dos genótipos foi de 91 vagens, sendo superior que a BRS7380_{RR} (67 vagens) e inferior a TMG1179_{RR} (108 vagens) (TABELA 8). Bambodkar et al. (2019) avaliaram o número de vagens totais em oito populações F₃ de soja e encontraram médias que oscilaram de 27,00 a 49,24 vagens, sendo inferiores as obtidas neste estudo para as duas populações.

Normalmente as cultivares de soja utilizada para produção de óleo e farelo apresentam o peso médio entre 12 a 20 g por 100 sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). O PGP, nas duas populações, apresentou a média dos genótipos e a maior média dentro do peso médio das cultivares de soja.

Para a PSF_{2:3}-A a média das progênes foi de 13 g sendo maior que a cultivar BRS256_{RR} (11 g) e menor que a TMG1179_{RR} (15g). Apesar disso, é possível praticar a seleção para este caráter, uma vez que, a maior média (28g) ultrapassou a média dos genitores. Já para a PSF_{2:3}-B a média das progênes (21 g) foi similar a BRS7380_{RR} e maior que a TMG1179_{RR} (17 g). Igualmente, a seleção é promissora nesta população, pois a maior média (49 g) destacou-se em relação as duas cultivares. Quanto à formação dos grupos, ocorreu o agrupamento de quatro e dois grupos distintos, para a PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, respectivamente (TABELA 8). Em experimento com sete populações F₄ e F₅ de soja Bárbaro et al. (2007a) encontraram médias de 18,25 g para a população 1; de 10,85 g para a população 2; de 12,16 g para a população 3; de 12,04 para a população 4; de 11,37 g para a população 5; de 17,11 g para a população 6 e de 7,84 g para a população 7.

No que se refere à PGL formaram-se dois grupos na PSF_{2:3}-A e nenhum grupo na PSF_{2:3}-B. A amplitude da variabilidade entre os genótipos para este caráter foi de 52

g a 241 g na PSF_{2:3}-A e de 66 g a 269 g na PSF_{2:3}-B. A PGL das progênies foram menores aos parentais na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B com 135 g e 158 g, respectivamente. Apesar disso, ambas populações, apresentaram a maior média superior aos parentais, com 241 g e 269 g, na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, respectivamente (TABELA 8).

Estimar as correlações entre os caracteres é extremamente relevante, visto que, permite ao melhorista o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado. De acordo com Nogueira et al. (2012) esta informação é útil já que o melhoramento tem como propósito melhorar um caráter principal, e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente. Além disso, conhecer as correlações entre caracteres é importante na avaliação de respostas indiretas em caracteres de baixa herdabilidade ou com problemas de identificação e/ou medição e, para o estabelecimento de estratégias de seleção mais adequadas para a condução de um programa de melhoramento (CRUZ et al., 2017).

Na Tabela 9, estão apresentadas as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agrônômicos de duas populações F_{2:3} de soja. A interpretação da correlação deve ser realizada com base em sua significância, direção e magnitude. A significância demonstra quando um coeficiente de correlação representa a relação entre dois caracteres de forma confiável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A direção é indicada pelo sinal que acompanha o coeficiente e, possibilita interpretar se a relação entre os caracteres acontece no sentido favorável, ou seja, de aumento para ambas, ou ainda desfavorável, quando o aumento para um caráter provoca um decréscimo de outro. E a magnitude, que é considerada alta acima de 0,7, entretanto, estimativa superior a 0,5 tem sido valorizada por permitir a seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

TABELA 9 - Estimativas de correlação fenotípica e genotípica entre caracteres agrônômicos em duas populações segregantes de soja (F_{2:3}) distintas, Uberlândia - MG.

PSF _{2:3} -A								
Caracteres		NDM	APM	NNM	NNP	NVT	PGP	PGL
NDF	rf	0.26**	0.11	0.29**	0.20	0.16	0.17	0.03
	rg	0.32	0.19	0.71 ⁺⁺	0.53 ⁺	0.33	0.28	- 0.07
NDM	rf		- 0.16	- 0.03	- 0.04	0.01	0.01	0.00
	rg		- 0.52 ⁺⁺	0.05	0.20	0.09	- 0.06	- 0.11
APM	rf			0.71**	0.59**	0.17	0.18	0.28**
	rg			0.89 ⁺⁺	0.81 ⁺⁺	0.18	0.20	0.50 ⁺⁺
NNM	rf				0.78**	0.10	0.15	0.13
	rg				0.88 ⁺⁺	0.20	0.37 ⁺	0.46
NNP	rf					0.10	0.19	0.12
	rg					0.19	0.44 ⁺	0.36
NVT	rf						0.88**	- 0.24*
	rg						0.95 ⁺⁺	- 0.72 ⁺
PGP	rf							- 0.15
	rg							- 0.63 ⁺
PSF _{2:3} -B								
Caracteres		NDM	APM	NNM	NNP	NVT	PGP	PGL
NDF	rf	0.56**	0.24*	0.27*	0.22	0.25*	0.22*	- 0.03
	rg	1.15 ⁺⁺	0.13	0.40	0.30	0.39	0.28	- 0.11
NDM	rf		0.05	0.09	0.04	0.01	0.03	- 0.02
	rg		- 0.05	0.11	- 0.07	0.21	0.36	0.12
APM	rf			0.75**	0.67**	0.11	0.09	0.24*
	rg			0.98 ⁺⁺	0.93 ⁺⁺	0.77	0.02	0.44
NNM	rf				0.91**	0.29**	0.20	0.02
	rg				0.99 ⁺⁺	0.55	0.34	0.16
NNP	rf					0.34**	0.31**	0.07
	rg					0.62	0.55	0.29
NVT	rf						0.85**	- 0.00
	rg						0.89 ⁺⁺	- 0.11
PGP	rf							- 0.10
	rg							- 0.59

** e *: significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo test t; ++: significativos a 1% pelo método de *bootstrap* com 5.000 simulações. NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APM: altura de plantas na maturidade (cm); NNT e NNP: número de nós totais e produtivos; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grão por planta e PGL: produção de grãos por linha. Fonte: A autora.

De modo geral, nas duas populações e em todos os caracteres, as magnitudes das correlações genotípicas se destacaram em relação às correlações fenotípicas, com exceção para o número de dias para o florescimento e número de nós na maturidade na PSF_{2:3}-B (TABELA 9). Isso indica que a maior contribuição no desenvolvimento das

associações destes caracteres é em virtude dos fatores genéticos e não ambientais. Resultados similares a este estudo foram encontrados em outras pesquisas com a soja (BISINOTTO et al., 2017; LEITE et al., 2015; MACHADO et al., 2017; NOGUEIRA et al., 2012; VIANNA et al., 2019).

A correlação genética é ocasionada, principalmente, pelo pleiotropismo, propriedade na qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características. Ou ainda, pela ligação gênica em situações de desequilíbrio, que é transitória e ocorre, sobretudo, em populações provenientes de cruzamentos divergentes. A correlação genotípica por envolver uma associação, de natureza herdável, é bastante utilizada em programas de melhoramento genético (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; MACHADO et al., 2017; MAHBUD et al., 2015; MEIER et al., 2019; RAMALHO et al., 2012).

As maiores correlações fenotípicas e genotípicas, significativa e de direção positiva foram observadas entre os caracteres que compõem a produtividade de grãos. Sendo que, para a PSF_{2:3}-A isto ocorreu entre NVT e PGP com 0,88 para a fenotípica e 0,95 para a genotípica e, na PSF_{2:3}-B entre NNT e NNP com correlação fenotípica de 0,91 e genotípica de 0,99 (TABELA 9).

De acordo com Cruz et al. (2017) as correlações fenotípicas são obtidas a partir das médias dos caracteres avaliados sendo necessário distinguir suas causas se genéticas ou ambientais. Foram obtidas 07 e 12 correlações fenotípicas significativas e de mesmo sentido (favorável) para a PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B, respectivamente (TABELA 9).

Apesar da possibilidade de considerar os níveis de significância nas estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas, os melhoristas de plantas tendem a valorizar mais a direção e a magnitude dos valores na análise das correlações (LOPES et al., 2002).

O caráter NDF na PSF_{2:3}-A apresentou correlação fenotípica significativa e de baixa magnitude (0,26) com NDM; significativa, de mesmo sinal (positivo) e com elevada magnitude de correlação genotípica (0,71) com NNM e, correlação genotípica acima de 0,5 com NNP (0,53). Já na PSF_{2:3}-B o NDF foi significativo, de sinal positivo e com magnitudes superiores para a correlação fenotípica (0,56) e genotípica (1,15) apenas com o NDM (TABELA 9).

De acordo com Carvalho et al. (2002) apesar da maior utilidade da correlação genotípica nas estratégias de seleção, em detrimento da correlação fenotípica, quando suas magnitudes não são semelhantes, ou seja, quando os caracteres são correlacionados

genotipicamente, mas não fenotipicamente, pode não haver valor prático para a seleção. Este fato, ocorreu na PSF_{2:3}-A, o que demonstra que a seleção direta a partir do NDF não seria viável. Além disso, o fato da herdabilidade do NDF ter sido baixa, em ambas populações, com 44,17% para PSF_{2:3}-A e de 56,07% para a PSF_{2:3}-B (TABELA 7), reforça que a seleção direta por meio do NDF, seria inviável e com pouco impacto sobre o ganho de seleção.

O objetivo principal dos programas de melhoramento genético de soja é buscar constantemente por cultivares com elevada produtividade de grãos associada a outras características como precocidade (BEZERRA et al., 2017; SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2013). Entretanto, de acordo com Lopes et al. (2002) existem impedimentos na seleção de genótipos que agreguem elevada produtividade de grãos e ciclos de maturação menores.

Este fato foi constatado neste estudo, isso porque, o caráter NDM, não obteve correlação linear e de alta magnitude com os componentes de produção (NNP e NVT) e nem com a PGL, o que inviabiliza a seleção direta de menores ciclos para o alcance de maiores rendimentos de grãos (TABELA 9). Na PSF_{2:3}-A, observou-se correlação fenotípica acima de 0,5 e em direção negativa (-0,52) entre NDM e APM. Ainda assim, a seleção pelo NDM não seria bem sucedida, isso porque, este caráter apresentou herdabilidade baixa de 31,02% (TABELA 7) e, conseqüentemente teria baixo ganho de seleção.

Estes resultados corroboram com os obtidos por Pereira et al. (2017) ao estudarem correlação de qualidade fisiológica da sementes e caracteres agrônômicos em duas populações segregantes F₃ e F₄ de soja. Para população F₃, estes autores, observaram correlação fenotípica não significativa, de baixa magnitude (-0,014) e em sentido desfavorável entre os caracteres NDM e APM e, correlação fenotípica significativa e com magnitude de 0,321 entre o NDM e NVT. Para a população F₄ encontraram correlação não significativa e baixa (0,044) entre NDM e APM e, para os caracteres NDM e NVT a correlação também foi não significativa de baixa magnitude (-0,176) e em sentido desfavorável.

Em ambas populações, o caráter APM correlacionou-se com NNM e NNP com correlações significativas, de alta magnitude, fenotípica e genotípica e com direção positiva, nas PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B (TABELA 9), apontando que a seleção de plantas mais altas ocasionaria a obtenção de plantas com maior quantidade de internódios na maturidade e nós produtivos. Ainda, as herdabilidades altas para APM, nas duas

populações, com 77,45% para a PSF_{2:3}-A e 60,20% para a PSF_{2:3}-B (TABELA 7), enfatizam que a seleção da APM é interessante e deve ser praticada, pois ocasiona seleção de genótipos superiores com ganho de seleção relevante para NNM e NNP. Ainda, na PSF_{2:3}-A observou-se correlação fenotípica significativa, com correlação genotípica de 0,50 entre APM e PGL. Já para PSF_{2:3}-B o caráter APM apresentou correlação genotípica de alta magnitude com NVT (0,77) (TABELA 9).

Resultados similares aos obtidos neste estudo foram encontradas por Peric et al. (2016) que realizaram estudo de correlação em duas populações segregantes F₄ de soja, encontraram para a população 1 correlação genotípica de 0,717 e fenotípica de 0,927 entre APM e NNP e de 0,566 e 0,731 para correlação genotípica e fenotípica respectivamente entre APM e NVT. Já na população 2 as correlações entre APM e NNP foram de 0,740 e 0,816 para a genotípica e fenotípica, concomitantemente e, de 0,808 para a fenotípica e de 0,855 para a genotípica entre APM e NVT.

O caráter NNM correlacionou-se com NNP, com correlações fenotípicas significativas de direção positiva e magnitudes superiores a 0,7 em ambas populações (TABELA 9). Ainda, observou-se, na PSF_{2:3}-B, correlação fenotípica significativa em sentido favorável e com correlação genotípica (0,55) entre NNM e NVT. Entretanto, como a herdabilidade do NNM, foi baixa para as duas populações com 55,15% para a PSF_{2:3}-A e de 41,97% na PSF_{2:3}-A (B) (TABELA 7), a seleção indireta de plantas com maior quantidade de nós na maturidade para a obtenção de plantas com elevado número de nós produtivos e vagens, não seria vantajosa e nem ocasionaria ganhos de seleção expressivos.

Nas duas populações observou-se ausência de relação linear entre NNP não correlacionou-se com PGP a e nem com PGL, constatando que a seleção com base no número de nós produtivos não acarretaria em plantas com maiores rendimentos de grãos (TABELA 9). Porém, na PSF_{2:3}-A, dentre todos os caracteres, o caráter PGP, alcançou a maior herdabilidade com 63,72% (TABELA 7). Sabe-se que herdabilidade elevada para a produção de grãos não é comum, por ser, um caráter quantitativo, ou seja, governado por muitos genes, portanto, muito influenciado pelo ambiente (CARVALHO et al., 2009). Entretanto, como observou-se o contrário neste estudo, a estratégia de seleção direta da PGP seria melhor, uma vez que, ocasionaria em maior ganho de seleção.

O caráter NVT com PGP alcançou correlação significativa em sentido favorável e com correlações fenotípicas e genotípicas de magnitudes superiores a 0,8 nas duas

populações. Apesar disto, este mesmo caráter (NVT) não se correlacionou com PGL e apresentou direção negativa, nas populações estudadas. Ainda, o caráter PGP também não se correlacionou com PGL e apresentou sentido desfavorável, na PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B (TABELA 9), o que indica pouca participação deste caráter sobre a produção final das plantas. Estes resultados podem ser consequência da elevada segregação, ou seja, alta variabilidade genética existente dentro da linha de 1,5 m, já que, trata-se de populações em geração precoce F₃, as quais, ainda apresentam uma alta frequência de indivíduos heterozigotos.

Apesar da grande utilidade da correlação no melhoramento de plantas, ela não quantifica os efeitos diretos e indiretos de cada caráter sobre uma variável resposta. A análise de trilha permite tal propósito, visto que, realiza uma avaliação mais detalhada das correlações e assim viabiliza o processo de seleção de forma eficaz e propícia.

Na Tabela 10 encontram-se o desdobramento das correlações fenotípicas em componentes de efeito direto e indireto das variáveis independentes explicativas: NDF, NDM, APM, NNM, NNP e NVT sobre a variável dependente principal PGP, nas duas populações F_{2:3}.

TABELA 10 - Desdobramento das correlações fenotípicas em componentes de efeito direto e indireto das variáveis explicativas NDF, NDM, APM, NNM, NNP e NVT sobre a variável principal PGP, em duas populações F_{2:3} de soja, conduzidas em Uberlândia - MG.

Caracteres	Efeito fenotípico	
	PSF _{2:3} -A	PSF _{2:3} -B
Efeito direto de NDF sobre PGP	0.01	- 0.01
Efeito indireto via NDM	0.00	0.03
Efeito indireto via APM	- 0.00	0.03
Efeito indireto via NNM	0.00	- 0.13
Efeito indireto via NNP	0.02	0.06
Efeito indireto via NVT	0.14	0.18
Total	0.17	0.22
Efeito direto de NDM sobre PGP	0.00	0.05
Efeito indireto via NDF	0.00	- 0.00
Efeito indireto sobre APM	0.00	0.00
Efeito indireto via NNM	- 0.00	- 0.04
Efeito indireto via NNP	- 0.00	0.01
Efeito indireto via NVT	0.01	0.01
Total	0.01	0.03
Efeito direto de APM sobre PGP	- 0.01	0.23
Efeito indireto via NDF	0.00	- 0.00
Efeito indireto via NDM	- 0.00	0.00

Efeito indireto via NNM	0.00	- 0.35
Efeito indireto via NNP	0.06	0.20
Efeito indireto via NVT	0.15	0.08
Total	0.18	0.09
Efeito direto de NNM sobre PGP	0.00	- 0.46
Efeito indireto via NDF	0.00	- 0.00
Efeito indireto via NDM	- 0.00	0.00
Efeito indireto via APM	- 0.00	0.09
Efeito indireto via NNP	0.08	0.26
Efeito indireto via NVT	0.08	0.22
Total	0.15	0.20
Efeito direto de NNP sobre PGP	0.10	0.29
Efeito indireto via NDF	0.00	- 0.00
Efeito indireto via NDM	- 0.00	0.00
Efeito indireto via APM	- 0.00	0.08
Efeito indireto via NNM	0.00	- 0.42
Efeito indireto via NVT	0.09	0.25
Total	0.19	0.31
Efeito direto de NVT sobre PGP	0.85	0.75
Efeito indireto via NDF	0.00	- 0.00
Efeito indireto via NDM	0.00	0.00
Efeito indireto via APM	- 0.00	0.01
Efeito indireto via NNM	0.00	- 0.14
Efeito indireto via NNP	0.01	0.10
Total	0.88	0.86
Coeficiente de determinação (R^2)	0.80	0.80
Efeito residual	0.43	0.44

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APM: altura de plantas na maturidade (cm); NNM e NNP: número de nós na maturidade e produtivos; NVT: número de vagens totais e PGP: produção de grãos por planta. Fonte: A autora.

Em ambas populações, o coeficiente de determinação (R^2) foi similar e revela que 80% da variável básica produção de grãos por planta é explicado pelo efeito dos caracteres agrônômicos analisados. O efeito residual, em ambas as populações, foram baixos com 0,43 para a PSF_{2:3}-A e de 0,44 para a PSF_{2:3}-B (TABELA 10). Estes resultados atestam condição favorável para a análise de trilha devido à existência de fortes relações de causa e efeitos entre as variáveis analisadas com a variável básica PGP (MACHADO et al. 2017; ZUFFO et al., 2018, 2020).

De acordo com Nogueira et al. (2012) a partir do conhecimento dos efeitos causados nos caracteres secundários sobre os primários é possível identificar caracteres

que podem potencializar a resposta correlacionada em um programa de melhoramento genético.

O caráter NVT obteve a maior relação de causa e efeito sobre a variável principal PGP, em ambas populações, isso porque, apresentou efeito direto superior ao efeito residual. Na PSF_{2:3}-A, o efeito direto do NVT sobre PGP, foi de 0,85 e o efeito residual de 0,43 e, para a PSF_{2:3}-B, o efeito direto foi de 0,75 e efeito residual de 0,44 (TABELA 10). Estes resultados corroboram com os obtidos na análise de correlação, no qual a seleção direta de plantas com maior número de vagens ocasiona a seleção indireta de plantas com maior produção de grãos por planta (TABELA 7).

Nogueira et al. (2012) e Teodoro et al. (2015) também concluíram que o caráter número de vagens por planta tem potencial para a seleção indireta de genótipos de soja mais produtivos, visto que, alcançaram efeito direto superior ao efeito residual.

Apesar do efeito direto positivo e de elevada magnitude do NVT sobre a PGP, na PSF_{2:3}-A, a seleção direta com base neste caráter ocasionou diminuição da APM devido ao efeito indireto negativo sobre este caráter. E na PSF_{2:3}-B a seleção direta com base no NVT provoca redução do ciclo vegetativo, desejável no melhoramento da soja, porém, ocorre efeito indireto negativo sobre o NNM (TABELA 10). Estes resultados reforçam os obtidos nas análises de correlações fenotípicas (TABELA 9).

Observou-se correlações fenotípicas significativas e com magnitude acima de 0,7 entre APM e NNM com 0,71 e 0,75, respectivamente para a PSF_{2:3}-A e PSF_{2:3}-B (TABELA 9). Entretanto, o desdobramento da correlação demonstrou que a seleção direta de APM sobre PGP acarreta efeito indireto negativo sobre o NNM na PSF_{2:3}-B. E, que a seleção direta de NNM sobre PGP provocou efeito indireto negativo sobre APM na PSF_{2:3}-A (TABELA 10).

Do mesmo modo, as estimativas de correlações indicaram que a seleção de plantas com maior NNM proporciona plantas com maior quantidade de nós produtivos NNP, obtendo correlação fenotípica significativa e de elevada magnitude entre estes caracteres na PSF_{2:3}-A (0,78) e PSF_{2:3}-B (0,91) (TABELA 9). Apesar disto, na PSF_{2:3}-B a análise de trilha demonstrou que o efeito direto de NNP sobre PGP gerou efeito indireto negativo sobre NNM (-0,42) (TABELA 10).

Os resultados obtidos na análise de trilha revelaram que a alta correlação entre dois caracteres pode ser resultado do efeito indireto de um terceiro caráter ou de um grupo de caracteres. Isso demonstra que, a correlação não quantifica estes efeitos podendo ocasionar equívocos na seleção de genótipos ideótipo, reforçando então a

relevância, da análise de trilha, em evidenciar as verdadeiras relações de causa e efeito dos caracteres.

4. CONCLUSÕES

Para a PSF_{2:3}-A: BRS256_{RR} x TMG1179_{RR} a seleção indireta para produção de grãos por planta é indicada por meio do caráter número de vagens totais.

Para a PSF_{2:3}-B: BRS7380_{RR} x TMG1179_{RR} a seleção indireta do número de nós produtivos é recomendada mediante o número de nós na maturidade.

O caráter número de vagens totais, em ambas populações, é útil na seleção de progênies superiores quanto ao rendimento de grãos.

REFERÊNCIAS:

- BAMBODKAR, P.P.; KAMDI, S.R.; PATIL, S.R.; MESHARAM, M.P.; DEOTALE, R.D.; BISANE, R.D.; PAWAR, V.S. Genetic variability studies in F₃ segregating generations in soybean for yield and its components. **Journal of Soils and Crops**, PO Nagpur, v.29, n.2, p.366-370, 2019.
- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P.; DI MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; MUNIZ, F. R. S.; SILVEIRA, G. D.; SARTI, D. G. P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, p. 136-145, 2007a.
- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. C.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F₅ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v.54, n. 313, p.250-261, 2007b.
- BERGAMASCHI, H. **Fenologia**. In: BERGAMASCHI, H.; BERGONCI, J.I. (ed) As Plantas e o Clima: Princípios e Aplicações. Guaíba: Agrolivros, 2017. 95-115 p.
- BEZERRA, A.R.G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Atributos agrônômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 506-528.
- BISINOTTO, F.F.; HMAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; GLANSENAPP, J.S.; HAMAWAKI, C.D.L. Path analysis and traits correlation in soybean. **Communications in Plant Sciences**, Jaboticabal. v. 7, 27-33 p., 2017. DOI: <https://doi.org/10.26814/cps2017005>
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV. 2017. 523 p.
- BOLOGNA, S.B.; ROJAS, E.; SOLDINI, D.O.; GILLI, J.R.; SEQUIN, L.; MARTINEZ ALVAREZ, D.L. Development of soya germplasm without lipoxigenases and antinutritional factors. **Journal of Basic & Applied Genetics**, Buenos Aires, v.25, n.1, p.9-20, 2014.
- CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; VELLO, N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.3, p.311-320, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002000300012>
- CARVALHO, A.D. F.; GERALDI, I. O.; SANTOS, V. S. Avaliação de progênies F_{2:4} e F_{4:6} de soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia**, Campinas, v. 68; n.4, p.857-861, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052009000400005>

CARGNELUTTI FILHO, A.;JUNIOR, R.L.C. B.; DAL'COL LÚCIO, A. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.10, p.1413-1421, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012001000001>

COSTA, M.M.; DI 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-crosses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v.61, n.1p. 101-108, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100012>

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

CRUZ, C.D.; RODRIGUES, H.S.; ROSADO, R.D.S.; BHERING, L.L. Biometria aplicada ao melhoramento genético. *In*: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed) **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV 2017, p. 249-287.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. **Cultivares de Soja – Regiões Sul e Central do Brasil 2010/2011**. Londrina: Embrapa Soja, 2010.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013, 265p., ISSN 2176-2902. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/en/busca-de-publicacoes//publicacao/975595/tecnologias-de-producao-de-soja---regiao-central-do-brasil-2014>>. Acesso em: 21 ago. 2020.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. **Cultivares de Soja Centro-Sul do Brasil – Macrorregiões 1,2 e 3 e REC 401**. Londrina: Embrapa Soja, 2019, 35 p.. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/206337/1/Catalogo-4-Soja-2019-OL.pdf>>. Acesso em: 23 ago. 2020.

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

HAKIM, L.; SUYAMTO. Heritability and expected genetic advances of quantitative traits in F4 progenies of soybean crosses. **Journal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan**, Bogor, v.31, n.1, p. 22-26, 2012.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE (2020). **Cidades**. Disponível em: < <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mg/uberlandia/panorama> >. Acesso em: 29 de nov, 2020, [s.l.; s.e].

LEITE, W. S.; PAVAN, B.E.; FILHO, C.H.A.M.; NETO, F. A.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F.S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F₈ de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, 302-310 p., 2016. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LEITE, W. S.; PAVAN, B.E.; MATOS FILHO, C.H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Mato Grosso, v.3, n.4, p. 241-245, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

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

LUIZ M.C.P.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.; MATTOS, T.P.; COSTA S.C.; PIERDONÁ, F.G.; HAMAWAKI, R.L.; HAMAWAKI, C.D.L. Efeito da época de semeadura e população de plantas sobre o potencial produtivo e caracteres agrônômicos em soja. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.36, n.1, p.161-172, 2020.

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

MAHBUD, M.M.; RAHMAN, M.M.; HOSSAIN, M.S.; MAHMUD, F.; MIR KABIR, M.M. Genetic variability, correlation and path analysis for yield and yield components in soybean. **American-Eurasian J. Agric. & Environ. Sci.**, Aleppo, v.15, n.2, p. 231-236, 2015.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, p. 27-53.

MEIER, C.; MEIRA, D.; MACHIORO, V.S.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L.A.; MORO, E.D.; LUNKES, A.; RIGATTI, A.; BELLO, R.F.; BUENO, R. B.; SOUZA, V.Q. Performance agrônômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra. **Revista de Ciências Agrárias**, Fortaleza, v.42, n.4 p.933-941, 2019.

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

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, M.M.; SOUSA, L.B.; REIS, M.C.; SILVA JUNIOR, E.G.; CARDOSO, D.B.O.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n.2 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16029661>

PEREIRA, E.M.; SILVA, F.M.; VAL, B.H.P.; PIZOLATO NETO, A.; MAURO, A.O; MARTINS, C.C.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Canonical correlations between agronomic traits and seed physiological quality in segregating soybean populations. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n.2, 2017.

PERIC, V.; DRINIC, S.M.; SREBRIC,M.; DRAGICEVIC, V. Correlation between seed yield and its components in F₄ progenies of two soybean crosses. *In*: **51° Croatian and 11° International Symposium on Agriculture. Opatija**, Croatia, p. 160-163, 2016.

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: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A.P.; BRUZI, A. T.; TEIXEIRA, R. K. S. Genética quantitativa no melhoramento. *In*: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.) **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 147-172.

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

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

SMIDERLE, O. J.; SOUZA, A. G.; GIANLUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K.N.A. C.; GOMES, H. H. S. Correlações entre componentes de produção de soja BRS Tracajá e diferentes densidades de plantas no Cerrado Roraima. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v.9, n.1, p.34-40, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21206/rbas.v9i1.3065>

SPEHAR, C. R., FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. **Journal of Agricultural Science**, Ontário, v. 153, p. 1059-1068, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1017/S0021859614000781>

SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; CARDOSO, D.B.O.; DIAS, A.C.; OLIVEIRA, V.; BATISTA, R.O.; BONETTI, A.M. HAMAWAKI, R.L. Microsatellites and phenotypic characteristics used to select soybean lines in a Brazilian university breeding program. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.19, n.1, 2020. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr18105>

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. **Bragantia**, Campinas, v. 70, p. 753-758, 2011. DOI:

TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO - TMG (2020). Cultivares de soja. Disponível em:<<http://www.tmg.agr.br/ptbr/cultivares/soja>>. [s.l; s.e]. Acesso em: 27 ago. 2020.

TEJO, D.P.; FERNANDES, C.H. S.; BURATTO, J.S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**

da Faculdade de Ensino Superior e Formação Integral - FAEF, Garça, v.35, n.1., 2019.

TEODORO, P.E.; RIBEIRO, L.P.; CORRÊA, C.C.G.; LUIZ 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, n. 3, p. 794-799, 2015. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n1a2015-26094>

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 406 p.

VIANNA, M.S.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L. B.; GOMES, G.F.; GLASENAPP, J.S.; HAMAWAKI, R. L.; SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic parameters, and correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 35, n.5, p. 1300-1314, 2019. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42656>

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 Agrônômica**, Ilha Solteira, v.27, n.1, p.78-90, 2018. DOI: <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90>

ZUFFO, A.M.; AGUILERA J.G.; RATKE, R.F.; STEINER, F.; OLIVEIRA, A. M.; FONSECA, W.L. Análise de trilha em soja submetida a fontes e doses de nitrogênio inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum* em solos com diferentes níveis de fertilidade. **Research, Society and Development**, São Paulo, v. 9, n. 7, 2020. DOI: <https://doi.org/10.33448/rsd-v9i7.3813>

CAPÍTULO 4: Estratégias de seleção em caracteres agronômicos em progênies F_{2:4} de soja transgênica RR

RESUMO

Os índices de seleção agregam as informações relativas a múltiplos caracteres de importância agrônômica e, com isto, conseguem realizar a seleção simultaneamente de um conjunto de variáveis, independentemente da existência ou não de correlação entre estes. Os objetivos foram verificar o potencial genético de caracteres agronômicos e selecionar progênies F_{3:4} de soja com base em diferentes estratégias de seleção. O experimento foi conduzido em campo na fazenda experimental Capim Branco da UFU. Foram semeadas 123 progênies e os genitores, BRS256_{RR} e TMG1179_{RR}, em blocos casualizados com duas repetições. Foram avaliados o número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; a altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; a altura de inserção da primeira vagem; o número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; o número de vagens totais; a produção de grãos por planta e a produção de grãos por linha. Os dados foram submetidos à análise de variância, teste de agrupamento de médias de Scott-knott e estimativas de parâmetros genéticos. Posteriormente, foram estimados os ganhos de seleção direta e indireta e os índices de seleção de soma de “*ranks*” e da distância genótipo-ideótipo. Constatou-se efeito significativo ao nível de 1% e 5% pelo teste F entre as progênies F_{3:4} para a maioria dos caracteres agronômicos. As herdabilidades oscilaram de 5,16% para número de nós na maturidade a 60,64% para número de vagens totais. A seleção direta ocasionou os maiores ganhos individuais em relação à seleção indireta para os caracteres número de dias para o florescimento (-2,32%); altura de inserção da primeira vagem (12,93%); número de nós produtivos (4,38%); número de nós ramificados (16,81%) e número de vagens totais (18,06%). A seleção direta para a altura de plantas no florescimento promoveu o maior ganho indireto para produção de grãos por linha com 11,29%. Os ganhos de seleção direta pelos índices, soma de “*ranks*” e do genótipo-ideótipo, foram inferiores para todos os caracteres quando, comparados aos ganhos da seleção direta e indireta. O índice do genótipo-ideótipo apresentou os maiores ganhos individuais para os caracteres, número de vagens totais, número de nós ramificados, produção de grãos por planta e produção de grãos por linha. O índice de soma de *ranks*, se destacou por alcançar o maior ganho total com 37,11%, contra 36,95% do índice do genótipo-ideótipo. Ainda, o índice do genótipo-ideótipo obteve menor ganho (-0,48%) para o caráter número de dias para o florescimento comparado ao índice de soma de “*ranks*” (-0,54%) e, alcançou ganho negativo para o atributo altura de inserção da primeira vagem com -1,82%. O potencial genético da população F_{3:4} é elevado e permite aplicar distintas estratégias de seleção no alcance de genótipos superiores. As progênies UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 e UFU 37 foram selecionadas por ambos índices de seleção. As progênies UFU 72, UFU 90, UFU 88 e UFU 69 são agronomicamente superiores tanto na seleção direta e indireta, quanto nos índices de seleção de soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e do genótipo-ideótipo.

Palavras-chave: *Glycine max*. seleção direta e indireta. ganhos de seleção.

CHAPTER 4: Selection strategies in agronomic traits in F_{2:4}progenies of transgenic soybean RR

ABSTRACT

The selection indexes aggregate information related to multiple characters of agronomic importance and, with this, they are able to carry out the selection of a set of variables simultaneously, regardless of the existence or not of correlation between them. The objectives of this work were to verify the genetic potential of agronomic traits and to select soybean F_{3:4} progenies based on different selection strategies. The experiment was conducted in the field at UFU's Capim Branco experimental farm. 123 progenies and the parents BRS256_{RR} and TMG1179_{RR} were sown, in randomized blocks with two replicates. The number of days to flowering and maturity, respectively; plant height at flowering and maturity, respectively; first pod height; the number of mature, productive and branched nodes, respectively; the number of total pods; grain production per plant and grain production per line were evaluated. The data were subjected to analysis of variance, Scott-knott means cluster test and genetic parameter estimates. Subsequently, the gains of direct and indirect selection and the selection indexes for the sum of "ranks" and the genotype-ideotype distance were estimated. The analyzes were performed using the Genes program. There was a significant effect at the level of 1% and 5% by the F test among the F_{3:4} progenies for most agronomic traits. Heritability ranged from 5.16% for the number of nodes at maturity to 60.64% for the number of total pods. The lowest CVg (%) was 1.29% for the number of days to maturity and the highest for the number of branched nodes, with 20.06%. The direct selection caused the biggest individual gains in relation to the indirect selection, for the characters number of days for flowering (-2.32%); height of the first pod (12.93%); number of productive nodes (4.38%); number of branched nodes (16.81%) and number of total pods (18.06%). The direct selection for the height of plants in flowering promoted the greatest indirect gain for grain production per line with 11.29%. The gains of direct selection by the indexes, the sum of "ranks" and the genotype-ideotype, were lower for all characters when compared to the gains of direct and indirect selection. The genotype-ideotype index showed the highest individual gains for the characters number of total pods, number of branched nodes, grain production per plant and grain production per row. The rank sum index stood out for achieving the highest total gain with 37.11%, against 36.95% for the genotype-ideotype index. Still, the index of the genotype-ideotype obtained less gain (-0.48%) for the character number of days to flowering compared to the sum index of "ranks" (-0.54%) and reached negative gain for the height attribute of insertion of the first pod with -1.82%. The genetic potential of the F_{3:4} population is high and allows different selection strategies to be applied to reach superior genotypes. The progenies UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 and UFU 37 were selected by both selection indexes. The UFU 72, UFU 90, UFU 88 and UFU 69 progenies are agronomically superior both in direct and indirect selection, as in Mulamba & Mock (1978) and genotype-ideotype summation index of ranks.

Keywords: *Glycine max.* direct and indirect selection. selection gains.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é um dos grãos mais consumidos no mundo e, sua demanda continua em expansão. Em 2019/20 o consumo mundial desta leguminosa foi de 353,9 milhões de toneladas e, a estimativa para 2020/21 é consumir 369,0 milhões de toneladas. O Brasil é o terceiro maior consumidor com 46,5 milhões de toneladas de soja consumidas em 2019/20 (USDA, 2020). Para atender toda esta demanda é imprescindível que os programas de melhoramento desenvolvam constantemente genótipos superiores, para tanto, a seleção com êxito faz-se necessária.

No melhoramento genético de plantas, o sucesso reside na existência de variabilidade genética que possibilita a seleção de genótipos superiores. Os indivíduos selecionados devem reunir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para elevar o rendimento e satisfazer as exigências do mercado (CRUZ, 2013). Um das estratégias que proporcionam este tipo de seleção é o uso dos índices de seleção.

Os índices de seleção agregam as informações relativas a múltiplos caracteres de importância agrônômica com as propriedades genéticas da população avaliada, com isto, conseguem realizar a seleção simultaneamente de um conjunto de variáveis, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Por conseguir tal feito, os índices de seleção, identificam de maneira rápida e eficiente, as progênies que podem ser mais adequadas aos propósitos do melhorista aumentando a chance de êxito do programa de melhoramento genético (BIZARI et al., 2017; CRUZ, 2013; LEITE et al., 2016; LEITE et al., 2018; TEIXEIRA et al., 2017b).

Em soja, diversos autores já demonstram a potencialidade desta estratégia de seleção. Teixeira et al. (2017b) utilizaram índices de seleção para realizar a seleção de genótipos de soja no município de Uberlândia – MG. Os autores utilizaram os índices de Smith (1936) e Hazel (1943); Soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978); Willians (1962) e da Distância genótipo-ideótipo em dez caracteres de soja e obtiveram ganhos de seleção totais de 42,44%; 49,56%; 47,81% e 59,38% para cada um dos índices, respectivamente.

Bizari et al. (2017) compararam diferentes estratégias de seleção como seleção direta e indireta; índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943); índice baseado em soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978); índice de Willians (1962); índice baseados nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) e o índice da distância

genótipo- ideótipo (Cruz, 2013) em sete populações segregantes de soja em geração F₅. Os autores concluíram que os índices de Smith e Hazel e de Willians apresentaram as menores variações quanto aos ganhos e, que o índice de soma de “*ranks*” proporcionou os ganhos mais favoráveis.

Desta forma, devido alta demanda e da relevância desta cultura é fundamental distinguir a melhor estratégia de seleção para o alcance de maiores ganhos genéticos e genótipos com altos rendimentos aliado a outras características agronômicas de importância no programa de melhoramento. Com base no exposto, os objetivos deste trabalho foram verificar o potencial genético de caracteres agronômicos e selecionar progênies F_{3:4} de soja com base em diferentes estratégias de seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Localização dos experimentos

O experimento foi conduzido em campo na fazenda experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia - UFU, localizada no município de Uberlândia – MG, situada na latitude 18° 53'19"S, longitude 48°20'57"W, com altitude de 835 m (INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE, 2020).

2.2 Tratamento e delineamento experimental

Avaliaram-se 123 progênes $F_{3:4}$ originada da hibridação artificial entre BRS256_{RR} (♀) x TMG1179_{RR} (♂) mais os dois genitores, em blocos casualizados (DBC) com duas repetições. Cada parcela foi constituída por uma linha de 1,5 m de comprimento representada por uma progênie $F_{3:4}$ da população em estudo ou pelo genitor, com espaçamento entrelinhas de 0,5 m e com densidade média de 10 sementes a cada 0,5m.

2.3 Instalação e condução dos experimentos

A semeadura ocorreu em 15 de setembro de 2019 em campo sobre solo Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. O solo foi previamente preparado de maneira convencional, com uma aração profunda e duas gradagens. A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura, empregando-se 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 4–20–20.

As sementes foram previamente tratadas com fungicida com o ingrediente ativo Fludioxonil na dosagem de 200 mL 100 kg⁻¹ de semente. A inoculação foi realizada no sulco de semeadura com pulverizador manual costal de 20L com inoculante líquido contendo as CEPAS 5079 e 5080 da bactéria *Bradyrhizobium japonicum* com dose de 300 mL ha⁻¹.

A semeadura foi manual e para a distribuição do material genético em campo foi utilizado o esquema de parcelas de progênes com parcelas dos genitores intercalados. A cada 15 parcelas de progênes $F_{3:4}$ foi colocada uma parcela da genitor, totalizando cinco parcelas de cada um dos genitores/bloco.

Logo após a semeadura com o auxílio do pulverizador manual costal de 20L foi

aplicado herbicida composto por S-Metolaclopro visando o controle de plantas daninhas, na dosagem de 0,2 L ha⁻¹. E 20 dias após semeadura aplicou-se herbicida seletivo pós-emergente com ingrediente ativo Haloxifop-P-Metílico para controle de plantas daninhas de folhas estreitas. Ainda, foram realizadas três capinas manuais efetuadas em 05 e 18 de outubro de 2019 e em 27 de novembro de 2019.

No dia 18 de outubro de 2019 foi aplicado via foliar Cobalto (Co) e Molibdênio (Mo) na dosagem 150 mL ha⁻¹ em pulverizador trator com vazão de 250L. E em 26 de outubro de 2019 foi realizada adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço na dose de 100 kg ha⁻¹.

O manejo fitossanitário foi realizado com aplicações de produtos químicos comerciais por meio de pulverizador de barra com 150 L de calda. Foi aplicado a cada 15 dias fungicida com ingrediente ativo Mancozebe, na dosagem de 1,5 kg ha⁻¹ e o fungicida composto por Trifloxistrobina e Protiocanazol com dose de 0,4 L ha⁻¹. Para o controle de mancha púrpura da semente (*Cercospora kikuchii*) e oídio (*Microspheera diffusa*) foram aplicados fungicidas com composição de Piraclostrobina e Epoxiconazol na dosagem de 0,6 L ha⁻¹ e o composto por Azoxistrobina e Ciproconazol na dose de 0,2 L ha⁻¹. Foram aplicados a cada 15 dias inseticidas com ingrediente ativo Acefato, na dosagem de 750 g ha⁻¹ e o com Tiametoxam e Lambda-Cialotrina na dose de 200 mL ha⁻¹.

Ao longo dos dois primeiros meses do ciclo da cultura utilizou-se irrigação por sistema de aspersão a cada três com 25 milímetros (mm) de água durante 1 hora. Com o início das chuvas a irrigação foi cessada. Na FIGURA 8 encontra-se os dados de precipitação pluvial e temperatura média do ar durante a realização do experimento.

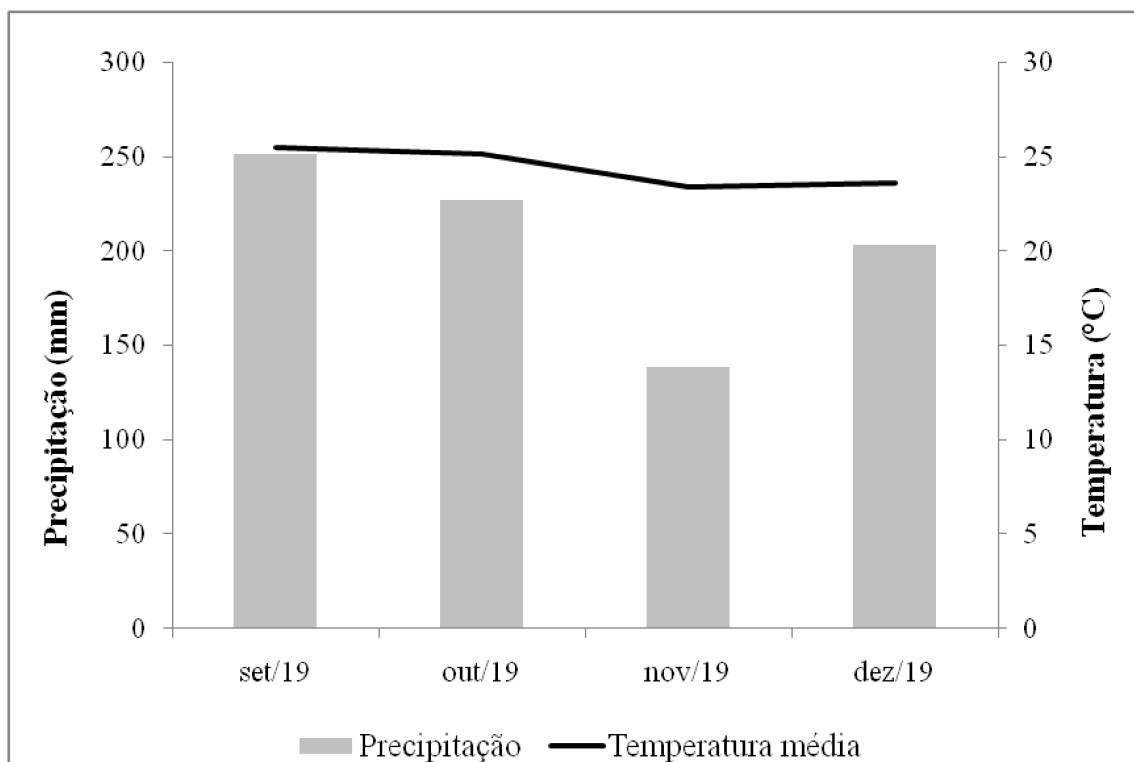


FIGURA 8 - Temperatura média (°C) e precipitação (mm) de setembro à dezembro de 2019, durante condução em campo das PSF_{3:4}, na Fazenda Capim Branco – UFU em Uberlândia – MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental – CLIMA da UFU.

2.4 Avaliações fenotípicas dos genitores e progênes F_{3:4}

Foram amostradas e identificadas com fita de cetim colorida duas plantas fenotipicamente superiores e que entraram primeiro no estágio fenológico reprodutivo R1 (FEHR; CAVINESS, 1977) para avaliações dos seguintes caracteres agrônômicos:

- Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) no qual os cotilédones estão acima da superfície do solo até o aparecimento da primeira flor na haste principal (estádio fenológico reprodutivo R1);
- Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) até a maturidade quando 95% de vagens da soja atinge a cor de vagem madura (estádio fenológico reprodutivo R8);
- Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua, a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade da haste principal (meristema apical) quando as plantas atingirem o florescimento (R1);
- Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros (cm), com

auxílio de régua a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade do meristema apical, na maturidade (R8);

- Altura de inserção da primeira vagem (AIV): altura medida em centímetros (cm), com auxílio de régua, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- Número de Nós na Maturidade (NNM): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
- Número de Nós Produtivos (NNP): obtida pela contagem de todos os nós ou ramos na haste principal que apresentavam a presença de vagens (R8);
- Número de Nós Ramificados (NNR): obtida pela contagem de todos os nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);
- Número de vagens (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta;
- Produção de grãos por planta (PGP): massa dos grãos em gramas (g), produzido pelas duas plantas da parcela útil;
- Produção de grãos por linha (PGL): massa dos grãos em gramas (g), produzido por todas as plantas da parcela.

Para definição dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos das plantas, foi utilizada a escala de Fehr e Caviness (1977).

Os dados para cada um dos caracteres agronômicos avaliados foram submetidos a análise de variância (ANOVA), considerando os efeitos de genótipos aleatório, conforme o modelo estatístico abaixo:

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

Em que:

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

μ : média geral da caráter;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i ;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j ;

ε_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Foi estimado o parâmetro coeficiente de variação genotípica (CV_g)

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

Em que:

CV_g : Coeficiente de variação genético;

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

m : média observado do caráter.

Ainda, foi estimado o parâmetro herdabilidade no sentido amplo com base na equação a seguir:

$$H^2 = \frac{\sigma_g^2}{QMT/r}$$
$$\sigma_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r}$$

Em que:

H^2 : Herdabilidade;

σ_g^2 : variância genética;

QMT : quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR : quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r : número de repetições.

As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por diferentes estratégias de seleção: 1) Seleção direta e indireta (CRUZ, 2006); 2) índice da soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e 3) índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006). O

critério de seleção utilizado foi reduzir os caráter NDF e aumentar os caracteres APF, AIV, NNP, NNR, NVT, PG/planta e PG/linha.

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

$$GS_j = (X_{si} - X_{oi})h_i^2 = DS_j h_i^2$$

Em que:

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

X_{oi} : média original da população;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população;

h_i^2 : herdabilidade do caráter i .

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

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

Em que:

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

Para o índice de somas de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) foram somadas as ordens de cada progênie, resultando no índice de seleção, como descrito abaixo:

$$I_i = r_{i1} + r_{i2} + \dots + r_{in}$$

Em que:

I_i : valor do índice para a progênie i ;

r_{ij} : classificação (ou “*rank*”) da progênie i em relação ao j -ésimo caráter;

n : número de caracteres considerado no índice.

Os pesos foram dados por:

$$I_i = p_{i1}r_1 + p_{i2}r_2 + \dots + p_{in}r_n$$

Em que:

p_j : peso econômico atribuído ao j -ésimo caráter.

No índice da distância genótipo-ideótipo (DGI) (CRUZ, 2006), foram calculados a média e o máximo e o mínimo dos valores para cada variável. Considerou-se X_{ij} como o valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima característica. Também considerou-se o valor Y_{ij} que representa o valor fenotípico médio transformado, e C_j uma constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim, teve-se: LI_j como limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica j , LS_j como limite superior a ser apresentado pelo genótipo e VO_j como valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

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

No procedimento, foi considerado $C_j = LS_j - LI_j$. O valor C_j garantiu que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j), ao contrário dos valores de X_{ij} fora desse intervalo. Assim, a transformação X_{ij} foi realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo. Os valores de Y_{ij} obtidos por transformação foram, posteriormente, padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica, obtendo os valores y_{ij} , conforme especificado a seguir:

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

Em que:

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

a_j : peso ou valor econômico da característica.

Para o cálculo, também foram necessárias a padronização e ponderação do VO_j , conforme especificado:

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

Então, calcularam-se os valores do índice da distância do genótipo-ideótipo (DGI) expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado abaixo:

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

A partir destes índices, são identificadas as melhores progênies e calculados os ganhos de seleção.

Na seleção direta e indireta foi considerado o decréscimo para o caráter número de dias para o florescimento e acréscimo para os demais caracteres. Para os índices: soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006). Ainda, para o índice DGI os valores ótimos, limites inferiores e superiores foram definidos conforme o ideal para a cultura da soja.

Para todas as metodologias foi empregado o sentido de seleção negativo como favorável para NDF com o objetivo de selecionar progênies com menor ciclo vegetativo. Para APF, AIV, NNP, NNR, NVT, PGP e PGL foi adotado o sentido de seleção positivo, para seleção de progênies com os maiores valores para esses caracteres.

Todas as análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística - GENES (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Constatou-se efeito significativo pelo teste F, ao nível de 1% e 5% de probabilidade entre as progênies F_{3:4} para a maioria dos caracteres agrônômicos analisados. O que indica a existência de variância genética, fator essencial para a seleção com êxito de genótipos superiores. Para os caracteres número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) e número de nós na maturidade (NNM) não se observou diferença estatística entre as progênies (TABELA 11).

TABELA 11 - Quadrados médios, parâmetros genéticos, coeficiente de variação e média para 11 caracteres agrônômicos em progênies F_{3:4} de soja, em Uberlândia - MG.

Caracteres	QMG	h^2 (%)	CVg (%)	CVe (%)	Média geral
NDF	7.973**	40.26	2.91	5.02	43.4
NDM	25.02 ns	23.07	1.29	3.34	131.3
APF	79.31**	37.01	9.15	16.88	41.8
APM	107.82 ns	13.50	4.43	15.88	60.7
AIV	22.37 *	30.48	18.05	38.55	10.2
NNM	1.80 ns	5.16	1.71	10.36	12.6
NNP	2.91 *	27.31	6.46	14.9	9.7
NNR	1.92 **	41.72	20.06	33.54	3.1
NVT	155.21 **	60.64	17.88	20.37	38.6
PG/planta	14.84 *	26.36	8.33	19.7	16.7
PG/linha	6386.03*	30.68	12.69	26.97	246.6

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e para maturidade (dias), respectivamente; APF e APM: altura de plantas no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNM, NNP e NNR: número de nós na maturidade, produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g); PGL (g): produção de grãos por linha. QMG: quadrado médio do genótipo; h_a^2 (%): herdabilidade no sentido amplo; CV(g) (%): coeficiente de variação genético e CVe (%): coeficiente de variação geral.** e *: significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; ns: não significativo para o teste F. Fonte: A autora.

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros mais significativos no melhoramento genético, sendo utilizada pelos melhoristas para uma seleção com êxito. Isso porque, este parâmetro participa da expressão do ganho com a seleção e, com isto, permite avaliar as possibilidades de seleção antes que elas sejam realizadas (RAMALHO; BRUZI; TEIXEIRA, 2017).

O coeficiente de herdabilidade varia de 0 a 100%, sendo considerada ideal quando superiores a 70% (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012). Quando o coeficiente for igual à 100, o fenótipo é completamente determinado pelo genótipo, não tendo o ambiente influência sobre a manifestação do caráter. Um coeficiente igual a zero sugere que a variabilidade do caráter não tem origem genética (SILVEIRA et al., 2006).

Para este estudo, de maneira geral as herdabilidades no sentido amplo oscilaram de 5,16% para número de nós na maturidade (NNM) a 60,64% para número de vagens totais (NVT) (TABELA 11). Herdabilidade de baixa amplitude são comuns em caracteres de herança poligênica, em função de um grande número de *loci* que o controla, levando também a uma grande influência do ambiente (BÁRBARO et al., 2009; COSTA et al., 2008; HAMAWAKI et al., 2012).

Silva et al. (2018) ao analisarem progênes F₅ de soja alcançaram herdabilidades no sentido amplo acima das obtidas nesta pesquisa com 44% para APM; de 80% para AIV; de 60% para NNR e de 88% para NVT.

Ao pesquisarem 202 genótipos de soja na geração F₆ na safra 2013/2014 em Jaboticabal – SP Andrade et al. (2016) obtiveram herdabilidades abaixo das obtidas neste estudo para os caracteres: NDF (27%); AIV (29,5%) e NVT (45,69%) e acima para os caracteres: NDM (75%); APF (26,54%); APM (38,47%); NNM (34,73%); NNR (46%) e PGP (36%).

Ao estimarem herdabilidades em duas populações F₄ de soja Hakim; Suyamto (2012) encontraram para a população 1 valores de 30,3% (NDF); 39,8% (NDM); 53,7% (APM); 33,5% (NNM); 20,6% (NNP); 55,4 % (NVT) e 18,3 % (PGP). Já para a população 2, as herdabilidades foram de 36,1 % (NDF); 42,6 % (NDM); 58,2% (APM); 26,7 % (NNM); 18,3% (NNP); 47,6 % (NVT) e 21,1 % (PGP).

O coeficiente de variação genético CVg (%) é um indicador do potencial genético da população em estudo, ou seja, da variabilidade genética. O menor CVg (%) foi obtido pelo caráter NDM com 1,29 % e o maior para o número de nós ramificados (NNR) com 20,06 % (TABELA 11).

O coeficiente de variação demonstra o grau de precisão experimental. Segundo Pimentel-Gomes (2009) são considerados baixos, quando valores de CVe inferiores a 10%, médios quando estão entre 10 a 20% e alto quando superiores a 30%. Para a maioria das características este coeficiente foi menor que 20% (3,34% - NDM; 5,02% - NDF; 10,36% - NNM; 14,9% - NNP; 15,88% - APM; 16,88% - APF e 19,7% - PGP), o

que indica boa precisão ambiental. Entretanto, para os demais caracteres NVT (20,37%); PGL (26,97%); NNR (33,54%) e AIV (38,55%), este parâmetro foi superior a 20% (TABELA 11). Estes valores de CVe (%) estão de acordo com o apresentado na literatura para estes caracteres em experimentos agrícolas na cultura da soja (BIZARI et al., 2017; BIANCHI et al., 2019; LUIZ et al., 2020; MATTOS et al., 2020; SILVA et al., 2018).

Na Tabela 12 encontram-se as médias máximas e mínimas e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott para cada caráter.

TABELA 12 - Médias mínimas e máximas de oito caracteres agrônômicos de progênies F_{3:4} de soja e genitores no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	Progênies F _{3:4}				Genitores	
	Grupo "a"		Grupo "b"		BRS256 _{RR}	TMG1179 _{RR}
	Mínimo	Máximo	Mínimo	Máximo		
NDF	43.5	48.0	38.0	43.0	44.5 a	43.0 b
APF	40.5	62.0	26.5	40.0	41.0 a	38.5 b
AIV	11.5	22.0	5.5	11.0	11.5 a	11.0 b
NNP	10.0	12.0	6.0	9.5	9.5 b	10.5 a
NNR	3.5	6.0	0.0	3.0	3.0 b	3.0 b
NVT	39.5	62.5	21.0	39.0	37.0 b	35.5 b
PGP	17.5	25.0	11.0	17.0	16.5 b	15.5 b
PGL	110.0	419.5	-	-	196.0	249.0

NDF: número de dias para o florescimento (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNP e NNR: número de nós produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g); PGL: produção de grãos por linha (g). Grupo "a" e "b" refere-se às médias que apresentaram a mesma letra pelo teste Scott-Knott a 10 % de significância. Fonte: A autora.

Para o NDF a média das progênies ficaram abaixo de 50 dias, com a menor fase vegetativa de 38 dias e a maior de 48 dias. Ainda, para o este caráter observou-se a formação de dois grupos. Para o grupo “a” a progênie mais precoce teve média de duração do período vegetativo de 43,5 dias e a mais tardia de 48,0 dias. Já para o grupo “b” a amplitude para dias para o florescimento foi de 38,0 a 43,0 dias. Os genitores, BRS256_{RR} e TMG1179_{RR}, obtiveram médias de 44,5 e 43,0 dias e ficaram no grupo “a” e “b”, respectivamente (TABELA 12).

Sousa et al. (2020) ao avaliarem a diversidade genética de 35 genótipos de soja com auxílio de microsatélites também obtiveram a formação de dois grupos e média de 47,29 dias para o caráter número de dias para o florescimento. Em contrapartida,

Oliveira et al. (2017) em estudo de caracteres agronômicos com 24 genótipos de soja no ano agrícola de 2011/2012 em Uberlândia-MG formaram quatro grupos distintos e encontraram média acima do obtido para esta pesquisa com 65,62 dias para o florescimento.

Quanto à altura da planta no florescimento (APF) dois grupos foram formados. O grupo “a” apresentou plantas com altura de 40,5 cm a 62,0 cm, sendo que, o genitor BRS256_{RR}, se encaixou neste grupo com 41,0 cm de altura. O segundo grupo “b” obteve valores de 26,5 cm a 40,0 cm, no qual o genitor TMG1179_{RR} se inseriu com 38,5 cm de altura (TABELA 12).

De acordo Sedyama; Silva; Borém (2015) na soja a altura de inserção da primeira vagem (AIV) deve ser entre 10 a 15 cm, de modo que, evite danos e perdas de grãos e, permita uma colheita mecanizada maximizada e eficiente. As médias das progênes ficaram com altura abaixo (5,5 cm) e acima (22,0 cm) do considerado ideal para a cultura da soja e constituíram dois grupos. Sendo que, no primeiro grupo o valor mínimo foi de 11,5 cm e o máximo de 22,0 cm. Para o segundo grupo a menor média foi de 5,5 cm e a maior de 11,0 cm. Quanto aos genitores, ambos, estavam dentro do recomendado para a soja, sendo a BRS256_{RR} com AIV de 11,5 cm pertencendo ao grupo “a” e a TMG1179_{RR} ao grupo “b” com 11,0 cm de AIV (TABELA 12).

Silva et al. (2018) em pesquisa com caracteres agronômicos em progênes F₅ observaram médias entre 12,0 a 13,0 cm para a altura de inserção da primeira vagem, sendo dentro dos valores obtidos neste estudo. Já Ribeiro et al. (2016) obtiveram amplitude de variabilidade das médias aproximadas aos obtidos neste estudo. Estes autores avaliaram os atributos agronômicos cultivares comerciais de soja na região central do estado do Tocantins e encontraram médias de 12,30 cm a 18,58 cm para AIV agrupadas em quatro grupos distintos.

Uma planta de soja com alta capacidade produtiva deve apresentar em média de 17 a 18 nós na haste principal (SEDIYAMA, 2016). Tanto os genitores quanto as progênes obtiveram média de número de nós produtivos (NNP) abaixo do indicado como favorável para um genótipo com elevada produtividade. Observou-se formação de dois grupos, no qual o grupo “a” teve amplitude de médias de 10,0 a 12,0 nós produtivos e o grupo “b” de 6,0 a 9,5 nós. O genitor BRS256_{RR} ficou no segundo grupo com 9,5 nós e o genitor TMG1179_{RR} no primeiro grupo com 10,5 nós produtivos (TABELA 12). Meier et al. (2019) obtiveram média dentro dos valores alcançados nesse estudo. Ao estudarem a *performance* agronômica e correlação linear entre

componentes de rendimento da soja em dois locais de cultivo no Estado do Rio Grande do Sul, esses pesquisadores, encontraram média de 9,38 nós produtivos.

O caráter número de nós ramificados (NNR) é indicativo de maior produção de vagens na soja. De acordo com Ludwig et al. (2010) quanto maior o número de nós ramificados maior as condições para maior formação de flores e, consequentemente de vagens, visto que as estruturas reprodutivas na planta são formadas nas axilas dos nós. Quanto a este caráter, ocorreu a formação de dois grupos. Sendo que, o grupo “a” apresentou média de 3,5 a 6,0 nós e o grupo “b” de 0,0 a 3,0 nós ramificados. Ambos genitores obtiveram média de 3,0 nós, pertencendo ao segundo grupo (TABELA 12).

Smiderle et al. (2019) ao avaliarem as correlações em soja com diferentes densidades de semeadura no município de Boa Vista – AM alcançaram média que oscilaram de 1,83 a 3,45 para o número de nós ramificados, uma amplitude de variação dentro das obtidas nesta pesquisa. Leite et al. (2018) alcançaram média dentro das obtidas neste trabalho. Em pesquisa para selecionarem progênies F₅ de soja portadores do gene RR com bons caracteres agrônômicos por meio de análise multivariado e índice de seleção, estes autores, alcançaram média de 3,18 nós ramificados, com média dentro das encontrados nesta pesquisa.

O número de vagens totais por planta (NVT) é um caráter importante, visto que, é um dos componentes do rendimento de grãos em soja, que mais contribui para o alcance de maiores produtividades. Segundo Matsuo; Ferreira; Sedyama (2015) as cultivares nacionais apresentam um máximo de 80 vagens por planta. Nenhuma progênie ou genitores atingiu a média das cultivares brasileiras. Sendo que, o grupo “a” obteve média de 39,5 a 62,5 vagens/planta e o grupo “b” de 21,0 a 39,0 vagens/ planta. Os parentais BRS256_{RR} e TMG1179_{RR} ficaram no segundo grupo com médias de 37,0 e 35,0 vagens, respectivamente (TABELA 12).

Zuffo et al. (2018) com o objetivo de avaliarem a influência de alguns caracteres agrônômicos de cultivares de soja, em função de diferentes densidades de planta, e a contribuição dessas características no rendimento de grãos alcançaram média de 50,1 vagens, sendo dentro das médias obtidas neste estudo. Bizari et al. (2017) em pesquisa com 386 progênies F₅ no ano agrícola de 2012/2013 em Jaboticabal-SP, observaram média de NVT acima desta pesquisa, com 95,70 vagens totais por planta.

Os reduzidos valores encontrados para número de nós produtivos e ramificados, respectivamente e de número total de vagens, provavelmente aconteceram porque os genitores utilizados não são recomendados para Minas Gerais e, consequentemente

encontram-se em condições de clima e fotoperíodo distintos. Sabe-se que o desempenho agrônomo de uma cultivar ocorre em função do seu potencial genético, bem como do ambiente em que são cultivadas (BARBOSA et al., 2013).

A semeadura em setembro, ou seja, fora da época recomendada para a soja, também pode ter exposto a diferentes combinações de fotoperíodo e temperatura refletindo na redução destes caracteres (NNP, NNR e NVT). De acordo com Câmara (2015) semear um genótipo de soja de forma precoce ou tardia pode contribuir para alterações fenotípicas na planta. Estudos realizados por Zanon et al. (2016) demonstraram que o menor número de nós no estádio fenológico R8 da soja ocorreu em virtude na semeadura em setembro (antes da época preferencial), devido as plantas terem sido expostas a um fotoperíodo curto no final de setembro e início de outubro.

De acordo com Sedyama; Oliveira; Sedyama (2016) de modo geral às cultivares de soja utilizada para produção de óleo e farelo apresentam o peso médio entre 12 a 20 g por 100 sementes. A produção de grãos por planta (PGP) obteve amplitude de variabilidade de 11,0 g a 25,0 g. As progênies foram separadas em dois grupos, no qual o primeiro alcançou médias de 17,5 a 25,0 g e a do segundo de 11,0 g a 17,0 g. Quanto aos genitores, ambos, permaneceram no grupo “b” com 16,5 gramas para a BRS256_{RR} e 15,5 gramas para a TMG1179_{RR} (TABELA 12).

Com relação à produção de grãos por linha (PGL) apesar do efeito significativo das progênies, não observou-se distinção de grupos. As médias das progênies oscilaram de 110,0 a 419,5 gramas. Enquanto os genitores apresentam média de 196,0 g para a BRS256_{RR} e 249,0 g para a TMG1179_{RR} (TABELA 12).

De acordo com Cruz et al. (2017) a genética quantitativa ocasiona inúmeras contribuições práticas para o melhoramento genético vegetal, entre elas, a possibilidade de avaliação dos ganhos a serem obtidos por distintas estratégias de seleção.

Conhecer os ganhos de seleção é de grande importante, visto que, permitem orientar de maneira mais satisfatória os melhoristas, predizer o sucesso do esquema de seleção adotado, selecionar ou descartar populações e concentrar esforços na avaliação de caracteres de maior importância e potencialidade de ganho (CRUZ et al., 2017; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A seleção direta fundamenta-se na obtenção de ganhos máximos em um único caráter no qual se pratica a seleção e, dependendo da relação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas positivas ou negativas nos caracteres de importância secundária, que não foram analisados no processo de seleção (CRUZ, 2013).

A Tabela 13 apresenta as estimativas de ganhos de seleção direta e indireta para oito caracteres agronômicos.

TABELA 13 - Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para oito caracteres analisados, pela seleção direta e indireta, para 123 progênies F_{3:4}, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	NDF	APF	AIV	NNP	NNR	NVT	PGP	PGL
NDF	-2.32	0.91	0.9	0.2	-0.5	-0.86	-0.49	0.74
APF	-2.1	7.22	2.55	0.59	-2.47	-0.82	-0.12	7.42
AIV	-0.88	5.54	12.93	-7.27	-1.33	-5.46	-1.05	2.56
NNP	-0.38	0.49	-2.75	4.38	4.26	3.03	-0.3	1.15
NNR	-0.74	-5.09	-1.26	10.7	16.81	16.53	11.87	5.21
NVT	1.74	-1.25	-3.89	5.63	12.22	18.06	13.68	2.36
PGP	-0.02	-0.13	-0.52	-0.39	6.2	9.67	5.55	1.35
PGL	-2.65	11.29	1.79	2.12	3.84	2.36	1.91	9.12

NDF: número de dias para o florescimento (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNP e NNR: número de nós produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g); PGL: produção de grãos por linha (g). Valores na diagonal em negrito referem-se ao ganho de seleção direta, os demais valores aos ganhos de seleção indireta. Fonte: A autora.

O critério de seleção utilizado foi decréscimo para o NDF e acréscimo para os demais caracteres (APF, AIV, NNP, NNR, NVT, PGP e PGL). A seleção direta ocasionou os maiores ganhos individuais em relação a seleção indireta para os caracteres: NDF (-2,32%); AIV (12,93%); NNP (4,38%); NNR (16,81%) e NVT (18,06%).

Em estudo para estimar com ganhos de seleção por meio da seleção direta e indireta, diversos autores também encontraram os maiores ganhos individuais para a seleção direta quando comparado à seleção indireta (AKRAM et al., 2016; BÁRBARO et al., 2009; BIZARI et al., 2017; TEIXEIRA et al. 2017b).

Os maiores ganhos de seleção direta foram obtidos para o atributo NVT com 18,06%, seguido de NNR com 16,81% e AIV com 12,93%. Enquanto, os menores ganhos direto foram alcançados para NDF com -2,32% e NNP com 4,48% (TABELA 13). Bárbaro et al (2009) estimaram o ganho de seleção direto e indireto em cinco populações de soja na gerações F₅ no agrícola 2003/2004 e na geração F₆ na safra 2004/2005. Para a geração F₅, os maiores ganhos diretos foram para os caracteres número de nós na maturidade e de altura da inserção da primeira vagem e, para a geração F₆ o maior ganho foi para o caráter número de nós na maturidade.

Já Zuffo et al. (2017) ao estimarem os ganhos de seleção direta em genótipos de soja no município de Lavras – MG, obtiveram resultados discordantes dos atingidos nesta pesquisa. Os autores alcançaram ganhos diretos de: - 0,118 %; - 0,005% e de 0,107 % para APF, AIV e NVT, respectivamente.

Do mesmo modo, resultados distintos desta pesquisa foram alcançados por Akram et al. (2016) que ao analisarem a variabilidade genética de 11 genótipos de soja encontraram ganhos de seleção direta de - 0,995 % para o caráter número de dias para o florescimento, de 0,0728 para o número de nós ramificados, de 1,973 % para o número de vagens totais e de 2,848 % para produção de grãos por planta.

Observou-se que a seleção direta para a APF promoveu o maior ganho indireto para PGL com 11,29% (TABELA 13). E, a seleção direta para número de vagens totais permitiu o maior ganho indireto para a produção de grãos por planta com 9,67%, além de ganho de 16,53% para número de nós ramificados (TABELA 13).

A seleção direta de plantas com base no número de dias do florescimento não é viável, visto que, ocasionou ganho direto positivo apenas para o caráter NVT (1,74%). Para os demais caracteres os ganhos indiretos foram negativos com -2,1% (APF); -0,88 (AIV); -0,38 (NNP); (-0,88); -0,74 (NNR); -0,02 (PGP) e de -2,65 (PGL) (TABELA 13).

A seleção indireta de NVT resultou em ganhos diretos de 13,68% para PGP, 12,22% para NNR e de 2,36% para PGL. Ainda, a seleção indireta do atributo PGL é interessante, já que, permitiu um ganho de seleção direto negativo para NDF (-2,65) e ganhos diretos positivos para os demais caracteres com 11,29% para APF; 1,79% para AIV; 2,12% para NNP; 3,84% para NNR; 2,36% para NVT e de 1,91% para PGP (TABELA 13).

Na Tabela 14 encontram as médias das 30 progênies $F_{3:4}$ superiores selecionadas por meio da seleção direta para os caracteres número de dias para o florescimento, número de nós produtivos, número de vagens totais, produção de grãos por planta e produção de grãos por linha.

TABELA 14 - Média das 30 progênies F_{3:4} de soja superiores selecionadas pela seleção direta.

Progênies	NDF	Progênies	NNP	Progênies	NVT	Progênies	PGP	Progênies	PGL
UFU 63	33.0	UFU 38	12.0	UFU 101	62.5	UFU 102	25.0	UFU 121	419.5
UFU 32	38.5	UFU 41	12.0	UFU 4	59.5	UFU 86	23.0	UFU 88	400.0
UFU 85	39.5	UFU 71	12.0	UFU 121	57.5	UFU 4	22.5	UFU 23	385.5
UFU 26	40.0	UFU 101	12.0	UFU 7	56.5	UFU 71	22.5	UFU 109	367.0
UFU 107	40.0	UFU 7	11.5	UFU 111	56.5	UFU 7	22.0	UFU 4	362.0
UFU 9	40.5	UFU 11	11.5	UFU 102	54.5	UFU 63	21.5	UFU 26	345.0
UFU 11	40.5	UFU 39	11.5	UFU 72	53.0	UFU 72	21.5	UFU 64	338.5
UFU 72	40.5	UFU 72	11.5	UFU 11	50.5	UFU 11	21.0	UFU 108	338.5
UFU 77	40.5	UFU 91	11.5	UFU 17	50.5	UFU 26	21.0	UFU 117	338.5
UFU 83	40.5	UFU 3	11.0	UFU 44	50.5	UFU 88	21.0	UFU 60	325.0
UFU 92	40.5	UFU 24	11.0	UFU 103	50.5	UFU 70	20.5	UFU 8	324.5
UFU 94	40.5	UFU 26	11.0	UFU 1	50.0	UFU 96	20.5	UFU 19	322.5
UFU 102	40.5	UFU 34	11.0	UFU 37	50.0	UFU 101	20.5	UFU 33	314.5
UFU 1	41.0	UFU 42	11.0	UFU 38	49.5	UFU 1	20.0	UFU 105	313.0
UFU 49	41.0	UFU 49	11.0	UFU 63	49.5	UFU 37	20.0	UFU 81	312.0
UFU 52	41.0	UFU 55	11.0	UFU 90	49.5	UFU 82	20.0	UFU 71	310.5
UFU 98	41.0	UFU 56	11.0	UFU 88	48.5	UFU 121	20.0	UFU 80	308.0
UFU 35	41.5	UFU 57	11.0	UFU 69	47.0	UFU 42	19.5	UFU 112	307.0
UFU 46	41.5	UFU 60	11.0	UFU 117	47.0	UFU 44	19.5	UFU 32	305.5
UFU 53	41.5	UFU 62	11.0	UFU 56	46.5	UFU 73	19.5	UFU 87	302.5
UFU 58	41.5	UFU 69	11.0	UFU 70	46.5	UFU 116	19.5	UFU 93	299.5
UFU 69	41.5	UFU 97	11.0	UFU 77	46.5	UFU 117	19.5	UFU 113	298.5
UFU 90	41.5	UFU 99	11.0	UFU 92	46.5	UFU 8	19.0	UFU 104	297.0
UFU 93	41.5	UFU 103	11.0	UFU 25	46.0	UFU 17	19.0	UFU 18	294.5
UFU 110	4.0	UFU 106	11.0	UFU 30	45.5	UFU 31	19.0	UFU 74	290.5
UFU 7	42.0	UFU 107	11.0	UFU 55	45.5	UFU 36	19.0	UFU 86	289.5
UFU 40	42.0	UFU 113	11.0	UFU 86	45.5	UFU 67	19.0	UFU 56	288.5
UFU 57	42.0	UFU 118	11.0	UFU 91	45.5	UFU 76	19.0	UFU 101	286.5
UFU 59	42.0	UFU 121	11.0	UFU 118	45.5	UFU 87	19.0	UFU 90	286.0
UFU 62	42.0	UFU 123	11.0	UFU 42	45.0	UFU 18	18.5	UFU 13	285.5
P₁	44.0	P₁	10.0	P₁	37.0	P₁	17.0	P₁	196.0
P₂	43.0	P₂	10.0	P₂	36.0	P₂	15.0	P₂	249.0

NDF: número de dias para o florescimento (dias); NNP: número de nós produtivos; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta (g) e PGL: produção de grãos por linha (g). P₁: BRS256_{RR} e P₂: TMG1179_{RR}. Fonte: A autora.

Ao analisar a Tabela 14, notou-se que todas as progênies para todos os caracteres foram superiores aos parentais, BRS256_{RR} e TMG1179_{RR}, o que é interessante para o alcance de progênies superiores. A progênie UFU 72 sobressaiu comparada as demais por reunir a maior quantidade de caracteres positivos, sendo eles:

NDF, NNP, NVT e PGP. Outras progênies também se destacaram por agrupar caracteres favoráveis, sendo elas as progênies: UFU 1, UFU 7, UFU 63 e UFU 102 (NDF, NVT e PGP); a UFU 69 (NDF, NNP e NVT); a UFU 71 (NNP, PGP e PGL); a UFU 88 (NVT, PGP e PGL) e a UFU 90 (NDF, NVT e PGL).

Nos programas de melhoramento genético, a seleção baseada em um ou poucos caracteres, tem-se mostrado ineficiente. Isso porque, conduz a formação de um genótipo superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho menos favorável em relação aos outros caracteres não considerados na seleção (RAMALHO et al., 2012), dificultando a seleção de genótipos superiores.

Segundo Nogueira et al. (2012) o melhoramento genético tem como propósito melhorar um caráter principal, e manter ou aprimorar a expressão de outros caracteres simultaneamente. Uma opção para se realizar seleção de um conjunto de características de interesse, de forma sincronizada, e, com obtenção de ganhos no sentido favorável a todas elas são o uso dos índices de seleção.

Nos índices de seleção o processo seletivo ocorre com base nos valores dos índices (valor numérico), que funciona como caráter adicional (super caráter), teórico, resultante da combinação linear de todos os caracteres de interesse para cada unidade a ser selecionada, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Por conseguir tal feito, os índices de seleção, identificam de maneira rápida e eficiente, as progênies que podem ser mais adequadas para os propósitos do melhorista aumentando a chance de êxito do programa de melhoramento genético (BIZARI et al., 2017; LEITE et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017b).

Na Tabela 15 encontram-se as estimativas de ganhos de seleção para oito caracteres por meio do índice de soma de “*ranks*” (MULAMBA; MOCK, 1978) e índice do genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006).

TABELA 15 - Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para oito caracteres pela seleção pelo Índice do genótipo - ideótipo (Cruz, 2006) e Índice de Soma de *Ranks* (Mulamba & Mock, 1978) para 123 progênies F_{3:4} de soja, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	Mulamba & Mock (1978)	Distância do genótipo- ideótipo
NDF	-0.56	-0.48
APF	2.13	2.09
AIV	1.06	-1.82
NNP	2.19	2.19
NNR	11.38	12.04
NVT	12.57	13.47
PGP	3.99	4.25
PGL	3.55	4.42
Total	37.11	36.95
Progênies selecionadas	UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 121, UFU 90, UFU 101, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 53, 117, UFU 91, UFU 72, UFU 86, UFU 106, UFU 23, UFU 6, UFU 4, 5, UFU 45, UFU 96, UFU 56, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 82, 77, UFU 55, UFU 106, UFU 88, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 6, UFU 4, UFU 116, UFU 73, UFU 88, UFU 18, UFU 113, UFU 103, 90, UFU 37, UFU 123, UFU 70, UFU 71, UFU 65, UFU 70, UFU 3, 69, UFU 3, UFU 65, UFU 60, UFU 69, UFU 107 e UFU 37 81, UFU 109 e UFU 112	

NDF: número de dias para o florescimento (dias); APF: altura de plantas no florescimento (cm); AIV: altura de inserção da primeira vagem (cm); NNP e NNR: número de nós produtivos e ramificados, respectivamente; NTV: número total de vagens; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha. Fonte: A autora.

Quando comparados aos ganhos da seleção direta e indireta (TABELA 13), de modo geral, os ganhos diretos de ambos os índices, soma de “*ranks*” e do genótipo-ideótipo, foram inferiores para todos os caracteres (TABELA 15). Isto pode ter ocorrido, pois os índices de seleção ocasionam uma distribuição equilibrada dos ganhos de seleção. De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro, (2012) no índice de seleção o ganho sobre o caráter é reduzido, no entanto essa redução é compensada por uma melhor distribuição dos ganhos favoráveis nos demais caracteres.

O índice de soma de “*ranks*” de Mulamba e Mock (1978) consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem favorável ao melhoramento, sendo, em seguida, somadas as ordens de “*ranks*” ou a classificação de cada genótipo, resultando no índice de seleção. Para este índice os maiores ganhos individuais foram para os caracteres: número de vagens totais (12,57%), número de nós

ramificados (11,38%), produção de grãos planta (3,99%) e produção de grãos por linha (3,55%) (TABELA 15).

A metodologia de índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2006) permite determinar os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados adequados para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores. Para este índice os ganhos individuais foram maiores e para os mesmos caracteres do índice de soma de “*ranks*” com 13,57% para o NVT, de 12,04% para o NNR, de 4,42% para a PGL e de 4,25% para a PGP (4,25%) (TABELA 15).

Resultados diferentes aos obtidos neste estudo foram encontrados por Teixeira et al. (2017b) que em estudo com diversos índices de seleção em soja encontraram para o índice de soma de *ranks* ganhos de - 0,01% (NDF); 4,10% (APF); 6,42% (NNP) e de 7,25% (NVT) e, para o índice do genótipo-ideótipo ganhos de seleção de 2,83% (NDF); 4,44% (APF); 10,29% (NNP) e de 6,79% (NVT).

O índice do genótipo-ideótipo apresentou os maiores ganhos individuais para os caracteres, NVT, NNR, PGP e PGL. Apesar disto, o índice de soma de *ranks*, se destacou por alcançar o maior ganho total com 37,11%, contra 36,95% do índice do genótipo-ideótipo (TABELA 15). Além disso, o índice do genótipo-ideótipo obteve menor ganho (-0,48%) para o caráter NDF comparado ao índice de soma de “*ranks*” (-0,54%) e, alcançou ganho negativo para a altura de inserção da primeira vagem com -1,82% (TABELA 15). Com isto, o índice de soma de “*ranks*” é o mais indicado para a seleção de genótipos superiores.

Resultados similares a esta pesquisa foram encontrados por Bizari et al. (2017) que ao avaliaram diferentes estratégias de seleção para caracteres agronômicos em sete populações segregante de soja na geração F₅ concluíram que o índice de Mulamba & Mock ocasionou os ganhos mais favoráveis quando comparados as outras estratégias de seleção estudadas.

Leite et al. (2016) em pesquisa com diferentes índices de seleção encontraram resultados que corroboram aos obtidos nesta pesquisa. Os autores analisaram as metodologias de índices de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978), Willians (1962) e o dos ganhos desejados de Pesek & Baker (1969) e obtiveram o maior ganho total para o índice de soma de “*ranks*”.

Leite et al. (2018) atestaram a eficiência da metodologia de índice de seleção soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock. Ao verificarem a concordância de técnicas

multivariadas e índice de seleção no processo seletivo de progênes F_5 de soja RRcertificaram que o índice de Mulamba & Mock selecionou as mesmas progênes que a técnica multivariada, o que reforça seu potencial para a seleção de genótipos promissores.

O índice de soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) também foi recomendado por ocasionar os melhores resultados para o alcance de genótipos promissores em diversas pesquisas com diferentes culturas, tais como: milho-pipoca (SANTOS et al., 2007); alfafa (*Medicago sativa* L.) (VASCONCELOS et al., 2010); maracujá-amarelo (*Passiflora edulis*) (ROSADO et al., 2012) e mamoeiro (*Carica papaya* L.) (VIVAS et al., 2013).

Das 30 progênes $F_{3,4}$ selecionadas, 22 delas (UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 e UFU 37), foram similares em ambos os índices de seleção, o que reafirma que estas progênes são potencialmente promissores (TABELA 16).

As progênes UFU 72, UFU 90, UFU 88 e UFU 69 se destacaram tanto na seleção direta e indireta (TABELA 14), quanto nos índices de soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e do genótipo-ideótipo (TABELA 15) para o NDF e os caracteres relacionados com o rendimento de grãos (NNP, NVT, PGP e PGL), indicando que a seleção destas progênes traria o alcance de genótipos superiores.

A UFU 72 agregou média de 40,5 dias para NDF, com NVT de 53 vagens e PG de 21,5 gramas. Já a UFU 90 reuniu NDF com 41,5 dias, 49,5 de NVT e 286,0 gramas para PGL. A UFU 88 destacou-se por reunir médias elevadas para os caracteres relacionados com rendimento de grãos, com 48,5 para NVT; 21,0 gramas para PGP e 400 g para PGL. Por fim, a UFU 69 sobressaiu com 41,5 dias para NDF; com 11,0 NNP e 47,0 para NVT (TABELA 14).

4. CONCLUSÕES

O potencial genético da população $F_{3:4}$ é elevado e permite aplicar distintas estratégias de seleção no alcance de genótipos superiores.

As progênies UFU 72, UFU 116, UFU 86, UFU 45, UFU 117, UFU 56, UFU 5, UFU 106, UFU 6, UFU 4, UFU 73, UFU 101, UFU 96, UFU 90, UFU 123, UFU 116, UFU 88, UFU 65, UFU 70, UFU 3, UFU 69 e UFU 37 foram selecionadas por ambos índices de seleção.

As progênies UFU 72, UFU 90, UFU 88 e UFU 69 são agronomicamente superiores tanto na seleção direta e indireta, quanto nos índices de seleção de soma de “*ranks*” de Mulamba & Mock (1978) e do genótipo-ideótipo.

REFERÊNCIAS:

- ANDRADE, A.C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A.S.; UNÊDA-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.
- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. N.; AL BARI, M. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN, M. A. Genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. **Plant Gene and Trait**, [s.l.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5376/pgt.2016.07.0013>
- BÁRBARO, I.M.; DI MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P. C.; MACHADO, P.C.; JUNIOR, L.S.B. Análises genéticas em populações de soja resistentes ao cranco da haste e destinadas para áreas de canaviais. **Colloquium Agrariae**, São Paulo, v.5, n.1, p.08-24, 2009. DOI: <https://doi.org/10.5747/ca.2009.v05.n1.a0041>
- BARBOSA, M. C.; BRACCINI, A. L.; SCAPIM, C. A.; PAIOLA, L. A., PICCININ, G.G.; ZUCARELI, C. Desempenho agrônômico e componentes da produção de cultivares de soja em duas épocas de semeadura no arenito Caiuá. **Semina: Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 34, n. 3, 2013. DOI: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n3p945>
- BIANCHI, M.C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I.O.; RIBEIRO, F. O.; GESTEIRA, G. S. Heritability and genotype x environment interaction in soybean. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, [s.l.], p. 1-10, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1002/agg2.20020>
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P. ; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>
- CÂMARA, G. M. S. Preparo do solo e plantio. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (ed.). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 66-109p.
- 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: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100012>
- CRUZ, C.D. **Programa GENES: biometria**. Viçosa, MG: UFV, 2006. 382 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; RODRIGUES, H.S.; ROSADO, R.D.S.; BHERING, L.L. Biometria aplicada ao melhoramento genético. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed) **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 249-287.

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

HAKIM, L.; SUYAMTO. Heritability and expected genetic advances of quantitative traits in F₄ progenies of soybean crosses. **Journal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan**, Bogor, v.31, n.1, p. 22-26, 2012.

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

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA - IBGE - (2020). **Cidades**. Disponível em: < <https://cidades.ibge.gov.br/brasil/mg/uberlandia/panorama> >. [s.l.; s.e]. Acesso em: 29 de Nov. 2020.

LEITE, W. S.; PAVAN, B.E.; FILHO, C.H.A.M.; NETO, F. A.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F.S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F₈ de soja. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, 302-310 p., 2016. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

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

LUDWIG, M.P.; DUTRA, L.M.C.; LUCCA FILHO, O.A.; ZABOT, L.; 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: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782010000400003>

LUIZ M.C.P.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.; MATTOS, T.P.; COSTA S.C.; PIERDONÁ, F.G.; HAMAWAKI, R.L.; HAMAWAKI, C.D.L. Efeito da época de semeadura e população de plantas sobre o potencial produtivo e caracteres agronômicos em soja. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.36, n.1, p.161-172, 2020.

MATTOS, T.P.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; LUIZ, M.C.P.; TEIXEIRA, F.G.; SHIGIHARA D.; HAMAWAKI, R.L.; HAMAWAKI, C.D.L. Effect of sowing season on soybean performance. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v.36, n. 5, p. 1607-1618, 2020. DOI: <https://doi.org/10.14393/BJ-v36n5a2020-42446>

MEIER, C.; MEIRA, D.; MACHIORO, V.S.; OLIVOTO, T.; 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**, Recife, v.42, n.4 p.933-941, 2019.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, p. 27-53.

MULAMBA, N.N. MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Cairo, v.7, p. 40-51, 1978.

NOGUEIRA, A.P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O.T.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, D.G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, M.M.; SOUSA, L.B.; REIS, M.C.; SILVA JUNIOR, E.G.; CARDOSO, D.B.O.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, Riberião Preto, v.16, n.2, 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16029661>

PIMENTEL-GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: Nobel, 2009, 451 p.

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: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A.P.; BRUZI, A. T.; TEIXEIRA, R.K. S. Genética quantitativa no melhoramento. In: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.) **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, p. 147-172.

RIBEIRO, F.C.; COLOMBO, G.A.; SILVA, P.O.S.; SILVA, J.I.C.; ERASMO, E.A.L.; PELUZIO, J.M. Desempenho agrônomo de cultivares de soja na região central do Estado do Tocantins, safra 2014/2015. **Scientia Plena**, [s.l.], v.12, n.07, 2016. DOI: <https://doi.org/10.14808/sci.plena.2016.070201>

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: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SANTOS, F. S.; JÚNIOR, A. T. A.; JÚNIOR, A.P.F.; RANGEL, R.M.; PEREIRA M.G. Predição de ganhos genéticos por índice de seleção na população de milho-pipoca UNB-2U sob seleção recorrente. **Bragantia**, Campinas, v.66, n.3, p.389-396, 2007. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052007000300004>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B. Parâmetros genéticos e avaliação agrônoma em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n.1, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

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

SEDIYAMA, T. OLIVEIRA, R. C.; SEDIYAMA, H. A. A Soja. In: SEDIYAMA, T. (ed.) **Produtividade da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2016. 310 p.

- SILVA, F. M. S.; PEREIRA, E. M.; VAL B.H.P.; PERECIN, D.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Strategies to select soybean segregating populations with the goal of improving agronomic traits. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.40, 2018. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.39324>
- SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal - Ano agrícola 2003-2004. **Revista Científica**, Jaboticabal, v. 34, n. 1, p. 92-98, 2006.
- SMIDERLE, O. J.; SOUZA, A. G.; GIANLUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K.N.A. C.; GOMES, H. H. S. Correlações entre componentes de produção de soja BRS Tracajá e diferentes densidades de plantas no Cerrado Roraima. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, Viçosa, v.9, n.1, p.34-40, 2019. DOI: <https://doi.org/10.21206/rbas.v9i1.3065>
- SOUSA, L.B.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; CARDOSO, D.B.O.; DIAS, A.C.; OLIVEIRA, V.; BATISTA, R.O.; BONETTI, A.M. HAMAWAKI, R.L. Microsatellites and phenotypic characteristics used to select soybean lines in a Brazilian university breeding program. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.19, n.1, 2020. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr18105>
- TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C.L.; MACHADO, B.Q.V.; SANTANA, A.J.O. Genetic parameters and selection of soybean lines base do selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017b. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>
- UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA - (2020). **World Agricultural Production**. Disponível em: <<https://usda.library.cornell.edu/concern/publications/5q47rn72z?locale=en>>. [s./]. Acesso em: 8 de dez. 2020.
- VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimates of genetic progress using different selection criteria in alfafa genotypes. *Revista Ceres*, Viçosa, v.57, n.2, p. 205-210, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>
- VIVAS, M.; SILVEIRA, S. F.; VIVAS, J.M.S.; PEREIRA, M.G. Predição de ganhos genéticos e seleção de progênies de mamoeiro para resistência à pinta-preta. **Tropical Plant Pathology**, [s./], v.38, n.2, p.142-148, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1982-56762013000200008>
- ZANON, A.J.; STRECK, N.A.; ROCHA M., T.S.; ALBERTO M., C.; BARTZ, A.C.; PAULA M., G.; TOMIOZZO, R.; COSTA C., L. FENSTERSEIFER, C.A.; TAGLIAPIETRA L., E.; CARDOSO P., Â.; WEBER S., P.; BEXAIRA P., K. Efeito do tipo de crescimento no desenvolvimento de cultivares modernas de soja após o início do florescimento no Rio Grande do Sul. **Bragantia**, Campinas, v.75, p. 445-458, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1590/1678-4499.535>
- ZUFFO, A.M.; JÚNIOR, J.M.Z.; FONSECA, W.L.; ZAMBIAZZI, E. V.; OLIVEIRA, A. M.; GUILHERME, S.R.; MENDES, A.E.S.; GODINHO, S.H.M.; RIBEIRO, F. O.; PINTO, A.R.S. Path analysis in soybean cultivars grown under foliar spraying and

furrow inoculation with *Azospirillum brasiliense*. **Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v.9, n.10, p. 137- 144. 2017. DOI: <https://doi.org/10.5539/jas.v9n10p137>

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 Agrônômica**, Ilha Solteira, v.27, n.1, p.78-90, 2018. DOI: <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90>

ANEXOS

TABELA 1A - Médias das progênies F_{2:3} advindas da população da PF_{2:3}-A:BRS256_{RR} x TMG1179_{RR} para os caracteres NDF, NDM, APM e NNM.

Progênie	NDF	Progênie	NDM	Progênie	APM	Progênie	NNM
PSF2:3-A_14	55.0 a	PSF2:3-A_42	140.0 a	PSF2:3-A_19	79.7 a	PSF2:3-A_17	18.5 a
PSF2:3-A_59	55.4 a	PSF2:3-A_7	139.0 a	PSF2:3-A_22	72.5 a	PSF2:3-A_20	17.5 a
PSF2:3-A_15	54.5 a	PSF2:3-A_68	135.0 a	PSF2:3-A_54	71.3 a	PSF2:3-A_19	17.5 a
PSF2:3-A_7	54.0 a	PSF2:3-A_28	134.5 a	PSF2:3-A_49	68.5 a	PSF2:3-A_51	17.0 a
PSF2:3-A_49	53.5 a	PSF2:3-A_32	132.0 a	PSF2:3-A_55	68.2 a	PSF2:3-A_25	16.8 a
PSF2:3-A_32	53.5 a	PSF2:3-A_31	132.0 a	PSF2:3-A_20	67.8 a	PSF2:3-A_49	16.6 a
PSF2:3-A_2	53.5 a	PSF2:3-A_30	132.0 a	PSF2:3-A_53	67.8 a	PSF2:3-A_2	16.5 a
PSF2:3-A_63	53.0 a	PSF2:3-A_29	132.0 a	PSF2:3-A_8	67.7 a	PSF2:3-A_35	16.3 a
PSF2:3-A_51	53.0 a	PSF2:3-A_72	131.5 a	PSF2:3-A_38	67.5 a	PSF2:3-A_11	16.3 a
PSF2:3-A_41	53.0 a	PSF2:3-A_45	131.5 a	PSF2:3-A_17	67.5 a	PSF2:3-A_53	16.1 a
PSF2:3-A_25	53.0 a	PSF2:3-A_63	131.0 a	PSF2:3-A_50	67.0 a	PSF2:3-A_81	16.1 a
PSF2:3-A_24	53.0 a	PSF2:3-A_16	131.0 a	PSF2:3-A_11	66.5 a	PSF2:3-A_21	16.1 a
PSF2:3-A_10	52.5 a	PSF2:3-A_37	130.0 a	PSF2:3-A_56	66.5 a	PSF2:3-A_10	16.1 a
PSF2:3-A_48	52.0 a	PSF2:3-A_15	129.5 a	PSF2:3-A_18	66.5 a	PSF2:3-A_58	16.0 a
PSF2:3-A_65	52.0 a	PSF2:3-A_34	129.0 a	PSF2:3-A_69	66.2 a	PSF2:3-A_38	15.8 a
PSF2:3-A_52	52.0 a	PSF2:3-A_33	129.0 a	PSF2:3-A_51	65.6 a	PSF2:3-A_36	15.8 a
PSF2:3-A_30	52.0 a	PSF2:3-A_19	129.0 a	PSF2:3-A_37	65.5 a	PSF2:3-A_37	15.5 a
PSF2:3-A_19	52.0 a	PSF2:3-A_14	129.0 a	PSF2:3-A_81	64.7 a	PSF2:3-A_18	15.5 a
PSF2:3-A_6	52.0 a	PSF2:3-A_64	128.5 a	PSF2:3-A_68	64.7 a	PSF2:3-A_52	15.3 a
PSF2:3-A_45	51.5 a	PSF2:3-A_58	128.5 a	PSF2:3-A_21	63.2 a	PSF2:3-A_50	15.3 a
PSF2:3-A_17	51.5 a	PSF2:3-A_27	128.5 a	PSF2:3-A_36	62.8 a	PSF2:3-A_82	15.1 a
PSF2:3-A_60	51.0 a	PSF2:3-A_18	128.5 a	PSF2:3-A_10	62.6 a	PSF2:3-A_24	15.1 a
PSF2:3-A_53	51.0 a	PSF2:3-A_4	128.5 a	PSF2:3-A_82	62.0 a	PSF2:3-A_56	15.1 a
PSF2:3-A_43	51.0 a	PSF2:3-A_77	128.1 a	PSF2:3-A_71	62.0 a	PSF2:3-A_39	15.1 a
PSF2:3-A_36	51.0 a	PSF2:3-A_36	128.0 a	PSF2:3-A_58	61.9 a	PSF2:3-A_32	15.0 a
PSF2:3-A_28	51.0 a	PSF2:3-A_13	128.0 a	PSF2:3-A_57	61.6 a	PSF2:3-A_26	15.0 a
PSF2:3-A_23	51.0 a	PSF2:3-A_50	127.5 a	PSF2:3-A_15	61.5 a	PSF2:3-A_48	14.8 a
PSF2:3-A_21	51.0 a	PSF2:3-A_26	127.5 a	PSF2:3-A_52	61.3 a	PSF2:3-A_23	14.6 a
PSF2:3-A_13	51.0 a	PSF2:3-A_1	127.5 a	PSF2:3-A_76	61.0 a	PSF2:3-A_71	14.6 a
PSF2:3-A_11	51.0 a	PSF2:3-A_67	127.0 a	PSF2:3-A_32	60.6 a	PSF2:3-A_57	14.5 a

PSF2:3-A_4	51.0 a	PSF2:3-A_46	127.0 a	PSF2:3-A_24	60.5 a	PSF2:3-A_22	14.5 a
PSF2:3-A_66	50.5 a	PSF2:3-A_24	127.0 a	PSF2:3-A_34	60.5 a	PSF2:3-A_16	14.5 a
PSF2:3-A_46	50.5 a	PSF2:3-A_12	127.0 a	PSF2:3-A_1	60.3 a	PSF2:3-A_8	14.5 a
PSF2:3-A_31	50.5 a	PSF2:3-A_73	126.5 a	PSF2:3-A_48	60.0 a	PSF2:3-A_12	14.3 a
PSF2:3-A_26	50.5 a	PSF2:3-A_62	126.5 a	PSF2:3-A_2	59.2 a	PSF2:3-A_34	14.1 b
PSF2:3-A_50	50.0 a	PSF2:3-A_60	126.5 a	PSF2:3-A_9	58.5 a	PSF2:3-A_65	14.1 b
PSF2:3-A_38	50.0 a	PSF2:3-A_40	126.5 a	PSF2:3-A_12	58.5 a	PSF2:3-A_68	14.0 b
PSF2:3-A_9	50.0 a	PSF2:3-A_48	126.0 a	PSF2:3-A_25	58.4 a	PSF2:3-A_30	14.0 b
PSF2:3-A_81	49.5 a	PSF2:3-A_44	126.0 a	PSF2:3-A_70	58.1 a	PSF2:3-A_14	14.0 b
PSF2:3-A_61	49.5 a	PSF2:3-A_38	126.0 a	PSF2:3-A_65	57.7 a	PSF2:3-A_77	13.8 b
PSF2:3-A_58	49.5 a	PSF2:3-A_35	126.0 a	PSF2:3-A_72	57.0 a	PSF2:3-A_72	13.8 b
PSF2:3-A_29	49.5 a	PSF2:3-A_20	126.0 a	PSF2:3-A_23	56.8 a	PSF2:3-A_54	13.8 b
PSF2:3-A_8	49.5 a	PSF2:3-A_5	126.0 a	PSF2:3-A_67	56.7 a	PSF2:3-A_45	13.8 b
PSF2:3-A_27	49.0 a	PSF2:3-A_47	125.5 a	PSF2:3-A_39	56.3 a	PSF2:3-A_40	13.6 b
PSF2:3-A_20	49.0 a	PSF2:3-A_21	125.5 a	PSF2:3-A_14	56.0 a	PSF2:3-A_15	13.5 b
PSF2:3-A_18	49.0 a	PSF2:3-A_11	125.5 a	PSF2:3-A_30	55.9 a	PSF2:3-A_5	13.5 b
PSF2:3-A_16	49.0 a	PSF2:3-A_25	125.0 a	PSF2:3-A_33	55.5 a	PSF2:3-A_1	13.5 b
PSF2:3-A_69	48.5 b	PSF2:3-A_81	124.8 a	PSF2:3-A_77	55.4 a	PSF2:3-A_67	13.3 b
PSF2:3-A_62	48.5 b	PSF2:3-A_70	124.5 a	PSF2:3-A_4	55.2 a	PSF2:3-A_59	13.3 b
PSF2:3-A_54	48.5 b	PSF2:3-A_59	124.5 a	PSF2:3-A_35	55.3 b	PSF2:3-A_29	13.3 b
PSF2:3-A_47	48.5 b	PSF2:3-A_82	123.5 a	PSF2:3-A_3	53.2 b	PSF2:3-A_62	13.1 b
PSF2:3-A_39	48.5 b	PSF2:3-A_41	123.5 a	PSF2:3-A_26	53.2 b	PSF2:3-A_33	13.1 b
PSF2:3-A_37	48.5 b	PSF2:3-A_2	123.5 a	PSF2:3-A_75	53.1 b	PSF2:3-A_66	13.0 b
PSF2:3-A_35	48.5 b	PSF2:3-A_49	123.0 a	PSF2:3-A_74	52.3 b	PSF2:3-A_64	13.0 b
PSF2:3-A_68	48.0 b	PSF2:3-A_66	122.5 a	PSF2:3-A_66	52.2 b	PSF2:3-A_79	12.8 b
PSF2:3-A_44	48.0 b	PSF2:3-A_65	122.5 a	PSF2:3-A_41	51.7 b	PSF2:3-A_75	12.8 b
PSF2:3-A_22	48.0 b	PSF2:3-A_43	122.5 a	PSF2:3-A_59	51.6 b	PSF2:3-A_74	12.8 b
PSF2:3-A_71	47.5 b	PSF2:3-A_17	122.5 a	PSF2:3-A_40	51.0 b	PSF2:3-A_70	12.8 b
PSF2:3-A_42	47.5 b	PSF2:3-A_3	122.5 a	PSF2:3-A_45	50.8 b	PSF2:3-A_69	12.6 b
PSF2:3-A_82	47.0 b	PSF2:3-A_56	122.0 a	PSF2:3-A_73	49.3 b	PSF2:3-A_28	12.6 b
PSF2:3-A_76	47.0 b	PSF2:3-A_39	122.0 a	PSF2:3-A_27	49.2 b	PSF2:3-A_80	12.6 b
PSF2:3-A_57	47.0 b	PSF2:3-A_74	121.5 a	PSF2:3-A_61	48.5 b	PSF2:3-A_31	12.6 b
PSF2:3-A_5	47.0 b	PSF2:3-A_71	121.5 a	PSF2:3-A_16	48.5 b	PSF2:3-A_47	12.6 b
PSF2:3-A_3	47.0 b	PSF2:3-A_61	121.5 a	PSF2:3-A_5	48.5 b	PSF2:3-A_27	12.5 b

PSF2:3-A_1	47.0 b	PSF2:3-A_52	121.5 a	PSF2:3-A_63	47.0 b	PSF2:3-A_7	12.5 b
PSF2:3-A_72	46.5 b	PSF2:3-A_51	121.5 a	PSF2:3-A_60	46.5 b	PSF2:3-A_4	12.5 b
PSF2:3-A_34	46.5 b	PSF2:3-A_22	121.5 a	PSF2:3-A_29	46.0 b	PSF2:3-A_3	12.5 b
PSF2:3-A_56	46.0 b	PSF2:3-A_69	121.0 a	PSF2:3-A_7	46.0 b	PSF2:3-A_60	12.3 b
PSF2:3-A_33	46.0 b	PSF2:3-A_55	121.0 a	PSF2:3-A_80	45.9 b	PSF2:3-A_9	12.3 b
PSF2:3-A_12	45.5 b	PSF2:3-A_23	121.0 a	PSF2:3-A_79	45.6 b	PSF2:3-A_78	12.1 b
PSF2:3-A_80	45.0 b	PSF2:3-A_8	121.0 a	PSF2:3-A_42	45.2 b	PSF2:3-A_76	12.1 b
PSF2:3-A_77	45.0 b	PSF2:3-A_53	120.5 a	PSF2:3-A_62	45.0 b	PSF2:3-A_73	12.1 b
PSF2:3-A_40	45.0 b	PSF2:3-A_10	120.5 a	PSF2:3-A_78	44.3 b	PSF2:3-A_61	12.0 b
PSF2:3-A_74	44.5 b	PSF2:3-A_6	120.0 a	PSF2:3-A_31	44.1 b	PSF2:3-A_55	12.0 b
PSF2:3-A_67	44.5 b	PSF2:3-A_9	119.0 a	PSF2:3-A_28	43.8 b	PSF2:3-A_41	12.0 b
PSF2:3-A_55	44.5 b	PSF2:3-A_78	118.5 a	PSF2:3-A_44	43.5 b	PSF2:3-A_13	12.0 b
PSF2:3-A_70	44.0 b	PSF2:3-A_76	117.7 a	PSF2:3-A_64	42.0 b	PSF2:3-A_43	11.8 b
PSF2:3-A_64	44.0 b	PSF2:3-A_54	117.0 a	PSF2:3-A_46	39.3 b	PSF2:3-A_46	11.5 b
PSF2:3-A_79	44.0 b	PSF2:3-A_80	116.5 a	PSF2:3-A_47	39.0 b	PSF2:3-A_42	11.3 b
PSF2:3-A_73	43.5 b	PSF2:3-A_75	116.5 a	PSF2:3-A_43	38.5 b	PSF2:3-A_63	11.0 b
PSF2:3-A_75	43.0 b	PSF2:3-A_79	115.8 a	PSF2:3-A_6	37.5 b	PSF2:3-A_6	11.0 b
PSF2:3-A_78	42.5 b	PSF2:3-A_57	114.0 a	PSF2:3-A_13	29.6 b	PSF2:3-A_44	9.6 b
P₁	51.0 a	P₁	136.4 a	P₁	56.0 a	P₁	15.0 a
P₂	51.0 a	P₂	134.3 a	P₂	63.0 a	P₂	15.0 a

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade e NNM: número de nós na maturidade. P₁: BRS256_{RR}; P₂: TMG1179_{RR}.

TABELA 1B - Médias das progênies F_{2:3} da PF_{2:3}-A:BRS256_{RR} x TMG1179_{RR} para os caracteres NNP, NVT, PGP e PGL.

Progênie	NNP	Progênie	NVT	Progênie	PGP	Progênie	PGL
PSF2:3-A_20	14.6 a	PSF2:3-A_27	143.0 a	PSF2:3-A_27	26.5 a	PSF2:3-A_68	195.5 a
PSF2:3-A_25	14.5 a	PSF2:3-A_22	123.6 a	PSF2:3-A_22	20.5 b	PSF2:3-A_15	194.5 a
PSF2:3-A_17	14.5 a	PSF2:3-A_19	122.0 a	PSF2:3-A_19	19.5 b	PSF2:3-A_51	188.5 a
PSF2:3-A_19	14.0 a	PSF2:3-A_57	114.8 a	PSF2:3-A_17	19.5 b	PSF2:3-A_12	187.0 a
PSF2:3-A_81	13.5 a	PSF2:3-A_60	111.0 a	PSF2:3-A_57	18.1 c	PSF2:3-A_72	179.0 a
PSF2:3-A_10	13.5 a	PSF2:3-A_17	108.0 a	PSF2:3-A_16	18.0 c	PSF2:3-A_74	178.0 a
PSF2:3-A_26	13.3 a	PSF2:3-A_63	98.5 b	PSF2:3-A_60	17.3 c	PSF2:3-A_11	176.5 a
PSF2:3-A_35	12.8 a	PSF2:3-A_62	91.3 b	PSF2:3-A_63	17.0 c	PSF2:3-A_69	176.0 a
PSF2:3-A_22	12.8 a	PSF2:3-A_54	85.8 b	PSF2:3-A_62	16.6 c	PSF2:3-A_48	172.0 a
PSF2:3-A_11	12.8 a	PSF2:3-A_21	84.1 b	PSF2:3-A_15	16.5 c	PSF2:3-A_65	171.0 a
PSF2:3-A_36	12.8 a	PSF2:3-A_48	83.8 b	PSF2:3-A_2	16.5 c	PSF2:3-A_54	171.0 a
PSF2:3-A_53	12.6 a	PSF2:3-A_14	83.1 b	PSF2:3-A_54	16.3 c	PSF2:3-A_82	170.5 a
PSF2:3-A_49	12.6 a	PSF2:3-A_15	83.0 b	PSF2:3-A_71	16.0 c	PSF2:3-A_31	169.5 a
PSF2:3-A_23	12.6 a	PSF2:3-A_1	81.3 b	PSF2:3-A_48	15.6 c	PSF2:3-A_9	167.0 a
PSF2:3-A_21	12.6 a	PSF2:3-A_32	80.3 b	PSF2:3-A_24	15.6 c	PSF2:3-A_16	165.0 a
PSF2:3-A_71	12.5 a	PSF2:3-A_24	77.8 c	PSF2:3-A_53	15.5 c	PSF2:3-A_77	164.5 a
PSF2:3-A_47	12.5 a	PSF2:3-A_3	77.0 c	PSF2:3-A_20	15.5 c	PSF2:3-A_13	163.0 a
PSF2:3-A_24	12.5 a	PSF2:3-A_44	76.1 c	PSF2:3-A_28	15.1 c	PSF2:3-A_56	162.0 a
PSF2:3-A_16	12.5 a	PSF2:3-A_20	74.5 c	PSF2:3-A_32	15.0 c	PSF2:3-A_30	158.0 a
PSF2:3-A_2	12.5 a	PSF2:3-A_41	73.5 c	PSF2:3-A_3	15.0 c	PSF2:3-A_22	157.5 a
PSF2:3-A_50	12.3 a	PSF2:3-A_37	71.5 c	PSF2:3-A_7	14.8 c	PSF2:3-A_59	157.0 a
PSF2:3-A_32	12.3 a	PSF2:3-A_46	71.3 c	PSF2:3-A_21	14.6 c	PSF2:3-A_4	156.0 a
PSF2:3-A_82	12.3 a	PSF2:3-A_29	70.6 c	PSF2:3-A_1	14.6 c	PSF2:3-A_50	155.5 a
PSF2:3-A_48	12.3 a	PSF2:3-A_71	70.5 c	PSF2:3-A_29	14.5 c	PSF2:3-A_70	154.5 a
PSF2:3-A_77	12.1 a	PSF2:3-A_79	70.0 c	PSF2:3-A_14	14.3 c	PSF2:3-A_73	154.0 a
PSF2:3-A_72	12.1 a	PSF2:3-A_43	70.0 c	PSF2:3-A_82	14.0 d	PSF2:3-A_67	151.5 a
PSF2:3-A_68	12.1 a	PSF2:3-A_78	69.8 c	PSF2:3-A_69	13.8 d	PSF2:3-A_3	151.5 a
PSF2:3-A_37	12.1 a	PSF2:3-A_5	69.0 c	PSF2:3-A_78	13.6 d	PSF2:3-A_14	150.5 a
PSF2:3-A_14	12.1 a	PSF2:3-A_39	68.5 c	PSF2:3-A_66	13.6 d	PSF2:3-A_64	148.0 a

PSF2:3-A_65	12.0 a	PSF2:3-A_38	67.6 c	PSF2:3-A_79	13.5 d	PSF2:3-A_36	144.5 a
PSF2:3-A_64	12.0 a	PSF2:3-A_34	67.6 c	PSF2:3-A_81	13.5 d	PSF2:3-A_58	144.0 a
PSF2:3-A_15	12.0 a	PSF2:3-A_10	67.5 c	PSF2:3-A_76	13.5 d	PSF2:3-A_39	142.5 a
PSF2:3-A_51	11.8 a	PSF2:3-A_58	67.3 c	PSF2:3-A_43	13.5 d	PSF2:3-A_8	140.5 a
PSF2:3-A_12	11.8 a	PSF2:3-A_26	67.3 c	PSF2:3-A_5	13.5 d	PSF2:3-A_76	138.5 b
PSF2:3-A_56	11.6 a	PSF2:3-A_7	66.8 c	PSF2:3-A_36	13.1 d	PSF2:3-A_49	138.0 b
PSF2:3-A_67	11.6 a	PSF2:3-A_18	66.6 c	PSF2:3-A_45	13.1 d	PSF2:3-A_71	136.0 b
PSF2:3-A_54	11.6 a	PSF2:3-A_16	66.5 c	PSF2:3-A_34	13.1 d	PSF2:3-A_63	136.0 b
PSF2:3-A_80	11.5 a	PSF2:3-A_50	66.3 c	PSF2:3-A_64	13.0 d	PSF2:3-A_46	136.0 b
PSF2:3-A_69	11.5 a	PSF2:3-A_35	65.6 c	PSF2:3-A_55	13.0 d	PSF2:3-A_21	136.0 b
PSF2:3-A_66	11.5 a	PSF2:3-A_36	65.6 c	PSF2:3-A_46	13.0 d	PSF2:3-A_25	135.5 b
PSF2:3-A_45	11.5 a	PSF2:3-A_2	65.5 c	PSF2:3-A_18	13.0 d	PSF2:3-A_5	132.0 b
PSF2:3-A_58	11.4 a	PSF2:3-A_55	65.5 c	PSF2:3-A_61	12.8 d	PSF2:3-A_81	131.0 b
PSF2:3-A_76	11.3 a	PSF2:3-A_65	65.0 c	PSF2:3-A_67	12.6 d	PSF2:3-A_32	130.5 b
PSF2:3-A_75	11.3 a	PSF2:3-A_8	64.6 c	PSF2:3-A_50	12.6 d	PSF2:3-A_66	129.0 b
PSF2:3-A_70	11.3 a	PSF2:3-A_61	64.6 c	PSF2:3-A_10	12.6 d	PSF2:3-A_34	128.0 b
PSF2:3-A_62	11.3 a	PSF2:3-A_64	64.3 c	PSF2:3-A_37	12.5 d	PSF2:3-A_10	127.0 b
PSF2:3-A_59	11.1 a	PSF2:3-A_11	64.0 c	PSF2:3-A_4	12.5 d	PSF2:3-A_61	126.5 b
PSF2:3-A_39	11.1 a	PSF2:3-A_53	64.0 c	PSF2:3-A_65	12.3 d	PSF2:3-A_20	125.5 b
PSF2:3-A_52	11.1 a	PSF2:3-A_81	63.8 c	PSF2:3-A_58	12.3 d	PSF2:3-A_18	124.0 b
PSF2:3-A_38	11.1 a	PSF2:3-A_45	63.3 c	PSF2:3-A_26	12.3 d	PSF2:3-A_45	123.0 b
PSF2:3-A_34	11.1 a	PSF2:3-A_67	63.0 c	PSF2:3-A_35	12.0 d	PSF2:3-A_17	122.5 b
PSF2:3-A_29	11.1 a	PSF2:3-A_40	62.6 c	PSF2:3-A_39	11.8 d	PSF2:3-A_41	122.0 b
PSF2:3-A_7	11.1 a	PSF2:3-A_28	61.0 c	PSF2:3-A_11	11.6 d	PSF2:3-A_38	122.0 b
PSF2:3-A_55	11.0 a	PSF2:3-A_66	60.3 c	PSF2:3-A_44	11.6 d	PSF2:3-A_78	121.5 b
PSF2:3-A_8	11.0 a	PSF2:3-A_12	59.1 c	PSF2:3-A_49	11.5 d	PSF2:3-A_75	119.0 b
PSF2:3-A_61	10.8 a	PSF2:3-A_82	58.5 c	PSF2:3-A_38	11.5 d	PSF2:3-A_23	117.5 b
PSF2:3-A_33	10.8 a	PSF2:3-A_9	58.0 c	PSF2:3-A_75	11.5 d	PSF2:3-A_60	117.0 b
PSF2:3-A_30	10.8 a	PSF2:3-A_68	58.8 c	PSF2:3-A_41	11.5 d	PSF2:3-A_57	116.5 b
PSF2:3-A_57	10.6 a	PSF2:3-A_69	55.6 c	PSF2:3-A_13	11.5 d	PSF2:3-A_52	116.5 b

PSF2:3-A_28	10.6 a	PSF2:3-A_72	54.6 c	PSF2:3-A_12	11.5 d	PSF2:3-A_53	115.5 b
PSF2:3-A_18	10.6 a	PSF2:3-A_6	54.0 c	PSF2:3-A_8	11.5 d	PSF2:3-A_33	115.5 b
PSF2:3-A_79	10.5 a	PSF2:3-A_42	53.5 c	PSF2:3-A_68	11.3 d	PSF2:3-A_7	113.5 b
PSF2:3-A_74	10.5 a	PSF2:3-A_33	53.5 c	PSF2:3-A_23	11.1 d	PSF2:3-A_37	113.0 b
PSF2:3-A_5	10.5 a	PSF2:3-A_25	52.5 c	PSF2:3-A_72	11.1 d	PSF2:3-A_79	112.5 b
PSF2:3-A_60	10.3 a	PSF2:3-A_23	52.0 c	PSF2:3-A_77	11.0 d	PSF2:3-A_26	112.5 b
PSF2:3-A_31	10.1 a	PSF2:3-A_47	51.5 c	PSF2:3-A_40	11.0 d	PSF2:3-A_28	111.5 b
PSF2:3-A_78	10.0 a	PSF2:3-A_76	50.6 c	PSF2:3-A_30	10.8 d	PSF2:3-A_24	109.0 b
PSF2:3-A_73	10.0 a	PSF2:3-A_75	49.0 c	PSF2:3-A_25	10.8 d	PSF2:3-A_55	105.5 b
PSF2:3-A_63	10.0 a	PSF2:3-A_13	49.0 c	PSF2:3-A_9	10.6 d	PSF2:3-A_27	104.5 b
PSF2:3-A_40	10.0 a	PSF2:3-A_4	48.5 c	PSF2:3-A_47	10.5 d	PSF2:3-A_35	103.0 b
PSF2:3-A_27	10.0 a	PSF2:3-A_70	48.3 c	PSF2:3-A_33	10.5 d	PSF2:3-A_19	102.5 b
PSF2:3-A_9	9.6 a	PSF2:3-A_80	46.6 c	PSF2:3-A_56	10.3 d	PSF2:3-A_43	102.0 b
PSF2:3-A_43	9.6 a	PSF2:3-A_30	44.6 c	PSF2:3-A_80	10.3 d	PSF2:3-A_29	100.5 b
PSF2:3-A_46	9.5 a	PSF2:3-A_59	44.1 c	PSF2:3-A_74	10.1 d	PSF2:3-A_80	98.0 b
PSF2:3-A_41	9.5 a	PSF2:3-A_74	43.8 c	PSF2:3-A_59	10.1 d	PSF2:3-A_1	97.5 b
PSF2:3-A_1	9.5 a	PSF2:3-A_51	41.5 c	PSF2:3-A_51	10.1 d	PSF2:3-A_6	95.0 b
PSF2:3-A_6	9.3 a	PSF2:3-A_49	40.3 c	PSF2:3-A_6	10.1 d	PSF2:3-A_62	94.5 b
PSF2:3-A_42	8.8 a	PSF2:3-A_56	39.6 c	PSF2:3-A_42	10.0 d	PSF2:3-A_40	93.5 b
PSF2:3-A_4	8.5 a	PSF2:3-A_31	39.3 c	PSF2:3-A_70	9.6 d	PSF2:3-A_47	86.5 b
PSF2:3-A_3	8.5 a	PSF2:3-A_73	37.0 c	PSF2:3-A_52	9.5 d	PSF2:3-A_2	86.0 b
PSF2:3-A_44	8.3 a	PSF2:3-A_52	35.1 c	PSF2:3-A_73	9.1 d	PSF2:3-A_44	82.0 b
PSF2:3-A_13	7.0 a	PSF2:3-A_77	33.1 c	PSF2:3-A_31	8.8 d	PSF2:3-A_42	62.0 b
P₁	11.0 a	P₁	55.0 c	P₁	11.4 d	P₁	159.0 a
P₂	12.0 a	P₂	86.0 b	P₂	15.3 d	P₂	136.1 b

NNP: número de nós produtivos; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha. P₁: BRS256_{RR}; P₂: TMG1179_{RR}.

TABELA 2A - Médias das progênies F_{2:3} advindas da população da PF_{2:3}-B:BR7380_{RRX} TMG1179_{RR} para os caracteres NDF, NDM, APM e NNM.

Progênie	NDF	Progênie	NDM	Progênie	APM	Progênie	NNM
PSF2:3-B_73	42.0 a	PSF2:3-B_73	113.5 a	PSF2:3-B_59	89.7 a	PSF2:3-B_52	21.5 a
PSF2:3-B_72	41.0 a	PSF2:3-B_72	111.0 a	PSF2:3-B_71	78.7 a	PSF2:3-B_58	20.7 a
PSF2:3-B_71	41.0 a	PSF2:3-B_62	109.5 a	PSF2:3-B_2	76.3 a	PSF2:3-B_2	20.5 a
PSF2:3-B_49	41.0 a	PSF2:3-B_49	104.5 a	PSF2:3-B_39	75.3 a	PSF2:3-B_50	19.8 a
PSF2:3-B_4	41.0 a	PSF2:3-B_61	103.5 a	PSF2:3-B_48	75.0 a	PSF2:3-B_59	19.8 a
PSF2:3-B_58	40.5 a	PSF2:3-B_66	102.0 a	PSF2:3-B_70	74.9 a	PSF2:3-B_71	19.5 a
PSF2:3-B_52	40.0 a	PSF2:3-B_4	102.0 a	PSF2:3-B_52	73.6 a	PSF2:3-B_23	19.5 a
PSF2:3-B_20	40.0 a	PSF2:3-B_43	101.5 a	PSF2:3-B_23	73.5 a	PSF2:3-B_20	19.3 a
PSF2:3-B_68	39.5 a	PSF2:3-B_2	101.5 a	PSF2:3-B_55	73.1 a	PSF2:3-B_70	19.1 a
PSF2:3-B_50	39.5 a	PSF2:3-B_51	100.0 a	PSF2:3-B_50	73.1 a	PSF2:3-B_22	19.0 a
PSF2:3-B_8	39.5 a	PSF2:3-B_46	100.0 a	PSF2:3-B_12	72.8 a	PSF2:3-B_49	18.6 a
PSF2:3-B_51	39.0 a	PSF2:3-B_71	99.5 a	PSF2:3-B_20	70.8 a	PSF2:3-B_72	18.5 a
PSF2:3-B_43	39.0 a	PSF2:3-B_70	99.5 a	PSF2:3-B_68	70.7 a	PSF2:3-B_48	18.5 a
PSF2:3-B_41	39.0 a	PSF2:3-B_68	99.5 a	PSF2:3-B_72	70.1 a	PSF2:3-B_24	18.2 a
PSF2:3-B_74	38.5 a	PSF2:3-B_50	99.5 a	PSF2:3-B_22	70.0 a	PSF2:3-B_37	18.1 a
PSF2:3-B_62	38.5 a	PSF2:3-B_28	99.5 a	PSF2:3-B_58	69.9 a	PSF2:3-B_29	18.1 a
PSF2:3-B_30	38.5 a	PSF2:3-B_74	99.0 a	PSF2:3-B_12	69.5 a	PSF2:3-B_69	18.0 a
PSF2:3-B_22	38.5 a	PSF2:3-B_64	99.0 a	PSF2:3-B_13	69.2 a	PSF2:3-B_61	17.8 a
PSF2:3-B_18	38.5 a	PSF2:3-B_59	99.0 a	PSF2:3-B_57	68.0 a	PSF2:3-B_18	17.8 a
PSF2:3-B_2	38.5 a	PSF2:3-B_41	99.0 a	PSF2:3-B_30	67.7 a	PSF2:3-B_14	17.8 a
PSF2:3-B_66	38.0 a	PSF2:3-B_30	99.0 a	PSF2:3-B_40	67.3 a	PSF2:3-B_33	17.6 a
PSF2:3-B_28	38.0 a	PSF2:3-B_26	99.0 a	PSF2:3-B_49	67.3 a	PSF2:3-B_46	17.5 a
PSF2:3-B_21	38.0 a	PSF2:3-B_53	98.0 a	PSF2:3-B_10	65.5 a	PSF2:3-B_35	17.5 a
PSF2:3-B_17	38.0 a	PSF2:3-B_32	98.0 a	PSF2:3-B_29	65.3 a	PSF2:3-B_19	17.5 a
PSF2:3-B_15	38.0 a	PSF2:3-B_31	98.0 a	PSF2:3-B_8	65.3 a	PSF2:3-B_1	17.5 a
PSF2:3-B_70	37.5 a	PSF2:3-B_23	98.0 a	PSF2:3-B_24	65.3 a	PSF2:3-B_68	17.3 a
PSF2:3-B_69	37.5 a	PSF2:3-B_21	98.0 a	PSF2:3-B_4	65.0 a	PSF2:3-B_36	17.3 a
PSF2:3-B_64	37.5 a	PSF2:3-B_17	98.0 a	PSF2:3-B_51	64.3 a	PSF2:3-B_62	17.3 a
PSF2:3-B_63	37.5 a	PSF2:3-B_1	98.0 a	PSF2:3-B_38	64.3 a	PSF2:3-B_67	17.0 a
PSF2:3-B_19	37.5 a	PSF2:3-B_63	97.5 a	PSF2:3-B_37	63.8 a	PSF2:3-B_65	17.0 a
PSF2:3-B_3	36.5 b	PSF2:3-B_27	97.5 a	PSF2:3-B_67	63.6 a	PSF2:3-B_57	16.8 a
PSF2:3-B_67	36.0 b	PSF2:3-B_24	97.5 a	PSF2:3-B_6	63.5 a	PSF2:3-B_47	16.8 a
PSF2:3-B_40	36.0 b	PSF2:3-B_19	97.5 a	PSF2:3-B_46	63.5 a	PSF2:3-B_41	16.8 a
PSF2:3-B_36	36.0 b	PSF2:3-B_15	97.5 a	PSF2:3-B_62	62.6 a	PSF2:3-B_12	16.8 a

PSF2:3-B_31	36.0 b	PSF2:3-B_67	97.0 a	PSF2:3-B_64	62.4 a	PSF2:3-B_4	16.8 a
PSF2:3-B_29	36.0 b	PSF2:3-B_65	97.0 a	PSF2:3-B_47	62.3 a	PSF2:3-B_38	16.7 a
PSF2:3-B_13	36.0 b	PSF2:3-B_40	97.0 a	PSF2:3-B_69	62.1 a	PSF2:3-B_64	16.5 a
PSF2:3-B_65	35.5 b	PSF2:3-B_29	97.0 a	PSF2:3-B_34	61.5 a	PSF2:3-B_51	16.5 a
PSF2:3-B_59	35.5 b	PSF2:3-B_20	97.0 a	PSF2:3-B_54	61.3 a	PSF2:3-B_28	16.5 a
PSF2:3-B_54	35.5 b	PSF2:3-B_5	97.0 a	PSF2:3-B_36	60.5 b	PSF2:3-B_8	16.5 a
PSF2:3-B_33	35.5 b	PSF2:3-B_52	96.5 a	PSF2:3-B_18	60.3 b	PSF2:3-B_5	16.5 a
PSF2:3-B_23	35.5 b	PSF2:3-B_42	96.5 a	PSF2:3-B_56	59.7 b	PSF2:3-B_55	16.3 a
PSF2:3-B_11	35.5 b	PSF2:3-B_25	96.5 a	PSF2:3-B_65	59.5 b	PSF2:3-B_30	16.3 a
PSF2:3-B_10	35.5 b	PSF2:3-B_22	96.5 a	PSF2:3-B_45	58.7 b	PSF2:3-B_10	16.3 a
PSF2:3-B_7	35.5 b	PSF2:3-B_13	96.5 a	PSF2:3-B_74	58.4 b	PSF2:3-B_15	16.2 a
PSF2:3-B_1	35.5 b	PSF2:3-B_8	96.5 a	PSF2:3-B_41	58.4 b	PSF2:3-B_40	16.1 a
PSF2:3-B_61	35.0 b	PSF2:3-B_69	96.0 a	PSF2:3-B_17	58.0 b	PSF2:3-B_6	16.1 a
PSF2:3-B_53	35.0 b	PSF2:3-B_36	96.0 a	PSF2:3-B_15	57.5 b	PSF2:3-B_74	16.0 a
PSF2:3-B_25	35.0 b	PSF2:3-B_16	96.0 a	PSF2:3-B_19	57.5 b	PSF2:3-B_13	16.0 a
PSF2:3-B_16	35.0 b	PSF2:3-B_45	95.5 a	PSF2:3-B_14	56.5 b	PSF2:3-B_44	15.8 a
PSF2:3-B_56	34.5 b	PSF2:3-B_44	95.5 a	PSF2:3-B_5	56.2 b	PSF2:3-B_17	15.6 a
PSF2:3-B_55	34.5 b	PSF2:3-B_39	95.5 a	PSF2:3-B_35	56.0 b	PSF2:3-B_45	15.5 a
PSF2:3-B_46	34.5 b	PSF2:3-B_18	95.5 a	PSF2:3-B_60	55.2 b	PSF2:3-B_27	15.3 a
PSF2:3-B_42	34.5 b	PSF2:3-B_3	95.5 a	PSF2:3-B_33	54.5 b	PSF2:3-B_54	15.1 a
PSF2:3-B_37	34.5 b	PSF2:3-B_54	95.0 a	PSF2:3-B_66	53.8 b	PSF2:3-B_53	15.1 a
PSF2:3-B_34	34.5 b	PSF2:3-B_38	95.0 a	PSF2:3-B_44	52.8 b	PSF2:3-B_34	15.1 a
PSF2:3-B_27	34.5 b	PSF2:3-B_12	95.0 a	PSF2:3-B_26	52.8 b	PSF2:3-B_31	15.1 a
PSF2:3-B_26	34.5 b	PSF2:3-B_60	94.5 a	PSF2:3-B_32	52.3 b	PSF2:3-B_66	15.0 a
PSF2:3-B_12	34.5 b	PSF2:3-B_58	94.5 a	PSF2:3-B_73	52.3 b	PSF2:3-B_26	15.0 a
PSF2:3-B_6	34.5 b	PSF2:3-B_57	94.5 a	PSF2:3-B_28	52.3 b	PSF2:3-B_60	14.8 a
PSF2:3-B_57	34.0 b	PSF2:3-B_55	94.5 a	PSF2:3-B_43	52.0 b	PSF2:3-B_32	14.8 a
PSF2:3-B_47	34.0 b	PSF2:3-B_37	94.5 a	PSF2:3-B_21	51.5 b	PSF2:3-B_39	14.5 a
PSF2:3-B_44	34.0 b	PSF2:3-B_34	94.5 a	PSF2:3-B_61	51.3 b	PSF2:3-B_21	14.3 a
PSF2:3-B_39	34.0 b	PSF2:3-B_33	94.5 a	PSF2:3-B_3	51.1 b	PSF2:3-B_9	14.3 a
PSF2:3-B_38	34.0 b	PSF2:3-B_9	94.5 a	PSF2:3-B_25	50.6 b	PSF2:3-B_56	14.1 a
PSF2:3-B_32	34.0 b	PSF2:3-B_14	93.5 a	PSF2:3-B_16	47.2 b	PSF2:3-B_43	14.0 a
PSF2:3-B_5	34.0 b	PSF2:3-B_56	93.0 a	PSF2:3-B_53	45.9 b	PSF2:3-B_25	14.0 a
PSF2:3-B_48	33.5 b	PSF2:3-B_11	93.0 a	PSF2:3-B_11	45.9 b	PSF2:3-B_73	13.5 a
PSF2:3-B_60	33.0 b	PSF2:3-B_10	93.0 a	PSF2:3-B_9	45.5 b	PSF2:3-B_3	13.5 a
PSF2:3-B_24	33.0 b	PSF2:3-B_48	92.5 a	PSF2:3-B_31	45.5 b	PSF2:3-B_63	13.3 a

PSF2:3-B_35	32.0 b	PSF2:3-B_47	91.5 a	PSF2:3-B_42	43.8 b	PSF2:3-B_42	13.0 a
PSF2:3-B_45	31.5 b	PSF2:3-B_7	91.5 a	PSF2:3-B_63	43.4 b	PSF2:3-B_16	13.0 a
PSF2:3-B_14	31.5 b	PSF2:3-B_6	91.5 a	PSF2:3-B_27	42.3 b	PSF2:3-B_11	13.0 a
PSF2:3-B_9	31.0 b	PSF2:3-B_35	90.0 a	PSF2:3-B_7	35.5 b	PSF2:3-B_7	12.7 a
P₁	28.0 b	P₁	98.0 a	P₁	58.0 b	P₁	17.0 a
P₂	41.0 a	P₂	123.0 a	P₂	58.0 b	P₂	16.0 a

NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade e NNM: número de nós na maturidade. P₁: BRS7380_{RR}; P₂: TMG1179_{RR}.

TABELA 2B - Médias das progênies F_{2:3} advindas da população da PF_{2:3}-B:BR7380_{RRX} TMG1179_{RR} para os caracteres NNP, NVT, PGP e PGL.

Progênie	NNP	Progênie	NVT	Progênie	PGP	Progênie	PGL
PSF2:3-B_50	19.3 a	PSF2:3-B_59	162.3 a	PSF2:3-B_36	37.1 a	PSF2:3-B_59	246.0 a
PSF2:3-B_58	19.8 a	PSF2:3-B_36	153.8 a	PSF2:3-B_58	35.8 a	PSF2:3-B_34	209.5 a
PSF2:3-B_2	18.8 a	PSF2:3-B_58	153.5 a	PSF2:3-B_15	34.5 a	PSF2:3-B_12	201.0 a
PSF2:3-B_52	18.6 a	PSF2:3-B_18	151.3 a	PSF2:3-B_56	33.5 a	PSF2:3-B_33	199.5 a
PSF2:3-B_20	17.8 a	PSF2:3-B_15	148.2 a	PSF2:3-B_50	33.5 a	PSF2:3-B_56	197.5 a
PSF2:3-B_22	17.6 a	PSF2:3-B_53	139.3 a	PSF2:3-B_53	31.0 a	PSF2:3-B_54	197.5 a
PSF2:3-B_70	17.5 a	PSF2:3-B_20	136.2 a	PSF2:3-B_22	29.8 a	PSF2:3-B_57	197.0 a
PSF2:3-B_56	17.5 a	PSF2:3-B_33	129.6 a	PSF2:3-B_59	28.6 a	PSF2:3-B_13	195.5 a
PSF2:3-B_29	17.5 a	PSF2:3-B_22	126.8 a	PSF2:3-B_20	27.2 a	PSF2:3-B_45	190.0 a
PSF2:3-B_23	17.5 a	PSF2:3-B_50	124.5 a	PSF2:3-B_5	27.0 a	PSF2:3-B_74	189.5 a
PSF2:3-B_59	17.3 a	PSF2:3-B_31	121.5 a	PSF2:3-B_55	26.1 a	PSF2:3-B_21	189.0 a
PSF2:3-B_48	17.1 a	PSF2:3-B_56	119.0 a	PSF2:3-B_64	26.1 a	PSF2:3-B_21	186.5 a
PSF2:3-B_71	17.0 a	PSF2:3-B_64	116.0 a	PSF2:3-B_31	25.5 a	PSF2:3-B_69	183.5 a
PSF2:3-B_37	16.8 a	PSF2:3-B_3	109.8 a	PSF2:3-B_18	24.7 a	PSF2:3-B_60	183.0 a
PSF2:3-B_49	16.6 a	PSF2:3-B_5	108.7 a	PSF2:3-B_68	24.5 a	PSF2:3-B_66	182.0 a
PSF2:3-B_61	16.5 a	PSF2:3-B_10	107.1 a	PSF2:3-B_72	24.1 a	PSF2:3-B_42	182.0 a
PSF2:3-B_24	16.5 a	PSF2:3-B_62	103.5 a	PSF2:3-B_67	24.0 a	PSF2:3-B_19	180.0 a
PSF2:3-B_62	16.1 a	PSF2:3-B_44	103.3 a	PSF2:3-B_40	23.8 a	PSF2:3-B_23	178.5 a
PSF2:3-B_69	16.0 a	PSF2:3-B_52	102.6 a	PSF2:3-B_27	23.2 b	PSF2:3-B_71	174.5 a
PSF2:3-B_35	16.0 a	PSF2:3-B_67	102.5 a	PSF2:3-B_44	23.0 b	PSF2:3-B_68	174.0 a
PSF2:3-B_19	16.0 a	PSF2:3-B_70	100.1 b	PSF2:3-B_73	22.6 b	PSF2:3-B_38	173.5 a
PSF2:3-B_72	15.8 a	PSF2:3-B_27	99.0 b	PSF2:3-B_62	22.5 b	PSF2:3-B_30	172.5 a
PSF2:3-B_33	15.8 a	PSF2:3-B_7	98.8 b	PSF2:3-B_41	22.0 b	PSF2:3-B_63	168.0 a
PSF2:3-B_67	15.6 a	PSF2:3-B_40	95.3 b	PSF2:3-B_57	22.0 b	PSF2:3-B_46	166.5 a
PSF2:3-B_65	15.5 a	PSF2:3-B_68	94.5 b	PSF2:3-B_8	21.8 b	PSF2:3-B_72	166.0 a
PSF2:3-B_36	15.5 a	PSF2:3-B_41	93.6 b	PSF2:3-B_10	21.5 b	PSF2:3-B_11	165.0 a
PSF2:3-B_12	15.5 a	PSF2:3-B_19	93.1 b	PSF2:3-B_3	21.3 b	PSF2:3-B_25	163.5 a
PSF2:3-B_1	15.5 a	PSF2:3-B_72	92.5 b	PSF2:3-B_9	21.2 b	PSF2:3-B_22	163.5 a
PSF2:3-B_6	15.3 a	PSF2:3-B_21	60.6 b	PSF2:3-B_24	21.1 b	PSF2:3-B_6	162.0 a
PSF2:3-B_57	15.2 a	PSF2:3-B_9	90.3 b	PSF2:3-B_74	20.8 b	PSF2:3-B_55	161.5 a
PSF2:3-B_46	15.1 a	PSF2:3-B_38	90.0 b	PSF2:3-B_54	20.8 b	PSF2:3-B_20	161.5 a
PSF2:3-B_41	15.1 a	PSF2:3-B_8	89.7 b	PSF2:3-B_21	20.5 b	PSF2:3-B_7	160.5 a
PSF2:3-B_5	15.1 a	PSF2:3-B_12	89.3 b	PSF2:3-B_38	20.3 b	PSF2:3-B_49	159.5 a
PSF2:3-B_28	15.0 a	PSF2:3-B_37	87.3 b	PSF2:3-B_70	20.3 b	PSF2:3-B_53	159.5 a

PSF2:3-B_15	15.0 a	PSF2:3-B_13	87.1 b	PSF2:3-B_33	20.1 b	PSF2:3-B_18	159.5 a
PSF2:3-B_14	15.0 a	PSF2:3-B_57	86.1 b	PSF2:3-B_26	20.0 b	PSF2:3-B_17	159.5 a
PSF2:3-B_68	14.8 b	PSF2:3-B_63	84.4 b	PSF2:3-B_52	20.0 b	PSF2:3-B_24	158.0 a
PSF2:3-B_30	14.7 b	PSF2:3-B_61	83.6 b	PSF2:3-B_37	20.0 b	PSF2:3-B_65	157.0 a
PSF2:3-B_18	14.6 b	PSF2:3-B_24	82.6 b	PSF2:3-B_7	20.0 b	PSF2:3-B_43	155.0 a
PSF2:3-B_51	14.6 b	PSF2:3-B_71	82.0 b	PSF2:3-B_12	19.8 b	PSF2:3-B_1	154.0 a
PSF2:3-B_10	14.5 b	PSF2:3-B_65	81.8 b	PSF2:3-B_35	19.8 b	PSF2:3-B_47	150.5 b
PSF2:3-B_31	14.3 b	PSF2:3-B_55	81.0 b	PSF2:3-B_49	19.6 b	PSF2:3-B_32	150.0 b
PSF2:3-B_74	14.3 b	PSF2:3-B_54	79.8 b	PSF2:3-B_65	19.1 b	PSF2:3-B_50	149.5 b
PSF2:3-B_55	14.3 b	PSF2:3-B_32	79.6 b	PSF2:3-B_63	18.8 b	PSF2:3-B_40	149.5 b
PSF2:3-B_64	14.1 b	PSF2:3-B_74	78.8 b	PSF2:3-B_19	18.5 b	PSF2:3-B_26	149.0 b
PSF2:3-B_54	14.0 b	PSF2:3-B_4	78.0 b	PSF2:3-B_71	18.1 b	PSF2:3-B_37	148.5 b
PSF2:3-B_13	14.0 b	PSF2:3-B_35	77.5 b	PSF2:3-B_60	18.1 b	PSF2:3-B_51	147.0 b
PSF2:3-B_8	14.0 b	PSF2:3-B_6	76.6 b	PSF2:3-B_66	17.8 b	PSF2:3-B_41	147.0 b
PSF2:3-B_4	14.0 b	PSF2:3-B_66	75.8 b	PSF2:3-B_61	17.8 b	PSF2:3-B_58	146.0 a
PSF2:3-B_47	13.8 b	PSF2:3-B_60	75.6 b	PSF2:3-B_25	17.6 b	PSF2:3-B_48	143.0 a
PSF2:3-B_45	13.8 b	PSF2:3-B_73	74.5 b	PSF2:3-B_46	17.5 b	PSF2:3-B_36	142.0 a
PSF2:3-B_17	13.8 b	PSF2:3-B_30	73.8 b	PSF2:3-B_30	17.5 b	PSF2:3-B_27	142.0 a
PSF2:3-B_66	13.5 b	PSF2:3-B_49	72.6 b	PSF2:3-B_14	17.1 b	PSF2:3-B_10	142.0 a
PSF2:3-B_53	13.5 b	PSF2:3-B_51	72.6 b	PSF2:3-B_6	17.1 b	PSF2:3-B_16	141.0 a
PSF2:3-B_40	13.5 b	PSF2:3-B_29	71.5 b	PSF2:3-B_11	16.8 b	PSF2:3-B_44	138.5 a
PSF2:3-B_38	13.5 b	PSF2:3-B_2	69.6 b	PSF2:3-B_28	16.7 b	PSF2:3-B_29	138.5 a
PSF2:3-B_27	13.5 b	PSF2:3-B_11	69.0 b	PSF2:3-B_4	16.5 b	PSF2:3-B_39	138.0 a
PSF2:3-B_44	13.3 b	PSF2:3-B_1	68.7 b	PSF2:3-B_69	16.1 b	PSF2:3-B_15	136.0 a
PSF2:3-B_26	13.3 b	PSF2:3-B_23	68.1 b	PSF2:3-B_29	16.1 b	PSF2:3-B_28	135.0 a
PSF2:3-B_34	13.2 b	PSF2:3-B_45	67.5 b	PSF2:3-B_16	16.0 b	PSF2:3-B_52	134.0 a
PSF2:3-B_60	13.0 b	PSF2:3-B_46	67.3 b	PSF2:3-B_2	16.0 b	PSF2:3-B_8	133.5 a
PSF2:3-B_21	12.5 b	PSF2:3-B_14	67.0 b	PSF2:3-B_51	15.8 b	PSF2:3-B_70	132.0 a
PSF2:3-B_9	12.3 b	PSF2:3-B_47	66.8 b	PSF2:3-B_42	15.8 b	PSF2:3-B_31	131.5 a
PSF2:3-B_25	12.1 b	PSF2:3-B_43	65.1 b	PSF2:3-B_43	15.6 b	PSF2:3-B_3	131.5 a
PSF2:3-B_39	12.0 b	PSF2:3-B_28	63.6 b	PSF2:3-B_39	15.6 b	PSF2:3-B_61	131.0 a
PSF2:3-B_11	12.0 b	PSF2:3-B_26	61.3 b	PSF2:3-B_1	15.5 b	PSF2:3-B_35	130.0 a
PSF2:3-B_32	11.8 b	PSF2:3-B_69	61.1 b	PSF2:3-B_47	15.3 b	PSF2:3-B_62	120.0 a
PSF2:3-B_73	11.8 b	PSF2:3-B_25	60.6 b	PSF2:3-B_32	15.3 b	PSF2:3-B_73	119.0 a
PSF2:3-B_63	11.6 b	PSF2:3-B_48	59.2 b	PSF2:3-B_23	15.1 b	PSF2:3-B_67	119.0 a
PSF2:3-B_43	11.6 b	PSF2:3-B_16	59.2 b	PSF2:3-B_34	14.5 b	PSF2:3-B_4	115.5 a

PSF2:3-B_3	11.5 b	PSF2:3-B_42	59.0 b	PSF2:3-B_13	14.5 b	PSF2:3-B_64	155.0 a
PSF2:3-B_42	11.3 b	PSF2:3-B_17	58.3 b	PSF2:3-B_48	14.3 b	PSF2:3-B_5	114.5 a
PSF2:3-B_7	11.3 b	PSF2:3-B_34	53.1 b	PSF2:3-B_45	14.0 b	PSF2:3-B_14	112.0 a
PSF2:3-B_16	11.0 b	PSF2:3-B_39	47.7 b	PSF2:3-B_17	13.6 b	PSF2:3-B_9	106.0 a
P₁	15.1 a	P₁	67.0 b	P₁	17.0 b	P₁	165.0 a
P₂	14.4 b	P₂	108.1 a	P₂	21.4 b	P₂	194.0 a

NNP: número de nós produtivos; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta; PGL: produção de grãos por linha. P₁: BRS7380_{RR}; P₂: TMG1179_{RR}.