

NATÁLIA LUIZA ALMEIDA DE MORAES

**PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROGÊNIES F2:3 E F2:4 EM
SOJA**

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

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiuyiki Hamawaki

Co-orientadora

Prof. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA

MINAS GERAIS - BRASIL

2019

NATÁLIA LUIZA ALMEIDA DE MORAES

**PARÂMETROS GENÉTICOS E SELEÇÃO DE PROGÊNIES F2:3 E F2:4 EM
SOJA**

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

APROVADA em 26 de fevereiro de 2019

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

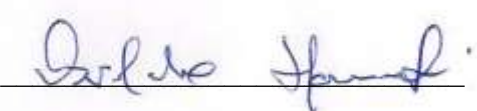
UFU

Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti

UFU

Prof.^a Dr.^a Juliana Araújo Santos Martins

IFTM



Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

(Orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS - BRASIL

2019

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

M827p Moraes, Natália Luiza Almeida de, 1992
2019 Parâmetros genéticos e seleção de progênies F2:3 e F2 [recurso eletrônico] : em soja / Natália Luiza Almeida de Moraes. - 2019.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.1319>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

1. Agronomia. 2. Soja - Melhoramento genético. 3. Genética vegetal.
4. Produtividade agrícola. I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki, 1954,
(Orient.) II. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-
Graduação em Agronomia. III. Título.

CDU: 631

Angela Aparecida Vicentini Tzi Tziboy – CRB-6/947

Aos meus pais, José Reinaldo e Maria Aparecida

À minha irmã Ana Beatriz

À Deus

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus, por me dar forças mesmo diante das dificuldades.

Aos meus pais, José Reinaldo e Maria Aparecida, por todo o apoio e incentivo.

À minha irmã, Ana Beatriz, pela amizade, dedicação e ajuda.

À professora Dr.^a Ana Paula, por toda orientação, dedicação e pelos conhecimentos transmitidos.

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

Aos estagiários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela ajuda e suporte nas atividades experimentais, e pela descontração durante os sábados de trabalho

Aos colegas da pós-graduação que fazem parte do programa de melhoramento, Alex, Anna Regina, Carolina, Lorraine, Murilo, Thúlio, Fernanda e Flaviane pelas risadas, ajuda e ensinamentos compartilhados.

Aos membros da banca examinadora, Prof. Dr. Fernando Cezar Juliati e Prof.^a Dr.^a Juliana Araújo Santos Martins pela disponibilidade e contribuição na melhoria do trabalho.

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

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

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO.....	7
ABSTRACT.....	8
1. INTRODUÇÃO GERAL	9
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
2.1. Origem e expansão da soja	11
2.2. Importância Econômica e produção da soja	12
2.3. Melhoramento da soja	13
2.4. Estimativas de parâmetros genéticos.....	15
2.5. Estratégias de seleção em soja	16
3. REFERÊNCIAS	19
CAPÍTULO 1. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de progênies F2:3 em soja utilizando diferentes estratégias de seleção.	23
RESUMO.....	23
ABSTRACT.....	24
1. INTRODUÇÃO	25
2. MATERIAL E MÉTODOS	26
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4. CONCLUSÕES	45
5. REFERÊNCIAS	47
CAPITULO 2. Parâmetros genéticos e seleção de genótipos em população F4 de soja	50
RESUMO.....	50
ABSTRACT.....	51

1.	INTRODUÇÃO	52
2.	MATERIAL E MÉTODOS.....	53
3.	RESULTADOS E DISCUSSÕES	58
4.	CONCLUSÕES	70
5.	REFERÊNCIAS.....	71

RESUMO

MORAES, NATÁLIA LUIZA ALMEIDA. **Parâmetros genéticos e seleção de progênies F2:3 e F2:4 em soja**. 2019, Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil.¹

A cultura da soja possui grande importância mundial, devido seus elevados teores de proteína e óleo presentes no grão, sendo considerada uma oleaginosa com altos valores nutricionais. A estimativa de parâmetros genéticos é de extrema importância para o conhecimento do melhorista, pois permite conhecer a natureza genética dos caracteres de uma população que está sendo estudada permitindo auxiliar também nas melhores estratégias de seleção de genótipos superiores. Diante disso o presente trabalho teve por objetivos a estimativa de parâmetros genéticos em progênies F2:3 e F2:4 e selecionar genótipos superiores de acordo com as estratégias de seleção. Foram realizados dois experimentos na fazenda experimental Capim Branco, no município de Uberlândia, Minas Gerais. O primeiro experimento foi semeado em fevereiro de 2018. Foram avaliados 154 genótipos de soja em geração F3 desenvolvidas pelo programa de melhoramento de soja da UFU, adotou-se o delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Inicialmente foram avaliados os parâmetros genéticos e posteriormente os ganhos genéticos obtidos pela seleção direta e indireta e baseada em índices a partir dos caracteres avaliados: Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturidade (NDM); Altura da planta no florescimento (APF); Altura da planta na maturidade (APM); Altura de inserção da primeira vagem (AIV); Número de nós totais (NNT); Número de nós produtivos (NNP); Número de vagens com 1 grão (NV1G); Número de vagens com 2 grãos (NV2G); Número de vagens com 3 grãos (NV3G). Constatou-se a existência de variabilidade genética entre os genótipos estudados para todos os caracteres agrônômicos estudados. A herdabilidade dos caracteres relacionados ao ciclo, altura de planta na maturidade, número de nós no florescimento e os componentes de produtividade foram considerados altos nesse experimento, demonstrando que a variância existente para esses caracteres pode ser atribuída a maior parte por causas genéticas. O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentou maior ganho total de seleção quando comparado a seleção direta e a seleção por índice de Mulamba & Mock (1978). O segundo experimento foi conduzido na safra 2018/2019 onde foram avaliados 45 genótipos de soja em geração F4 e cinco testemunhas. Todos os caracteres avaliados apresentaram elevados valores de herdabilidade (>70) e Cvg/Cve maior que uma unidade mostrando situação favorável para se praticar seleção direta para esses caracteres. A seleção direta apresentou elevados ganhos de seleção para o caractere de produtividade bem como o índice de Mulamba & Mock (1978).

Palavras-chave: Estratégias de seleção, *Glycine max*, Genótipos superiores.

¹Orientador: Prof. Dr. Oswaldo Toshiyuki Hamawaki e Co-orientadora: Professora Dr.^a Ana Paula de Oliveira Nogueira – UFU

ABSTRACT

MORAES, NATALIA LUIZA ALMEIDA. **Genetic parameters and selection of F2: 3 and f2: 4 progenies in soybean.** 2019, Dissertation (Master in Agronomy / Phytotechnology) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.

1

The soybean cultivation has world wide due its high protein and oil present in the grain, being considered an oleaginous plant with high nutritional values. The estimation of genetic parameters is of extreme importance to the knowledge of the breeder, because it allows you to know the nature genetic of characters in a population that is being studied allowing assist also in the best strategies for selection of superior genotypes. In the objective of this study aimed to estimate genetic parameters in F2: 3 and F2: 4 and selecting superior genotypes in accordance with the selection strategies. Two experiments were conducted at the experimental farm Capim Branco, in the city of Uberlândia, Minas Gerais. The first experiment was sown in February 2018. Were evaluated 154 soybean genotypes in F3 generation developed by the soybean breeding program of the UFU, a randomized complete block design with two replications. Were initially evaluated the genetic parameters and genetic gains obtained subsequently by direct and indirect selection and based on index from the traits evaluated: Number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM); Plant height at flowering (APF); Plant height at maturity (APM); Height of insertion of the first pod (AIV); Total number of nodes (NNT); Number of nodes productive (NNP); Number of pods with 1 grain (NV1G); Number of pods with 2 grains (NV2G); Number of pods with 3 grains (NV3G). We found the existence of genetic variability among the genotypes studied for all agronomic traits studied. The heritability of traits related to the cycle, plant height at maturity, number of nodes at flowering, and productivity components were considered high in this experiment, demonstrating that the existing variance for these traits can be attributed to the greater part by genetic causes. The classic index proposed by Smith (1936) and Hazel (1943) showed higher total gain of selection when compared to direct selection and selection by index of Mulamba & Mock (1978). The second experiment was conducted in the 2018/2019 season, where they were evaluated 45 soybean genotypes in F4 generation and five witnesses. All characters evaluated showed high heritability values (> 70) and Cvg / Cve greater than a unit, showing favorable situation for direct selection for these traits. The direct selection presented higher selection gains for the character of productivity as well as the Mulamba & Mock (1978).

Key-words: Selection strategies, Glycine max, Superior genotypes

¹Orientador: Prof. Dr. Oswaldo Toshiyuki Hamawaki e Co-orientadora: Professora Dr.^a Ana Paula de Oliveira Nogueira – UFU

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) está entre as leguminosas de maior importância mundial, por ser uma excelente fonte de proteína e óleo apresentando alto valor nutricional destinada para consumo humano e animal, além disso destaca-se como fonte de matéria prima destinada a fabricação de biocombustíveis (LEITE et al., 2016).

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja e na safra 2017/2018 a produção foi estimada em 116,99 milhões de toneladas em uma área cultivada de 35,10 milhões de hectares (Companhia Nacional de Abastecimento-CONAB, 2018). O avanço da cultura em termos de produção e área cultivada só foi possível devido ao país possuir excelentes condições climáticas que favoreceram o desenvolvimento da cultura e também pela contribuição com pesquisas em melhoramento genético destinado ao lançamento de cultivares adaptadas a um amplo local de cultivo (BORÉM; MIRANDA, 2013; TEIXEIRA, 2017).

Em um programa de melhoramento genético, é de extrema importância a existência da variabilidade genética para que se possa ter êxito no processo seletivo. O melhoramento convencional de soja é um processo extenso que envolve várias etapas, desde a escolha dos progenitores contrastantes, desenvolvimento de populações segregantes, avaliação e seleção de famílias até a recomendação de linhagens (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Os genótipos selecionados devem possuir simultaneamente um conjunto de características agrônômicas favoráveis, que contribuam para o aumento do rendimento de grãos e que satisfaçam as exigências do mercado (LEITE et al., 2016). Almeja-se em um programa de melhoramento de soja o lançamento de cultivares resistentes à diversas pragas e doenças como a ferrugem asiática, tolerantes à seca, resistentes ao acamamento, precocidade, maior rendimento de grãos, maior teor de óleo e proteína.

A seleção de genótipos superiores não é uma tarefa fácil, uma vez que a maioria dos caracteres agrônômicos são quantitativos, ou seja, controlados por vários genes e bastante influenciados pelo ambiente, desse modo o melhorista deve possuir estratégias que possibilitem ter uma efetiva seleção. Neste contexto, conhecer sobre a herança dos caracteres e estimar os parâmetros genéticos permite conhecer o potencial genético da população e direcionar a seleção de genótipos superiores (ROCHA, 2018).

Uma das estratégias utilizadas em programas de melhoramento é a seleção direta e indireta, na qual espera-se obter ganhos elevados praticando a seleção de único caráter, porém com a seleção de um único caráter pode ocasionar respostas favoráveis ou desfavoráveis sobre outros caracteres (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Durante o processo de seleção de genótipos superiores, objetiva-se se a melhoria de um caráter principal e o aperfeiçoamento e/ou manutenção dos caracteres de importância secundária não ocorrendo respostas desfavoráveis desses caracteres (VASCONCELOS et al., 2010; NOGUEIRA et al., 2012).

Uma das alternativas para aprimorar o processo de seleção é o uso de índices de seleção, na qual permite selecionar os genótipos baseados na junção de todos os caracteres de interesse, permitindo assim selecionar somente genótipos que possuam um conjunto simultâneo das características de interesse, aumentando o sucesso de seleção de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014).

Portanto, o estudo dos parâmetros genéticos de soja e a identificação das melhores estratégias de seleção é de extrema importância para ter eficiência no processo de seleção para o desenvolvimento de novas cultivares que possuam um conjunto de caracteres favoráveis para se obter elevados rendimentos. Diante do exposto, objetivou-se neste estudo estimar os parâmetros genéticos e avaliar estratégias de seleção em progênies F2:3 e F2:4.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Origem e expansão da soja no Brasil

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é uma espécie originária do leste da Ásia, em uma região conhecida como região da Manchúria (MIYASAKA; MEDINA, 1981). Inicialmente a soja foi considerada como um grão sagrado para a civilização antiga chinesa, há relatos do seu cultivo como alimento há mais de 5.000 anos (MULLER, 1981; EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA-EMBRAPA, 2003).

A planta de soja que se conhece hoje é bem diferente da soja que antecedeu, pois ela é resultado de um processo evolutivo que iniciou-se pelo cruzamento natural entre espécies de soja silvestres e que foi domesticada ao longo dos anos e melhorada para as características de interesse, a soja cultivada nunca foi encontrada na forma silvestre (EMBRAPA, 2009; BORÉM; MIRANDA, 2013). Apesar de ser uma cultura muito antiga, o seu cultivo comercial só iniciou nos Estados Unidos depois da segunda década do século XX, inicialmente cultivada como forrageira e depois de alguns anos iniciou-se o cultivo como grão (BEM, 2015).

Acredita-se que os primeiros materiais de soja foram introduzidos no Brasil por volta da década de 80, pelo professor da escola de Agronomia da Bahia, que trouxe genótipos provenientes dos Estados Unidos, entretanto estes genótipos não apresentaram boa adaptação (DALL'AGNOL, 2016). Em 1891 a cultura começou a ser cultivada pelo Instituto Agrônomo de Campinas, no estado de São Paulo, apresentando melhores desenvolvimentos do que comparado ao estado da Bahia, por apresentar maiores latitudes (22° Sul) (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Em 1940, a soja foi cultivada no Rio Grande do Sul com grande êxito, uma vez que as condições edafoclimáticas eram semelhantes à região de origem, de onde elas foram trazidas (COSTA; SANTANA, 2013). Entretanto, nessa época a cultura não obteve muito sucesso devido às pesquisas sobre essa cultura serem muito escassas. Por volta dos anos 50 foram criados os primeiros institutos destinadas as pesquisas com soja, como o Instituto Privado de Fomento à Soja (INSTISOJA) e alguns anos depois vários outros institutos de pesquisas foram formados como a Federação das Cooperativas de Trigo (1957), Companhia Estadual de Silos e Armazéns (1960), Embrapa Soja (1975) (DALL'AGNOL, 2016).

Em 1960 o Brasil produziu cerca 205.74 t de grãos de soja e foi nessa década que a cultura apresentou significativa expansão econômica em virtude dos incentivos políticos como foi o caso da política oficial de incentivo ao trigo, que também passou a estimular

a produção de soja, devido a possibilidade de realizar o plantio da cultura no verão utilizando os mesmos insumos agrícolas e equipamentos que eram utilizados para o trigo no inverno (SILVA, 2013)

A expansão da soja ocorreu em diversos estados brasileiros, inicialmente no estado do Rio Grande do Sul, sendo a primeira região a ultrapassar os 100.00 t (1954), o Paraná foi o segundo estado a alcançar uma produção de 100.000 t de soja; seguido por São Paulo (1972), Santa Catarina (1972), Mato Grosso do Sul (1973), Minas Gerais (1976), Goiás (1978), Mato Grosso (1980), Bahia (1986), Maranhão (1994), Tocantins (2000), Piauí (2003), Roraima (2003) e Pará (2005) (DALL'AGNOL, 2016).

A grande expansão da soja somente se consolidou a partir da década de 70, com a criação de programas de melhoramento de soja, buscando o lançamento de novas cultivares adaptadas as regiões de cultivo brasileira (NEVES, 2011). As pesquisas em programas de melhoramento genético foram fundamentais para a expansão da soja para regiões de baixa latitude, estabelecendo a soja no Cerrado e os estados da Amazônia, Maranhão, Piauí e Tocantins (MIRANDA, 2014)

2.2.Importância Econômica e produção da soja

O agronegócio é de extrema importância para a economia mundial, além da importância social, na geração de rendas e empregos, conferindo ao país um papel único no comércio mundial, é responsável por uma parcela importante do produto interno bruto (PIB) (JESUS; REGO, 2015).

De acordo o Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada-CEPEA (2017), 21,6% do PIB brasileiro foi atribuído às atividades que compõe o setor do agronegócio, incluindo os segmentos de insumos, agropecuária, indústria e distribuição, relatando a maior participação na última década. Tal posicionamento é reforçado por Zanella e Lesmann (2017) que enfatizam o crescimento econômico que a agricultura possibilitou ao país, destacando sua relevância no cenário internacional, uma vez que o Brasil é um dos maiores produtores e exportadores de grãos do mundo.

A soja está entre os cultivos que mais evoluiu em relação à área cultivada e a produtividade de grãos. Em 1949, a soja foi cultivada em apenas três estados da região Sul do país, com uma área plantada de 640 ha e uma produtividade de 700 kg ha⁻¹ (DALL'AGNOL, 2016). Com o avanço das pesquisas, a área cultivada e a produtividade cresceram expressivamente e permitiu o cultivo da soja em todas as regiões brasileiras, conforme a CONAB (2018), na safra 2017/2018 o país alcançou uma área plantada de 35,10 milhões de hectares com um rendimento de 3.333 kg ha⁻¹ e uma produção de 116,99

milhões de hectares. O Mato Grosso é o maior estado produtor de soja correspondendo a 27 % de toda produção do país (31,88 milhões de toneladas), em seguida o Paraná com uma produção de 19,07 milhões de toneladas e em terceiro o Rio Grande do Sul produzindo 16,96 milhões de toneladas (CONAB, 2018)

A expansão da soja está associada aos avanços tecnológicos no setor, ao avanço nas melhorias de manejo adotado pelo produtor ao longo dos anos e aos programas de melhoramento genéticos voltados ao lançamento de cultivares que atendam a demanda do mercado (PEIXOTO et al., 2018).

2.3. Melhoramento da soja

Sabe-se que um dos fatores que ocasionou o sucesso da expansão da soja no Brasil foram às pesquisas de melhoramento genético da cultura, que desenvolveram cultivares melhoradas e adaptadas a uma ampla faixa de latitude (ALMEIDA, 2005).

O Melhoramento genético contribuiu para o desenvolvimento de cultivares com menor sensibilidade ao fotoperíodo, adaptadas a regiões de menores latitudes como a região centro-oeste, sendo atribuída essa característica como período juvenil longo (PJL) (RICHTER et al., 2018). Nestas condições, a planta não é induzida ao florescimento, mesmo se sujeita as condições de fotoperíodo curto, possibilitando assim um maior crescimento vegetativo (ALMEIDA et al., 1999). Cultivares com o PJL podem ser mais flexíveis, permitindo uma janela mais ampla para a semeadura da cultura, não prejudicando o potencial produtivo da cultivar o que é um fator determinante para viabilizar o cultivo da soja em diversas regiões do Brasil (RICHTER et al., 2018).

Além de cultivares com o PJL, o objetivo básico de um programa de melhoramento genético de soja é a obtenção de cultivares que reúnam um conjunto de características que permitam rendimentos mais elevados como: cultivares resistentes à diversas doenças e pragas, resistentes ao acamamento, com maiores teores de proteínas e óleo no grão, tolerantes à seca, tolerantes a solos mais ácidos, elevadas produtividades e cultivares mais precoces (BACAXIXI, 2011).

A busca por cultivares mais precoces (com ciclos melhores que 100 dias) representam uma estratégia para minimizar as perdas ocasionadas pela ferrugem asiática que é uma doença tardia e além disso, viabilizam o plantio de milho na segunda safra (SEDIYAMA et al., 2015). De acordo com Silva et al. (2007) o uso de cultivares mais precoces permite realizar um manejo de escape, a cultura fica menos tempo no campo reduzindo os danos causados pelo fungo. Melo et al., (2015) ao avaliar a tolerância de

genótipos de soja à ferrugem-asiática, verificou uma tendência dos genótipos mais precoces apresentarem as menores reduções de produtividade.

Para cada região produtora da cultura, objetiva-se encontrar cultivares que expressem seu máximo rendimento, para que a cultura leve maior rentabilidade ao produtor, o rendimento é afetado tanto pela genética do material como os fatores ambientais em que esse material é submetido, essa capacidade do material de produzir é expressa por caracteres morfológicos da planta como número de vagens por planta, número de grãos, tamanho e peso do grão, altura da planta, número de nós produtivos (BACAXIXI, 2011).

O lançamento de novas cultivares é um processo longo e contínuo que envolve várias etapas desde a escolha dos progenitores e hibridação desses, até a avaliação ao longo de gerações, multiplicação e recomendação das linhagens. Esse processo é dependente de selecionar genótipos superiores, dentro de progênies homozigotas e heterozigotas resultantes do cruzamento de parentais contrastantes, onde diferentes estratégias são utilizadas para a obtenção de genótipos superiores (MUNIZ, 2007).

Inicialmente no melhoramento de soja é feita a escolha dos progenitores de acordo com o objetivo que se visa obter e a partir disso é realizado o processo de hibridação artificial entre os parentais para que se crie uma população com variabilidade genética (SHIGIHARA, 2018). De acordo com Muniz (2007), o processo de hibridação é usado por melhoristas como forma de recombinação genica entre os diferentes genótipos, de modo a gerar a variabilidade genética, sendo assim faz-se o cruzamento de dois ou mais materiais elites para a obtenção de genótipos que reúnam um conjunto de novas e melhoradas características (CECCARELLI, 2014).

O mercado atual tem exigido cultivares mais precoces, sendo o ciclo uma das características agrônomicas de grande importância no melhoramento genético. A utilização de cultivares de soja precoce permite a semeadura de milho segunda safra após a colheita de soja (MEOTTI et al., 2012).

Na maioria dos estados brasileiros o cultivo de soja e milho são realizados em sucessão, tendo isso em vista, a semeadura do milho segunda safra que é altamente dependente da colheita de soja. O atraso no início do plantio da soja ou o uso de cultivares mais tardias encurtam a janela ideal de semeadura de milho, fazendo com que a cultura seja semeada fora da janela ideal de plantio de milho, prejudicando o desenvolvimento da cultura. No ano agrícola 2017/2018, estima-se que a área cultivada com milho de

segunda safra foi de 11.552,8 mil hectares, enquanto a área ocupada por milho de primeira safra foi de 5.084,0 mil hectares (CONAB, 2018).

De acordo com KONG et al. (2014), há dez genes que estão relacionados com a determinação do ciclo da soja, onde o conhecimento desses genes e a estimativa de parâmetros genéticos para o ciclo da soja, contribuem para a escolha de estratégias utilizadas nas etapas de seleção de genótipos em um programa de melhoramento.

2.4. Estimativas de parâmetros genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos de uma população como coeficiente de herdabilidade, coeficiente de variação genética e razão entre CV_g/CV_e permitem conhecer o potencial da população para fins de melhoramento e definir a melhor estratégia de seleção para o melhorista (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Estudos genéticos podem ser realizados em populações segregantes em gerações iniciais até as gerações mais avançadas (HAMAWAKI et al., 2012)

Em um programa de melhoramento que visa o lançamento de cultivares convencionais, há um processo longo para a geração de novas cultivares, uma vez que é necessário o avanço de várias gerações e isso se torna um trabalho oneroso e exige muita mão de obra, diante disso estimar os parâmetros genéticos permite que os melhoristas tenham uma eficiente estratégia para a escolha dos melhores métodos de melhoramento e seleção dos genótipos promissores ao longo das gerações com base no conhecimento da herança dos caracteres de interesse (ZORZETTO et al., 2008).

Diversas estratégias de seleção de populações segregantes tem sido utilizada em programas de melhoramento com o objetivo de se obter linhagens com características superiores as cultivares disponíveis no mercado, com isso a estimativa de parâmetros genéticos é de extrema importância para fornecer orientações aos melhoristas afim de se selecionar os melhores genótipos (SILVA et al., 2018)

A herdabilidade (H^2) é um parâmetro genético essencial para analisar as estratégias de seleção e tal análise é de suma importância, especialmente para os caracteres quantitativos, uma vez que são altamente influenciáveis pelo ambiente. A herdabilidade permite conhecer o que se pode atribuir as causas genéticas e ambientais (LEITE et al., 2016). A herdabilidade é definida como a proporção da variância genética sobre a variância fenotípica aplicada sobre uma população segregante, sendo específica para determinado ambiente na qual os genótipos foram estudados (RAMALHO et al., 2012).

Joshi et al. (2018), avaliando parâmetros genéticos entre caracteres de interesse agrônomo em uma população com 120 genótipos de soja, encontraram valores estimados em relação a herdabilidade acima de 70 % para os caracteres: Número de nós totais por planta, altura da planta, número de dias até o florescimento, número de dias até a maturidade, número de vagens por planta e peso de 100 grãos. A herdabilidade está fortemente relacionada com o ganho de seleção, quanto maior o valor de herdabilidade maiores serão as chances do sucesso de seleção (TEIXEIRA, 2017)

A herdabilidade pode variar de zero a um, quando a herdabilidade é igual a zero, a variação que houve entre os indivíduos é exclusivamente atribuída a causas ambientais, já quando os valores de herdabilidade são próximos ou iguais a um, pode se dizer que a variação que houve na população é atribuída a causas genéticas (CRUZ, 2016).

Os valores de herdabilidade podem ser influenciados de acordo com alguns fatores como: variação genética de cada população para cada caráter, o ambiente em que os genótipos estão inseridos, o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, o tamanho da amostra avaliada e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BORÉM; MIRANDA, 2013). Segundo Carvalho et al. (2009) o estudo desse parâmetro permite pressupor o ganho obtido na próxima geração, e com isso possibilita a seleção de genótipos com características superiores.

As estimativas de herdabilidade podem ser no sentido amplo ou restrito, sendo a primeiro referente à razão entre a variância genética e a variância genotípica e a segunda refere-se a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996).

Outro parâmetro importante para o conhecimento do melhorista é a razão entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e). É utilizado como um índice indicativo no grau de facilidade de seleção de cada caráter. Quando a razão for igual ou maior que um tem-se uma situação favorável para praticar seleção sobre aquela população, ou seja a variação genética existente é responsável pelas variações atribuídas na população (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012).

2.5.Estratégias de seleção em soja

No melhoramento de soja, há diversas estratégias que podem ser utilizadas para a seleção de genótipos superiores. Esta seleção não é tarefa fácil, uma vez que os caracteres de importância agrônoma em sua maioria apresentam baixa herdabilidade e com isso o

melhorista deve buscar estratégias eficientes para selecionar genótipos superiores em uma população (BÁRBARO et al., 2009; CRUZ, 2013).

Segundo Teixeira (2017) a seleção direta é uma das estratégias utilizadas pelos melhoristas com o objetivo de se obter ganhos máximos para um caráter que se pratica a seleção, porém pode-se ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis para os caracteres que são de importância secundária. Bizari (2014), ao avaliar as estratégias de seleção para populações F5 em soja, identificou-se que a seleção direta proporcionou maiores ganhos individuais para todas as características avaliadas, onde os maiores ganhos obtidos pela seleção direta ocorreram para os seguintes caracteres: Produtividade de grãos (34,58%), altura de inserção da primeira vagem (27,55%), número de vagens (26,34%) e altura da planta na maturidade (12,68%).

Para processo eficiente de seleção é necessário que o genótipo reúna uma série de características favoráveis para elevar seu rendimento, com disso a seleção baseada em uma ou em poucas características é um processo pouco eficiente, visto que pode-se obter genótipos superiores apenas com relação aos caracteres selecionados (COSTA et al., 2004).

Para melhorar as estratégias de seleção, os índices de seleção tornam-se como uma alternativa viável para selecionar genótipos superiores, pois possibilitam fazer a seleção simultaneamente com base em múltiplas características de interesse (BIZARI, 2014).

Ao se comparar a seleção direta preconizada sobre um caráter e a seleção através de índices de seleção, pode-se inferir que a utilização de índices de seleção gera resultados superiores, pode-se observar que o ganho direto sobre o caráter selecionado é reduzido, porém é compensado pela melhoria de ganho nos demais caracteres. Há diferentes índices utilizados como estratégias de seleção, na qual representa diferentes alternativas para se obter ganhos na seleção de genótipos superiores, possibilitando identificar a maneira mais rápida e eficiente para selecionar os genótipos mais adequados de acordo com o objetivo de um programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Bárbaro et al., (2007) ao comparar as diferentes estratégias de seleção, identificou que a seleção direta entre família possui maior expectativa de progresso genético para a maioria dos caracteres agronômicos avaliados, mas demonstrou que uso de índices de seleção também é uma alternativa viável, em virtude da aquisição de ganhos mais distribuídos em todos os caracteres avaliados sem prejudicar o caráter principal, demonstrando maiores ganhos com seleção para os caracteres agronômicos para o índice baseado na soma de “ranks”. Para caráter produtividade de grãos considerado o de maior

importância econômica, a seleção entre famílias apresentou ganhos diretos de 5,54 a 43,64, já ao comparar o índice de Mulamba & Mock os ganhos obtidos foram de 4,90 a 43,46 e de 2,72 a 30,53 para o índice de seleção Pesek & Baker.

3. REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, I. R. **O clima como um dos fatores de expansão da cultura da soja no Rio Grande do Sul, Paraná e Mato Grosso**. 2005. Tese (Doutorado em Geografia) - FCT, UNESP, Presidente Prudente, 2005. <https://doi.org/10.5747/ca.2009.v05.n1.a00324>
- BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L.; BRASIL, E.; BUENO, C.; RICARDO, H.; EPIPHANIO, P.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Ano X, n. 20, 2011.
- BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BARBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, v. 5, p. 07-24, 2009. <https://doi.org/10.5747/ca.2009.v05.n1.a0041>
- BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T. Luz, umidade e temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas, 2009, p. 17- 27.
- BERNARD, R.L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, v.11, p.242–244, 1972. <https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020022x>
- 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**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.
- CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, v. 55, n. 1, p. 87-97, and 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.02.0158>
- CONAB. Acompanhamento da safra brasileira: grãos - safra 2017/18 – Nono levantamento. **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 5, n. 9, p. 1-178, 2018. ISSN: 2318-6852.
- COSTA, J.A. **Cultura da Soja**. Porto Alegre. Evangraf. 1996. 233p.
- 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**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.
- COSTA, N. L.; SANTANA, A. D. Poder de mercado e desenvolvimento de novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise da experiência brasileira. **Revista de Ciências Agrárias = Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 56, n. 1, p. 61-68, 2013. <https://doi.org/10.4322/rca.2013.003>
- CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum** v. 35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: Editora UFV, 2014. 668 p.

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

DALL'AGNOL, A. **Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 2016. 71 p.

EMBRAPA - EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias para a cultura da soja na região central do Brasil 2009/2010**. Disponível em <<https://www.embrapa.br/soja>>. Acesso em: 15 fevereiro 2019.

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

GOMES, J.V.S.; NETO, W.V.A; MEDEIROS, C.S.; SILVA, W.J.S.; VIEIRA, P.F.M.J. Classificação do ciclo da soja baseado no grupo de maturidade relativa. **Anais... II Jornada Científica da Embrapa Meio-Norte**, Teresina- PI, p.69-71, 2016.

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

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

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

MATSUO, É. SEDIYAMA, T., CRUZ, C. D., BROMMONSCHENKEL, S. H., DA COSTA FERREIRA, S., FIALHO, G. S. Efficiency of artificial hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 6, 2015. <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26171>

MIRANDA, R.S. O agronegócio da soja no brasil: do estado ao capital privado. **NORUS**, v1, n.2, p.121-141, 2014. <https://doi.org/10.15210/norus.v2i2.5759>

MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. Introdução e evolução da soja no Brasil no Estado de São Paulo. In: _____. 1 ed. **A soja no Brasil**. Campinas, ITAL, 1981. p.24-5. 31.

MILANESI, J.H. **Adubação da cultura da soja baseada nos teores mínimos de fósforo e potássio no solo**. 2015. 73f. Dissertação (Mestrado em Agricultura de precisão)- Universidade federal de Santa Maria Colégio Politécnico, Santa Maria- RS, 2015.

MÜLLER, L. Taxionomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Eds). **A Soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 65 104.

MUNIZ, F.R.S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007.94f. Tese (Doutorado em melhoramento de plantas)- Universidade Estadual Paulista Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Campus de Jaboticabal, Jaboticabal- SP, 2007.

NEVES, J.A. **Desempenho agronômico de genótipo de soja sob condições de baixa latitude em Teresina-PI**. Teresina. 2011. 94f. Dissertação (mestrado em agronomia) – curso de pós-graduação em agronomia, Universidade Federal do Piauí.

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 de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

JESUS, I. R. D. D.; RÊGO, R. B. Caracterização do agronegócio no mercado acionário brasileiro. **Relatórios de Pesquisa em Engenharia da Produção**, v. 14, n. A3, p. 29-37, 2012.

JOSHI, D.; PUSHPENDRA, K.S.; SNEHA, A. Study of Genetic Parameters in Soybean Germplasm Based on Field and Yield Contributing Traits. **Int.J.Curr.Microbiol.App.Sci**, v.7, n.1, p. 700-709,2018.
<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.701.085>

RICHTER, L.L.; STRECK, N.A.; TONEL, G.P.; ROLIM, B.S.M. TARDETTI, R.A. Duração do ciclo de desenvolvimento de soja em cultivar com e sem Período Juvenil Longo. **I encontro online para o aumento da produtividade da soja -CONSOJA**, p.1-p.4, 2018.

REZENDE, J.C.; BOTELHO, C.E.; OLIVEIRA, A.C.B.; SILVA, F.L.; CARVALHO, G.R.; PEREIRA, A.A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, v. 9 p. 347-353, 2014.

ROCHA, R.S. **Avaliação de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude**. 2009.58f. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) -Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Piauí.

PEIXOTO, S.A.; RIBEIRO, F.W.; RODRIGUES, C.C.; SILVA, A.C.; ARAUJO, M.S. Estudo econômico do cultivo de soja com safrinha de milho e girassol. **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, v.15 n.27; p.154-164, 2018.
https://doi.org/10.18677/EnciBio_2018A47

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

ROCHA, M. R. **Parâmetros genéticos, métodos de condução de população segregante e estratégias de seleção de genótipos de soja**. 2018. 138f. Tese (Doutorado em fitotecnia) –Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Universidade Federal de Uberlândia.

SHIGIHARA, D. **Herança de caracteres agronômicos e avaliação de fosfitos e fosfonatos em soja**. 2018. 63f. Tese (Doutorado em fitotecnia) - Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2018.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja do plantio à colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015. 314 p.

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

THOMAS, A. L. **Soja: tipo de crescimento da planta**. Porto Alegre: UFRGS. 59p.

THSENG, F.; HOSOKAWA, S. **Significance of growth habit in soybean breeding. I. Varietal differences in characteristics of growth habit**. Japanese Journal of Breeding, v. 22, p.261-268. 1972. <https://doi.org/10.1270/jsbbs1951.22.261>

VASCONCELOS, E. S., DE PAULA FERREIRA, R., CRUZ, C. D., MOREIRA, A., RASSINI, J. B., DE FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Ceres**, v. 57, n. 2, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

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

ZANELLA, T. P.; LEISMANN, E. L. Abordagem da sustentabilidade nas cadeias de commodities do agronegócio brasileiro a partir de sites governamentais. **Revista Metropolitana de Sustentabilidade**, v. 7, n. 2, p. 6-19, 2017.

ZORZETTO, M. M.; MOTTA, F. C.; MORAIS, L. K.; KIIHL, T. A. M. Análise dialética da capacidade combinatória em soja. **Revista Biociências**, v. 14, n. 2, 2009. <https://doi.org/10.1016/j.ijgo.2009.02.010>

CAPÍTULO 1. Estimativas de parâmetros genéticos e seleção de progênies F2:3 em soja utilizando diferentes estratégias de seleção.

RESUMO

Estimar os parâmetros genéticos é de extrema importância para conhecer a natureza dos caracteres envolvidos no processo de seleção e ainda definir a melhor estratégia de seleção de genótipos superiores. O melhorista pode adotar diversas estratégias para selecionar os genótipos, como a seleção direta para um caráter de interesse, porém essa seleção visa obter ganhos máximos com apenas o caráter que está sendo selecionado podendo ocasionar respostas desfavoráveis a outros caracteres de interesse secundário diante disso. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em progênies F2-3 de soja e selecionar progênies superiores utilizando diferentes estratégias de seleção. O experimento foi instalado na fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) em Uberlândia – MG. Foram avaliados 154 genótipos de soja em geração F3 desenvolvidos pelo programa de Melhoramento de Soja da UFU provenientes do cruzamento das cultivares UFUS 6901 e MG/BR 46 (Conquista). O experimento foi instalado em 10 de fevereiro de 2018 em delineamento de blocos casualizados com duas repetições e avaliados cinco plantas por parcela para os seguintes caracteres agronômicos: Número de dias para florescimento (NDF); Número de dias para maturidade (NDM); Altura da planta no florescimento (APF); Altura da planta na maturidade (APM); Altura de inserção da primeira vagem (AIV); Número de nós totais (NNT); Número de nós produtivos (NNP); Número de vagens com 1 grão (NV1G); Número de vagens com 2 grãos (NV2G); Número de vagens com 3 grãos (NV3G); Número de grão por vagem (NGV); Peso de 100 grãos (P100G); Peso de grãos por planta (PGPL). Os dados foram submetidos às análises estatístico-genéticas realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística - Programa GENES (CRUZ, 2016). Constatou existência de variância genética entre as progênies de soja ($P < 0,05$) pelo teste de F para todos os caracteres avaliados. Os caracteres de componentes de produtividade, altura da planta na maturidade, número de dias para o florescimento e número de dias para a maturidade apresentaram herdabilidade alta (> 70), associado a um CVg/CVe maior que um demonstrando serem caracteres agronômicos favoráveis para realizar a seleção. Os caracteres PGPL e NV1G foram os que apresentaram maiores variabilidade genéticas com 70,76 % e 56,62 % respectivamente. A seleção direta foi favorável para o peso de grãos por planta apresentando maiores valores de ganhos de seleção (111,23%) quando comparados com os índices de seleção, 94,25% para o índice Smith (1936) e Hazel (1943) e 70,61% para o índice Mulamba & Mock (1978). O índice proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentou maior ganho de seleção total quando comparado a outras estratégias de seleção (353,0%). Os genótipos G10, G11, G13, G17, G31, G45, G52, G77, G80, G104, G117, G126, G135, G138, G145 destacaram-se como os genótipos superiores pelo método de índice de seleção clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), pelo método de seleção direta e pelo índice de Mulamba & Mock (1978).

Palavras-chave: Genótipos Superiores, ganho de seleção, estratégia de seleção.

CHAPTER 1. Estimates of genetic parameters and selection of F2: 3 progenies in soybean using different selection strategies

ABSTRACT

To estimate the genetic parameters is of extreme importance to know the nature of the characters involved in the selection process and further define the best strategy for selection for superior genotypes. The breeder may adopt different strategies to select genotypes, as the direct selection for a character of interest, but this selection aims to obtain maximum gains with only the character that is being selected and may cause adverse responses to other secondary characters of interest before addition. The objective of this work was to estimate genetic parameters of agronomic traits in soybean F2-3 progenies and selecting superior progenies using different selection strategies. The experiment was installed in the farm Capim Branco of the Federal University of Uberlândia (UFU) in Uberlândia - MG. Were evaluated 154 soybean genotypes in F3 generation developed by the Soybean Breeding program of the UFU from the intersection of the cultivars UFUS 6901 and MG / BR 46 (Conquista) . The experiment was installed on February 10, 2018 in a randomized block design with two replications and evaluated five plants per plot for the following agronomic characters: Number of days to flowering (NDF); Number of days to maturity (NDM); Plant height at flowering (APF); Plant height at maturity (APM); Height of insertion of the first pod (AIV); Total number of nodes (NNT); Number of nodes productive ; (NNP) Number of pods with 1 grain (NV1G); Number of pods with 2 grains (NV2G); Number of pods with 3 grains (NV3G); Number of grains per pod (NGV); Weight of 100 grains (P100G); Weight of grains per plant (PGPL). The data were submitted to statistical analysis of genetic-performed using the Computational Program in Genetics and Statistics - GENES Program (CRUZ, 2016). Noted the existence of genetic variance among progenies of soybean ($P < 0.05$) by the F test, for all traits evaluated. The characters of components of productivity, plant height at maturity, number of days to flowering and number of days to maturity showed high heritability (> 70), associated to a CV_g / CV_e greater than one demonstrating being favorable agronomic characters to make the selection. The characters PGPL and NV1G were those that presented the highest genetic variability with 70.76% and 56.62%, respectively. The direct selection was favorable for the weight of grains per plant, presenting higher values of selection gains (111.23%) when compared with the selection indexes, 94.25% for the index Smith (1936) and Hazel (1943) and 70.61% for the index Mulamba & Mock (1978). The index proposed by Smith (1936) and Hazel (1943) presented a greater selection gain overall when compared to other selection strategies (353.0%). The genotypes G10, G11, G13, G31, G45, G77, G80, G104, G117, G126, G135, G138, G145 were highlighted as the superior genotypes by the method of classic selection index proposed by Smith (1936) and Hazel (1943), by the method of direct selection and the index of Mulamba & Mock (1978).

Keywords: Upper genotypes, selection gain, selection strategy.

1. INTRODUÇÃO

O desempenho da cultura da soja em termos de produção e competitividade no agronegócio mundial e brasileiro são atribuídos aos avanços em pesquisas científicas e em inserção de novas tecnologias no setor produtivo. De acordo com Borém e Miranda (2013), define-se que cerca de 50 % do acréscimo na produtividade das principais espécies vegetais é atribuído ao melhoramento genético de plantas.

A seleção de progênies superiores não é um processo fácil, pois a maioria dos caracteres de importância são quantitativos e esta seleção é complexa por serem influenciados pelo ambiente e estarem inter-relacionados de tal maneira que a seleção de um caráter pode promover mudanças em outros (CRUZ, 2011). Estimar os parâmetros genéticos tem grande importância no melhoramento genético, pois auxiliam os melhoristas a escolher o melhor método de seleção com base nos caracteres que devem ser selecionados nas etapas de um programa de melhoramento e a influência de caracteres quando selecionados separadamente ou em conjunto (ALIL et al., 2016).

Um dos principais objetivos do melhoramento de soja é a obtenção de cultivares produtivas sendo este um caráter com herança complexa. Diante disto, conhecer as variâncias genéticas bem como as associações entre os componentes que influenciam na produção de grãos e suas herdabilidades são de extrema importância para definir as melhores estratégias visando a seleção de genótipos superiores (GUERCIO; CAMARGO, 2011).

Há diferentes estratégias para a seleção de genótipos em populações segregantes, como a seleção direta, a seleção indireta e os índices de seleção. Na seleção direta, o melhorista tem o principal objetivo de obter ganhos para um único caráter de interesse, porém essa seleção não apresenta resultados satisfatórios uma vez que a cultivar pode ser superior para um ou poucos caracteres de interesse agrônomo. Uma alternativa utilizada no melhoramento de soja é a seleção de genótipos por índices de seleção. Na literatura são propostos diversos índices que podem ser utilizados no melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Diante do exposto este trabalho teve por objetivo estimar parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos em progênies F:3 de soja e selecionar progênies superiores para os caracteres correlacionados à produção de grãos com base na seleção direta e indireta e utilizando índices de seleção.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado no campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) na Fazenda Capim Branco da UFU, localizada no triângulo mineiro, no município de Uberlândia - MG, cujas coordenadas geográficas são 18°52'S; 48°20'W e 872 m de altitude. Os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento estão apresentados na Figura 1.

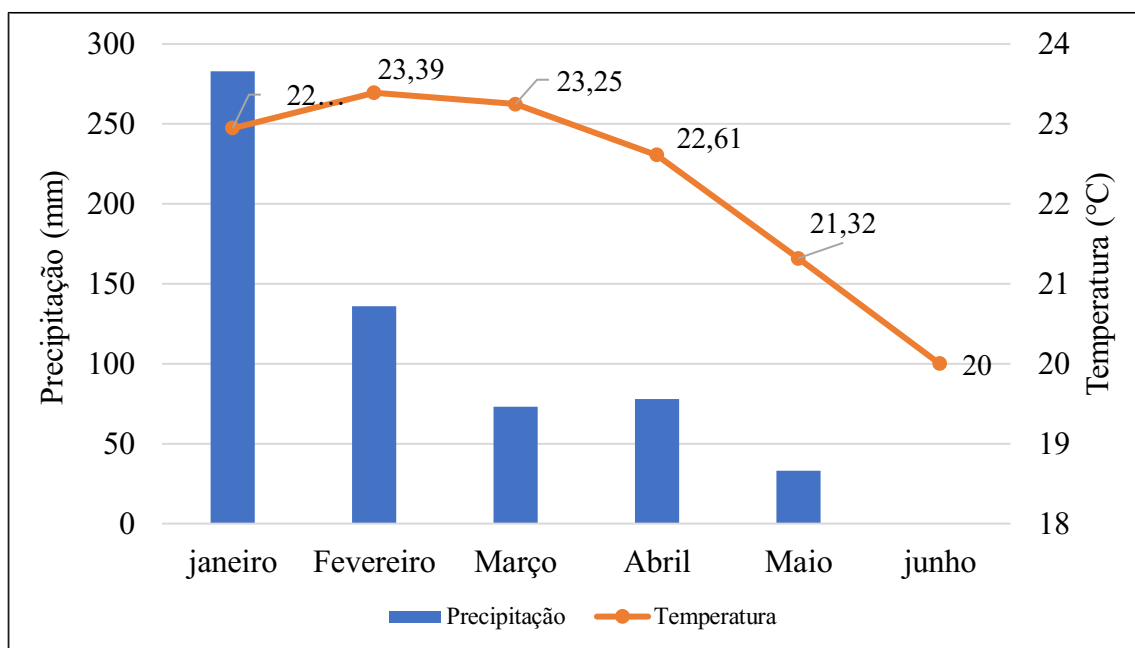


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação nos meses de janeiro de 2018 a junho de 2018 em Uberlândia, MG. Fonte: Instituto Nacional de Meteorologia (INMET, 2018)

Foram avaliados 154 genótipos de soja em geração F3, desenvolvidas pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), obtidas a partir do cruzamento das duas cultivares comerciais, UFUS 6901 e MG/BR46 Conquista, e estas também foram utilizadas como testemunha neste experimento. A escolha da cultivar UFUS 6901 como testemunha foi utilizada para critério de seleção para precocidade e a cultivar MG/BR46 Conquista para critérios de seleção com objetivo de produtividade.

O experimento foi realizado em delineamento de blocos casualizados com duas repetições. Cada parcela foi composta de uma linha de plantas de soja com 4,5 m de

comprimento espaçadas em 0,5 m. Utilizou-se 5 plantas de cada parcela para fins de avaliações.

A área experimental encontra-se sobre Latossolo Vermelho Escuro distrófico. Foi realizado o preparo convencional do solo com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e após o preparo foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. Foi realizada a adubação de semeadura, conforme às exigências da cultura, com a formulação de NPK 02-28-18 na dosagem de 400 kg ha.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com standak® top e, posteriormente realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* contendo duas estirpes da bactéria. A semeadura manual ocorreu em 10 de fevereiro de 2018, com aproximadamente 3 a 5 cm de profundidade e densidade de dezesseis plantas por metro linear. Após o plantio e fechamento dos sulcos foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Periodicamente realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor a cada três dias durante o ciclo da soja. Foram realizadas duas aplicações do fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e do inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹), a primeira realizada 30 dias após a emergência e a segunda realizada no florescimento R2. No estágio R5 foi realizada uma aplicação de fox (0,4 L p.c/h⁻¹) e do inseticida Acefato (1,0 g ha⁻¹). Foi realizado uma adubação foliar com micronutrientes Cobalto e Molibdênio também no estágio V4 da cultura.

As avaliações dos caracteres agronômicos foram realizadas nos estádios fenológicos R1 e R8 (FEHR; CAVINESS, 1977), caracterizados pelo início da fase reprodutiva, quando ocorre o florescimento, e final do ciclo quando 95% das vagens encontram-se com coloração de madura. Foram utilizadas cinco plantas amostradas na parcela para a avaliação dos caracteres com a exceção de peso de cem grãos e da produtividade que foram realizados a partir de todas as plantas da parcela.

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

-Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE até o aparecimento da primeira flor na haste principal (R1);

-Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE até a maturidade (R8);

-Altura da planta no florescimento (APF): medida em centímetros (cm) a partir da superfície do solo até o ultimo nó na haste principal da planta no estágio R1

- Altura da planta na maturidade (APM):** medida, em centímetros (cm), a partir da superfície do solo até o último nó na haste principal da planta no estágio R8.
- Altura de inserção da primeira vagem (AIV):** obtido pela medida do colo da planta até a altura da inserção da primeira vagem em cm.
- Número de nós totais (NNT):** foram contados todos os nós na haste principal na maturidade (estádio R8);
- Número de nós produtivos (NNP):** obtido pela contagem do número de nós na haste principal ou ramos que apresentavam a presença de vagens (R8);
- Número de vagens com 1 grão (NV1G):** número de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- Número de vagens com 2 grãos (NV2G):** número de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de vagens com 3 grãos (NV3G):** número de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de grão por vagem (NGV):** foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens;
- Peso de 100 grãos (P100G):** após a colheita foi mensurada a massa em gramas e corrigido para a umidade de 13% de cem grãos da parcela útil em oito repetições seguindo as indicações das Regras de Análise de Sementes (RAS) foram estimados em média o peso de cem grãos de cada parcela;
- Peso de grãos por planta (PGPL):** após a colheita, a parcela foi trilhada e beneficiada, em seguida foram mensuradas sua massa em balança digital com quatro casas decimais e a umidade em medidor de umidade de grãos e corrigida para 13 % após isso o peso em gramas foi dividido pelo número de plantas na linha.

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

Inicialmente, com o intuito de avaliar a existência variância genética foi realizado a análise de variância (ANOVA) e estimado os parâmetros genéticos para cada caráter avaliado adotando o seguinte modelo

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

Em que:

Y_{ij} : valor de cada caráter para o i -ésimo genótipo no j -ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo

B_j : efeito j-ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

Foram estimados a herdabilidade no sentido amplo de acordo com a fórmula abaixo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2(F3)}{\hat{\sigma}_f^2(F3)}$$

Em que:

h_a^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

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

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

O cálculo do coeficiente de variação genotípica (CVg) foi obtido com uso da seguinte fórmula:

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

Em que:

CV_g : Coeficiente de variação genotípica;

σ_g : Estimativa do desvio padrão genotípico;

m : média observada do caráter.

Em seguida por meio dos testes de média de Scott-Knott os genótipos foram agrupados aos níveis de 5 % de probabilidade e foi determinado o ganho de seleção para os caracteres adotando três estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e baseada em índices. Foram aplicadas como proporção de seleção de 20%. Para a seleção direta e indireta foram calculados os ganhos de seleção (GS) baseados no diferencial de seleção pelas estimativas a seguir:

$$GS_i = (X_{si} + X_{oi}) h_i^2 = DS_x h^2$$

Em que:

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

X_{si} : média dos genótipos selecionados para o caráter i;

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

H_i^2 : herdabilidade do caráter i ;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população

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

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

Em que:

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

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

O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) foi estimado pelo índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) descritos como a seguir:

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y'b$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g'a$$

Em que:

n : número de caracteres avaliados;

b : vetor de dimensão $1 \times n$ dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

y : matriz de dimensão $n \times p$ (plantas) de valores fenotípicos dos caracteres;

a : é o vetor de dimensão $1 \times n$ de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g : matriz de dimensão $n \times p$ de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

Assim, tem-se que o vetor $b = P^{-1} Ga$ em que P^{-1} é o inverso da matriz de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres; G é a matriz de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres.

O ganho esperado para o caráter j , quando a seleção é praticada sobre o índice, é expresso por:

$$\Delta g_{j(i)} = DS_{j(i)} h_j^2$$

Em que:

$\Delta g_{j(I)} = g_{j(I)}$: ganho esperado para o caráter j com a seleção baseada no índice I;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção do caráter j com a seleção baseada no índice I;

h^2_j é a herdabilidade do caráter j.

O índice baseado em soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978) é baseado na classificação dos genótipos em relação a cada caráter em ordem favorável ao melhoramento como descrito a seguir:

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

Sendo que:

I é o valor do índice para determinado indivíduo ou família;

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

n é o número de caracteres considerado no índice.

O melhorista pode desejar que a ordem de classificação das variáveis tenha pesos diferentes e especificá-los. Assim, tem-se:

$$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n,$$

Em que:

p_j é o peso econômico atribuído pelo usuário ao j-ésimo caráter.

Na seleção direta e indireta foi considerado o decréscimo para número de dias para florescimento, número de dias para maturidade e acréscimo para os demais caracteres. Para o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) foi adotado peso econômico igual a 1 para todos os caracteres.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F (Tabela 1) demonstrando a possibilidade de realizar seleção de genótipos superiores.

TABELA 1. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e peso de grãos por planta de 154 genótipos de soja, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	QMG	H ² (%)	CVg (%)	CVg/Cve	CV (%)
NDF	51,41**	68,98	10,92	1,05	10,36
NDM	130,01**	60,01	5,65	0,86	6,52
APF	106,25**	57,59	15,45	0,82	18,74
APM	240,46**	81,24	19,07	1,47	12,96
NNTF	5,42**	68,0	17,09	1,03	16,54
NNTM	6,42**	49,20	9,66	0,69	13,88
NNPM	7,38**	46,93	11,33	0,66	17,04
AIPV	11,32**	41,50	16,02	0,59	26,91
NV1G	128,79**	81,70	56,62	1,49	37,89
NV2G	241,10**	81,75	44,54	1,49	29,75
NV3G	194,16**	85,94	33,15	1,74	18,96
NTV	999,36**	86,13	33,09	1,76	18,77
NSV	0,60**	80,04	6,90	1,41	4,87
P100G	5,05**	68,05	12,25	1,03	11,87
PGPL	13,82**	94,74	70,76	2,92	23,61

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; NNTF: número de nós na haste principal no florescimento; NNTM: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagens; P100G: peso de cem grãos; PGPL: peso de grãos por planta. QMG: quadrado médio do genótipo; H²: coeficiente de herdabilidade; CVg: Coeficiente de variação genotípico; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genotípico e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. QMG seguidos por **e* são significativos ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; NS: não significativo para o teste F.

Avaliando a estimativa dos parâmetros genéticos em linhagens precoces de soja Trevisoli et al. (2012) também encontraram variabilidade genética entre as linhagens de soja para os caracteres: número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade e produtividade 5% de probabilidade.

O coeficiente de variação (CV) apresentou valores entre 4,87 % e 37,89 % para NSV e NV1G, respectivamente (Tabela 1). O CV foi maior para NV1G (37,89 %), NV2G (29,75%), AIPV (26,91%) e PGPL (23,61). De acordo com (PIMENTEL et al., 2013) o coeficiente de variação entre 20 % a 30 % é considerado alto, um elevado coeficiente de variação neste experimento pode ser explicado pelo fato de serem caracteres quantitativos, sendo altamente influenciados pelo ambiente. Os coeficientes de variação observados para os caracteres em estudo são compatíveis com os valores encontrados na literatura (TREVISOLI et al., 2012; LEITE et al., 2016; COSTA et al., 2008).

Analisando a estimativa de parâmetros genéticos em 22 genótipos na geração F2 de soja em Brasília- DF, Santos et al. (2018) também encontraram altos valores de CV, variando de 4,79% a 23,54% para os caracteres número de dias para a maturidade, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, número de vagens por planta e rendimento de grãos.

Vianna (2017) ao avaliar parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em linhagens de soja em Uberlândia, MG, encontrou coeficiente de variação para quinze caracteres agrônômicos variando de 3,79% a 75,78%, sendo o número de dias para o florescimento o caráter de menor valor e o número de vagens com um grão o de maior valor.

O coeficiente de herdabilidade (H^2) reflete os valores de herança e do ambiente na expressão de caracteres, logo os caracteres com estimativa superiores de H^2 possibilitam maiores possibilidades de ganhos com métodos simples de seleção, mesmo em gerações precoces, assim pode-se dizer que quanto maior for esse valor mais a chance de sucesso da seleção para um dado caráter. Silveira et al. (2006) classificam os valores de herdabilidade em: maiores que 0,5 (herdabilidade alta), valores entre 0,2 e 0,5 (herdabilidade média) e valores menores que 0,2 (herdabilidade baixa).

Estimativas mais elevadas de H^2 ocorreram para o peso de grãos por planta (94,74%), número total de vagens (86,13%), número de vagens com três grãos (85,94%), número de vagens com dois grãos (81,75%), número de vagens com um grão (81,70%), altura da planta na maturidade (81,24%), número de sementes por vagem (80,04%), número de dias para o florescimento (68,98%), peso de 100 grãos (68,05) e número de dias para a maturidade (60,01%). Esses valores indicam uma oportunidade de sucesso no processo de seleção, o que pode ser confirmado com os valores obtidos pela razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e), que estão próximos ou maiores que um, demonstrando serem caracteres agrônômicos

favoráveis para realizar a seleção. Por sua vez os menores valores de (H^2) foram encontrados para os caracteres: altura da inserção da primeira vagem (41,50%), número de nós produtivos na maturidade (46,93%) e número de nós totais na maturidade (49,20%).

Santos et al. (2018) obtiveram herdabilidade alta para todos os caracteres avaliados como: número de dias para a maturidade (95%), altura de plantas na maturidade (93%), número de vagens por planta (84%), rendimento de grãos (80%) e altura da inserção da primeira vagem (68%). Segundo Trevisoli et al. (2012) valores médios e altos de herdabilidade indicam que parte da variabilidade fenotípica pode ser atribuída a causas genéticas com menor efeito ambiental.

O coeficiente de variação genética (CVg) é um parâmetro de grande importância no melhoramento, pois permite compreender sobre a magnitude da variabilidade genética existente na população para cada caráter estudado tendo consequências diretas no ganho por seleção (FERRÃO et al., 2008). Os caracteres PGPL e NV1G foram os que apresentaram maiores variabilidades (CVg=70,76% e 56,62, respectivamente), enquanto os menores valores foram observados para NDM e NSV (CVg= 5,65% e 6,90%, respectivamente) (Tabela 1). Leite et al. (2015) encontrou valores semelhantes a este trabalho demonstrando o caractere com menor variabilidade com CVg (9,19%) para altura da planta na floração e maior variabilidade para rendimento de grãos (31,97%).

Teixeira (2017) obteve valores de coeficiente de variação entre 3,93 % e 91,94 %, sendo o menor valor encontrado para número de dias para a maturidade e o maior valor para número de nós ramificados.

A razão CVg/CVe foi próximo ou maior que a unidade para a maioria das variáveis analisadas, exceto para número de nós totais no florescimento, número de nós produtivos na maturidade e altura da inserção da primeira vagem. Para PGPL, NTV, NV3G, NV2G, NV1G, APM, NDF, NNTF e peso de 100 grãos os valores de razão CVg/CVe foram 2,92; 1,76; 1,74; 1,49; 1,49; 1,47; 1,05; 1,03; 1,03; estando em concordância com os maiores valores de herdabilidade, demonstrando boas perspectivas de ganho genético por seleção direta, uma vez que essas características tiveram uma maior contribuição genética.

Os caracteres que apresentaram menores razões CVg/CVe foram: altura da inserção da primeira vagem, número de nós produtivos na maturidade e número de nós totais da maturidade com valores de 0.59, 0.66, 0.69. Esses valores sugerem uma situação

pouco favorável para a seleção, pois a maior contribuição existente foi de origem ambiental.

As amplitudes de médias dos valores fenotípicos dos genótipos de soja em relação aos caracteres avaliados estão apresentadas na Tabela 2. Notou-se uma separação dos genótipos de dois grupos para os caracteres NDF, APF, NNTM, NNP e AIPV, três grupos para NDM e NNTF a quatro grupos para APF.

TABELA 2. Amplitudes das médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres: Número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF) em cm, altura da planta da maturidade (APM) em cm, número de nós totais na maturidade (NNTM), número de nós produtivos (NNP), altura da inserção da primeira vagem (AIPV) em cm e número de nós totais no florescimento (NNTF) para os 154 genótipos de soja, no município de Uberlândia-MG.

Caracteres	Número de genótipos	Amplitude de Médias	Caracteres	Número de genótipos	Amplitude de Médias
NDF	65	29,0-39,0 a	NNTF	18	10,3-12,9 a
	89	39,5- 48,0 b		31	8,6-10,1 b
				105	4,5-8,4 c
NDM	5	133,0 -142,0 a	NNPM	79	13,9-18,15 a
	27	115,5- 128,5b		78	13,4- 6,5 b
	122	87,5 - 114,5c			
APF	63	36,92-54,95 a	NNTM	69	13,26-18,5 a
	91	19,9-36,8 b		85	8,2-13,1 b
APM	12	67,6-88,03 a	AIPV	68 a	9,82-18,5
	49	53,8-66,53 b		86 b	4,36-9,76
	46	44,85-53,5 c			
	47	27,36-44,55 d			

Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade

O número de dias para o florescimento (Tabela 2) variou de 29,00 a 39,50 dias. Pode-se notar que 65 genótipos apresentaram menor ciclo vegetativo com uma amplitude de 29,00 dias a 39,00 dias. Enquanto que 89 genótipos apresentaram um maior período vegetativo com uma amplitude de 39,50 a 48,00 dias. As diferenças dos ciclos

vegetativos entre os genótipos de soja, quando semeados na mesma data e ambiente, ocorrem especialmente pela diferença de comportamento entre os genótipos ao fotoperíodo (EMBRAPA, 2013).

O número de dias para a maturidade variou de 87,5 a 142,0. Foram classificados 122 genótipos como mais precoces com uma amplitude de 87,5 a 114,5 dias; 27 genótipos com ciclo médio com amplitude de 115,5 a 128,5 dias e genótipos mais tardios com uma amplitude de 133,0 a 142,0 dias.

Em pesquisas com cultivares de soja em Minas Gerais, Amorim et al. (2012) relataram um decréscimo no número de dias para o florescimento em semeadura de soja mais tardia (31 de dezembro) com uma amplitude de 55 a 61 dias para as cultivares estudadas. Os resultados indicam cultivares com maior ciclo vegetativo que no presente estudo.

De acordo com Meotti et al., (2012) devido à semeadura tardia, as plantas são induzidas ao florescimento precoce, fato que é explicado pela soja ser de dias curtos e sensível as oscilações do fotoperíodo, o que pode explicar os resultados deste trabalho, no qual foram semeados fora da época indicado para a semeadura de soja resultando em genótipos mais precoces. Na cultura da soja, a sensibilidade ao fotoperíodo varia de acordo com o genótipo (TRENTIN et al., 2013)

Viana (2017), em pesquisas com linhagens e cultivares de soja em Uberlândia-MG, relatou uma variação no número de dias para o florescimento de 49 a 58 dias. Enquanto que o número de dias para a maturidade variou de 97 a 140 dias encontrando resultados semelhantes com o presente trabalho.

A seleção de cultivares mais precoces em um programa de melhoramento de soja é altamente desejável, uma vez que, a semeadura de cultivares precoces permite a utilização do sistema de sucessão de culturas com o milho e além disso reduz a pressão de seleção por permanecerem menos tempo no campo (MEOTTI et al., 2012).

A altura de plantas no florescimento variou de 19,9 a 59,98 cm. A altura de plantas na maturidade variou de 27,36 a 88,03. Pode-se observar que 47 genótipos apresentaram alturas muito baixas com uma amplitude de 27,39 cm a 44,55 cm, fato esse explicado pela época de semeadura que sofreu influência do fotoperíodo, pois as plantas além de reduzirem o número de dias no florescimento, também sofrem influência em muitos outros caracteres como altura da planta.

Sabe-se que a altura mínima desejável para a colheita mecânica em solo com topografia plana é cerca de 50 a 60 cm, pode-se notar (Tabela 2) que 49 genótipos podem

estar dentro dessa faixa ideal de altura apresentando uma altura variando de 53,8 a 66,53 cm. De acordo com Cunha et al. (2013) plantas com elevadas alturas (maior que 100 cm) tendem a uma relativa facilidade ao acamamento e plantas com 70 a 80 cm de altura são adequadas para a colheita mecanizada. Neste experimento 12 genótipos foram classificados no grupo com maiores alturas com uma amplitude de 67,6 a 88,03 cm.

Estudando o desempenho de 68 genótipos de soja no cerrado amapaense, Yokomizo e Santos (2018) encontraram uma variação para a altura de plantas na maturidade com amplitudes de 40,28 cm e 76,55 cm, evidenciando resultados semelhantes com o presente trabalho.

O número de nós na haste principal é um caráter considerado importante no melhoramento de soja, uma vez que está diretamente relacionado com a produtividade de grãos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Na tabela 2, observou-se que o número de nós no florescimento variou de 4,5 a 12,9 e o número de nós na maturidade variou de 8,2 a 18,5. Os genótipos que apresentaram um maior número de nós produtivos na maturidade foram agrupados em 79 genótipos apresentando uma amplitude de 13,9 a 18,15 nós produtivos. Uma planta de soja que tem alto potencial produtivo deve apresentar em média 17 a 18 nós na haste principal (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015)

Santana (2018), ao estudar 23 genótipos de soja em Uberlândia-MG, observou uma variação de 13,67 a 19,33 no número de nós na maturidade, enquanto que Teixeira (2017) ao avaliar 37 genótipos de soja encontrou uma amplitude de 9,13 a 14,29 no número de nós na maturidade.

Braz et al. (2010) relatam que a altura da inserção da primeira vagem é um caráter importante a ser considerado na seleção em genótipos de soja, em geral, quanto menor for essa altura, maiores são as chances de perdas no rendimento no momento da colheita, pois a plataforma de corte da colheitadeira exige altura mínima. A altura considerada ideal para a cultura da soja é de 10 cm a 12 cm (SEDIYAMA, TEIXEIRA; REIS, 2013). De acordo com a tabela 2, a amplitude de altura da inserção da primeira vagem vai de 4,36 cm a 18,5 cm. Por sua vez foi formado um grupo com 68 genótipos que apresentam essa altura variando de 9,82 cm a 18,5 cm.

A média dos valores fenotípicos dos genótipos em relação aos caracteres de componentes de produtividade e peso de grãos por planta estão apresentados na tabela. 3. Nota-se a separação dos genótipos em dois grupos para o peso de cem grãos e no máximo sete grupos para peso de grãos por planta.

TABELA 3. Amplitude de médias dos caracteres número de vagens com 1 grão (NV1G), número de vagens com dois grãos (NV2G), número de vagens com três grãos (NV3G), número total de vagem (NTV), número de sementes por vagem (NSV), peso de 100 grãos (P100G) e peso de grãos por planta de 154 genótipos de soja, no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	Número de genótipos	Amplitude de Médias	Caracteres	Número de genótipos	Amplitude de Médias
NV1G	2	44,6-50,5 a	NSV	89	2,230-2,610 a
	4	36,2-32,7 b		55	2,01-2,220 b
	29	17,2-27,1 c		7	1,84-1,97 c
NV2G	1	108,20 a	NTV	25	76,00-108,30 a
	4	44,20-57,40 b		56	55,10-74,30 b
	13	32,70-41,90 c		73	26,90-54,60 c
	56	20,30-31,20 d			
NV3G	2	67,00-71,50 a	PGPL	1	15,35 a
	5	56,90-60,20 b		1	12,39 b
	116	22,10-44,30 c		13	7,80-10,82 c
	31	8,40-21,60 d		12	5,94-6,99 d
				25	4,44-5,4 e
				28	2,56-4,31 f
				74	0,36-2,51 g
P100G	99	10,00-14,50 a			
	55	7,50-10,00 b			

Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott, ao nível de 5% de probabilidade.

O caráter número de vagens influencia a produção de grãos por planta. Notou-se que para NV1G (Tabela 3) houve uma variação de 17,2 a 44,6 vagens. Formou-se um grupo com 29 genótipos que apresentam uma amplitude de 17,2 a 27,1 vagens com um grão. Já para NV2G a amplitude foi de 20,30 a 108,20 vagens, observou-se que apenas um genótipo teve o maior número de vagens com dois grãos. Já para NV3G a amplitude foi de 8,40 a 71,50 vagens, sendo que, apenas dois genótipos apresentaram as maiores médias no número de vagens com três grãos com uma amplitude de 67,00 a 71,50 vagens com três grãos.

De acordo com Sediya (2016) as cultivares nacionais de soja apresentam cerca de 30 a 80 vagens por planta, no presente estudo nota-se uma amplitude de 54,60 a 170,60 vagens por planta. Os maiores valores foram encontrados para 25 genótipos, no qual, o número total de vagens variou de 76,00 a 108,30 vagens, além desses outros quatro genótipos também apresentaram valores médios elevados de número de vagens total por planta variando de 54,10 a 74,90 vagens.

Vianna et al. (2013) em seu estudo com 95 genótipos em geração F6 de soja, obtiveram médias de número de vagens total por planta com uma amplitude de 21 a 127 vagens total, encontrando resultados superiores a esse estudo. Vale ressaltar que o número de vagem é um caráter quantitativo, ou seja, altamente influenciado pelo ambiente.

Estudando os componentes de produção em sete cultivares de soja Perini et al. (2012) constataram variações no número total de vagens por planta encontrando uma amplitude de 10,31 a 49,91 vagens. Resultados inferiores aos abordados nesse trabalho, já Santos et al. (2016) buscando estimar os parâmetros genéticos em progênies de soja apresentou uma variação de 52,34 a 98,75 no número de vagens, encontrados resultados semelhantes a esse trabalho.

O número de sementes por vagem variou de 1,84 a 2,61. Os genótipos que obtiveram as melhores médias do número de sementes por vagem apresentaram uma amplitude de 2,23 a 2,61 sendo enquadrados nesse grupo 89 genótipos. Reetz (2003) relata que a média de sementes por vagem é em torno de 2,5 sementes. Resultados acima da média foram encontrados no presente trabalho.

O caráter peso de grãos por planta variou de 0,36 a 15,35 gramas. Apenas dois genótipos obtiveram o maior peso de grãos por planta (15,35 g e 12,39 g), porém outros treze genótipos apresentaram médias elevadas com uma amplitude de 7,80 a 10,82 gramas. Vianna et al. (2013) encontrou resultados superiores a este trabalho apresentando valores médios variando de 7,70 g a 40,20 g.

Segundo Rigon et al. (2012) o peso de cem grãos possui correlação direta com o rendimento de grãos, devendo ser um caráter importante a ser considerado para fins de seleção de genótipos superiores.

Neste trabalho os maiores valores para peso de cem grãos apresentou variação de 10,00 a 14,50 gramas agrupando 99 genótipos. Teixeira (2017) encontrou resultados semelhantes com o presente estudo, onde variou de 8,96 a 12,68 gramas, agrupando 23 linhagens entre os maiores valores para esse caráter.

A seleção de genótipos superiores em um programa de melhoramento não é um processo fácil, uma vez que a maioria dos caracteres agronômicos são quantitativos e apresentam baixa herdabilidade. Diante disso o melhorista deve procurar uma eficiente estratégia de seleção. Uma alternativa que podem aumentar a eficiência de caracteres que apresentam baixa herdabilidade é a seleção indireta feita através da seleção de um caráter de alta herdabilidade e alta correlação genética.

Outra alternativa que pode aumentar a eficiência na seleção dos caracteres de baixa herdabilidade é a seleção indireta, via caráter de alta herdabilidade e alta correlação genética com o caráter principal. Porém, a seleção direta em um caráter normalmente proporciona o maior ganho possível para o referido caráter, podendo proporcionar resultados desfavoráveis para outros caracteres (BACKES et al., 2002).

No presente estudo, a seleção direta promoveu maiores ganhos individuais somente para os caracteres NV1G, NSV e PGPL (Tabela 3).

Os maiores ganhos obtidos com a seleção direta foram para os caracteres peso de grãos por planta (111,23%), número de vagens com um grão (83,69%) e número de vagens com dois grãos (57,71%). Já a seleção direta para o caráter número de dias para maturidade retornou o menor ganho individual (4,02%), que condiz com o baixo CVg (5,65%) (Tabela 1). Teixeira (2017) em concordância com esse trabalho também encontrou um menor ganho individual a partir da seleção direta para o número de nós na maturidade (4,58%) apresentando também um baixo CVg (3,93%).

Passos et al. (2011) encontraram resultados semelhantes a este trabalho para a seleção direta na soja com maiores ganhos para a produtividade (73,85%). Esse ganho ocorre em detrimento da maior variação genética desse caráter.

A seleção direta para NV1G, NV2G, NV3G, e NTV trouxe ganhos de seleção indireta para peso de grãos por planta, 48,15%, 47%, 23,31% e 39,48 % respectivamente (Tabela 4). Já a seleção direta para o peso de grãos por planta ocasionou respostas desfavoráveis a alguns caracteres secundários como os caracteres redução do ciclo da planta e o número de sementes por vagens, na qual apresentaram valores baixos para os ganhos de seleção indireta.

TABELA 4. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para os quinze caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para as 154 linhagens de soja, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	GS (%) ¹														
	NDF	NDM	APF	APM	NNTF	NNYM	NNP	AIPV	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	P100G	PGPL
NDF	-12,06	-2,9	10,81	19,63	4,32	-5,66	5,91	4,33	21,36	16,43	9,51	15,03	1,64	-2,17	40,59
NDM	-5,91	4,02	4,98	11,11	2,68	-3,1	4,05	2,19	3,92	10,36	7,58	6,46	-1,57	1,13	13,07
APF	6,69	1,54	17,46	17,48	9,07	6,65	6,15	4,52	10,69	21,89	11,08	15,29	0,22	3,79	38,55
APM	11,22	4,31	10,76	25,33	16,06	8,9	8,65	10,21	30,03	33,13	24,55	29,59	-0,06	5,50	62,48
NNTF	5,61	2,19	7,16	15,9	22,8	7,16	6,34	7,25	18,63	20,36	20,34	20,50	0,88	4,75	34,14
NNTM	8,45	2,90	11,19	23,10	17,97	9,76	8,87	9,82	26,26	31,95	26,52	29,20	0,41	5,60	58,02
NNP	9,07	2,95	10,77	20,53	10,59	8,03	11,14	8,13	30,54	31,53	29,43	31,71	-0,07	4,33	68,14
AIPV	8,09	2,90	8,74	19,83	13,13	5,98	6,95	16,02	18,30	26,00	23,41	24,36	0,63	4,43	53,44
NV1G	5,64	2,27	3,17	11,86	7,00	4,09	5,73	4,95	83,69	37,23	16,06	38,93	-7,44	2,20	67,13
NV2G	5,79	3,57	5,52	14,05	7,18	5,63	6,31	3,44	47,3	57,71	20,33	40,65	-3,25	4,86	84,3
NV3G	6,21	2,28	3,85	12,33	9,60	5,14	5,89	7,90	26,63	15,76	41,06	30,08	1,45	6,24	51,83
NTV	7,01	3,64	4,16	16,65	9,33	6,21	8,81	7,26	67,95	50,52	33,09	48,48	-3,72	5,39	84,3
NSV	-0,09	0,08	0,64	-2,96	2,1	-1,86	2,60	0,58	46,27	21,85	5,56	15,78	7,57	1,13	33,3
P100G	3,08	1,46	4,77	9,55	3,45	3,92	3,95	3,15	14,31	9,90	20,68	15,81	0,47	12,74	25,62
PGPL	6,54	3,70	7,50	14,91	7,63	5,80	7,54	6,80	48,15	47,00	25,31	39,48	-2,59	5,6	111,23
Total	169,07	72,03	171,07	280,66	194,09	270,02	276,82	232,21	283,11	303,39	226,25	349,08	108,49	132,86	334,6

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; NNTF: número de nós na haste principal no florescimento; NNTM: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagens; P100G: peso de cem grãos; PGPL: peso de grãos por planta. ¹ Sentido favorável de seleção: redução para NDF e NDM, aumento para APF, APM, NNF, NNM, PCG, NNP, PROD e NVT.

Apesar da seleção direta praticada sobre o peso de grãos por planta ter apresentado resultados satisfatórios, a seleção indireta para os caracteres secundários ocasionou resultados desfavoráveis com isso os índices de seleção constituem-se como uma alternativa que permite efetuar a seleção simultânea com eficiência, pela combinação de vários caracteres (ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) encontram-se na Tabela 5.

TABELA 5. Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) obtidos para quinze caracteres pela seleção pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) para 154 genótipos de soja, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	GS (%) ¹	
	Smith (1936) e Hazel (1943)	Mulamba & Mock (1978)
NDF	9,04	8,9
NDM	4,49	3,1
APF	8,39	10,64
APM	21,12	20,62
NNTF	11,89	13,23
NNTM	7,74	8,46
NNP	9,25	8,83
AIPV	9,65	9,34
NV1G	46,89	26,2
NV2G	47,5	39,55
NV3G	34,88	31,43
NTV	43,59	34,2
NSV	-1,58	0,56
P100G	6,32	7,55
PGPL	94,25	70,61
Total	353,0	292,41

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da haste principal no florescimento; APM: altura da haste principal na maturidade; NNTF: número de nós na haste principal no florescimento; NNTM: número de nós totais na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos na haste principal na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem na haste principal; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagens; P100G: peso de cem grãos; PGPL: peso de grãos por planta. ¹ Sentido favorável de seleção negativo para NDF e NDM, e positivo para APF, APM, NNF, NNM, PCG, NNP, PROD e NVT.

Em geral, o índice Smith e Hazel (1943) e o índice de Mulamba & Mock (1978) apresentaram o maior ganho de seleção para o caráter peso de grãos por planta de 94,25

% e 70,61% respectivamente (Tabela 5). Porém, esses dois índices apresentaram menores valores quando comparado a seleção direta para esse caráter (Tabela 4). Além disso, esses dois índices apresentaram os menores valores de ganho de seleção para os demais caracteres.

Resultados semelhantes foram encontrados por Silveira (2007), que ao avaliar genótipos provenientes do cruzamento das cultivares EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista), obteve maiores ganhos de seleção direta (56,19%) quando comparado com os índices de seleção Mulamba & Mock (38,95%) e Pesek & Baker (26,62%) para o caráter peso de grãos por planta, do ponto de vista econômico, é considerado como o mais importante.

Leite et al. (2016), ao comparar diversos índices encontrou maiores ganhos de seleção (16,71%) pelo índice Mulamba & Mock quando comparado com o índice de Smith e Hazel (1,44%) para o caráter produtividade de grãos. Além disso, o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou também maiores valores de ganhos totais para de (48,26%) quando todos os caracteres foram considerados como principais.

Bizari et al. (2017) ao comparar diferentes estratégias de seleção por meios de diversos índices em 386 progênies de soja constatou que para o caráter peso de grãos por planta o índice de Mulamba & Mock foi o mais eficiente para obter maiores ganho de seleção (34,07%) do que o índice de Smith e Hazel (24,11%).

Vasconcelos et al. (2010) ao avaliar diferentes estratégias de seleção de genótipos de alfafa, verificaram que o Índice de Mulamba & Mock proporcionou um maior progresso genético para a cultura em relação ao índice Smith & Hazel e também observou que a seleção direta apesar de obter maiores ganhos para um determinado caráter como produtividade de grãos propicia efeitos indesejáveis para outras características de importância secundária como o caráter redução do ciclo.

Na Tabela 6, encontram-se as 31 progênies selecionadas por intermédio de todos os métodos de seleção utilizados no presente estudo, seus valores de peso de grãos por planta e das testemunhas UFUS 6901 e MG/BR46 Conquista. Nota-se que os únicos genótipos que não foram selecionados em comum como superiores para dar continuidade ao programa de melhoramento para fins de produtividade pelos dois índices propostos nesse trabalho foram os genótipos: G7, G26, G39, G51, G65, G71, G74, G83, G92, G87, G96, G105, G149, G150 e G154. Dentre esses genótipos cinco deles foram selecionados como superiores para a seleção direta, G39, G74, G92, G96 e G154.

TABELA 6. Peso de grãos por planta em gramas dos 30 genótipos superiores selecionados pela seleção direta para peso de grãos por planta (PGPL), índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e testemunhas UFUS 6901 e MG/BR 46 Conquista, no município de Uberlândia - MG.

Smith (1936) e Hazel (1943)		Mulamba & Mock		Seleção direta para peso de grãos	
Genótipos	PGPL	Genótipos	PGPL	Genótipos	PGPL
G9	5,45	7	7,85	10	8,90
G10	8,90	9	5,45	11	8,39
G11	8,39	10	8,90	13	5,49
G13	5,49	11	8,39	17	12,5
G14	2,32	13	5,49	31	6,50
G17	10,82	14	2,32	35	6,05
G22	4,73	17	10,82	39	8,65
G26	4,68	22	4,73	45	5,28
G29	3,70	29	3,70	68	6,16
G31	6,50	31	6,50	74	7,86
G39	8,65	45	5,28	75	7,81
G45	5,28	51	4,70	77	9,25
G52	4,98	52	4,98	80	9,85
G65	5,14	68	6,16	92	9,05
G68	6,16	71	5,37	96	6,05
G74	7,86	75	7,81	99	9,85
G75	7,81	77	9,25	101	8,43
G77	9,25	79	1,57	103	6,46
G80	9,85	80	9,85	104	9,53
G92	9,05	83	1,62	117	12,40
G103	6,46	87	4,80	126	15,35
G104	9,53	96	6,05	127	8,24
G105	4,12	104	9,53	129	15,36
G108	4,44	117	12,39	130	6,63
G117	12,39	126	15,35	135	8,13
G126	15,35	135	8,13	138	6,62
G135	8,13	138	6,68	143	8,26
G138	6,68	145	5,97	145	5,97
G145	5,97	149	4,80	146	6,57
G154	6,95	150	2,56	154	6,95
6901	2,84				
MG/BR46					
Conquista	4,61				

Para o índice de seleção Smith (1936) e Hazel (1943) somente três genótipos não foram superiores a testemunha MG/BR46 Conquista em relação ao peso de grãos por planta foram eles: G14 (2,42g), G105(4,12g) e G108(4,44g). Já para o índice de Mulamba & Mock (1978), apenas cinco genótipos não foram superiores a testemunha em relação a peso de grãos por planta sendo eles: G29 (3,70g), G150(2,56g), G14 (2,32g), e

G83(1,62g) e G79(1,57g). Para o método de seleção direta para o peso de grãos por planta todos os genótipos foram superiores a testemunha MG/BR46 Conquista.

4. CONCLUSÕES

A herdabilidade (H^2) dos caracteres relacionados ao ciclo, altura da planta na maturidade, número de nós totais no florescimento, componentes de produção e peso de

grãos por planta foram considerados alto e conciliado a isso, a razão CV_g/CV_e foi maior que uma unidade para esses caracteres indicando uma situação favorável para seleção.

A seleção direta realizada para peso de grãos por planta apresentou altos valores de ganho de seleção, porém mostraram-se desfavoráveis para outras características de importância secundária com isso o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) apresentou maior ganho total de seleção quando comparado com o índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978). Os genótipos G9, G10, G11, G13, G14, G17, G22, G26, G29, G31, G39, G45, G52, G65, G68, G74, G75, G77, G80, G92, G103, G104, G105, G108, G117, G126, G135, G138, G145, G154 destacaram-se como genótipos superiores pelo método de índice de seleção clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943).

5. REFERÊNCIAS

- AMORIM, F.A.; HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; LANA, R.M.Q.; HAMAWAKI, C.D.L. Época de semeadura no Potencial produtivo de Soja em Uberlândia-MG. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n.1, p. 1793-1802, 2011. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2011v32Suplp1793>
- BACKES RL, REIS MS, SEDIYAMA T, CRUZ CD; TEIXEIRA RC. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F5 e F6 de soja. **Revista Ceres**, v.1, n.49, p. 201-216. 2002.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.
- 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**, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004.
- CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU-**Breeding Program**. **Bioscience Journal**, v. 29, n. 2, 2013.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 1. ed. Visconde de Rio Branco, Suprema Gráfica Editora, 2011. v.1, 620p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).
- FERRÃO, R.G., CRUZ, C.D., FERREIRA, A., CECOM, P.R., FERRÃO, M.A.G., FONSECA, A.F.A. CARNEIRO, P.C.S., SILVA, M.F. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 43, p. 61-69, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008000100009>
- GUERCIO; A.M.F.D.; CAMARGO, C.E.O. Herdabilidade e correlações entre caracteres agrônômicos em populações híbridas de trigo duro. **Bragantia, Campinas**, v. 70, n. 1, p.19-24, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052011000100004>
- HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, p. 476-49, 1943.
- LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations

and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, p. 27-53. <https://doi.org/10.1007/s15014-015-0316-0>

MEOTTI, G.B.; BENIN, G.; SILVA, R.R.; BECHEL, E.; MUNARO, L.B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesq. agropec. bras.** Brasília, v.47, n.1, p.14-21, jan. 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003>

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**, v. 7, p. 40-51, 1978.

SMITH, H. F. 1936. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7 p. 240-250, 1936. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

PASSOS, A.R.; SILVA, A.; PEIXOTO, C.P.; ROCHA, M.A.C.; CRUZ, E.M.O. Ganho por seleção direta e indireta em caupi considerando a interação g x e. **Revista da FZVA**. Uruguaiana, v.18, n. 1, p. 18-33. 2011.

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A. S.; MOURA, L.M.; MACHADO, J. C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p.113121, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

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

SANTANA, A.J.O. **Parâmetros genéticos, potencial produtivo e agrônômico de linhagens de soja**. 2018.40f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em biotecnologia)- Instituto de Biotecnologia, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2018.

SANTOS, E.R.; SPEHAR, C.R.; CAPONE, A.P. Paulo Roberto Estimativa de parâmetros de variação genética em progênes f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, v.15,n.1,p.61-69, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

SEDIYAMA, T., SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa, MG: UFV, 2015, 220p.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal –SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica, Jaboticabal**, v. 34, n.1, p. 92-98, 2006.

TEIXEIRA, F. G. **Herança da precocidade e de caracteres agrônômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção**. 2017. 96f. Dissertação (Mestrado em fitotecnia)- Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2017.

TRENTIN, R.; HELDWEIN, A.B.; STRECK, N.A.; TRENTIN, G.; SILVA, J.C. Subperíodos fenológicos e ciclo da soja conforme grupos de maturidade e datas de semeadura. **Pesq. agropec. bras.** Brasília, v.48, n.7, p.703-713, jul. 2013.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000700002>

TREVISOLI, S.H.; SILVA, F.M.; VILLELA, O.T.; ARAÚJO, L.C.A.; MAURO, A.O. Estimativa de parâmetros genéticos em linhagens precoces de soja com aptidão para áreas de reforma de canavial. **Ciência & Tecnologia**, v. 4, n.2, p.1-5, 2012.

VASCONCELOS, E. S., DE PAULA FERREIRA, R., CRUZ, C. D., MOREIRA, A., RASSINI, J. B., DE FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Ceres**, v. 57, n. 2, 2010.
<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

VIANNA, M.S. **Seleção de linhagens, parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em soja**. 2017. 44f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biotecnologia) - Instituto de Genética e Bioquímica, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2017.

YOKOMIZO, J.K.I.; SANTOS, I.C. Desempenho de genótipos de soja no cerrado amapaense de 2009 a 2013. **Rev. Cienc. Agrar.** v. 61,n.1,p.1-9, 2018.
<https://doi.org/10.22491/rca.2018.2395>

CAPITULO 2. Parâmetros genéticos e seleção de genótipos em população F4 de soja

RESUMO

São diversos os objetivos de um programa de melhoramento de soja. São eles: a busca por cultivares mais precoces e que apresentem elevadas produtividades, cultivares resistentes à diversas pragas e doenças, tolerantes ao acumamento, tolerantes à seca e que possuam características agronômicas adequadas para o cultivo. Entretanto, a seleção de genótipos é um processo dificultado pela maioria das características de interesse agrônomo serem quantitativas, ou seja, tem forte influência com as condições ambientais. Diante disso, estudar os parâmetros genéticos e a correlação entre os caracteres agrônômicos é de extrema importância no melhoramento genético, pois permite inferir sobre a amplitude da variabilidade genética relacionado aos caracteres estudados de uma população. Foram utilizados 45 genótipos de soja de população F4 desenvolvidas pelo programa de melhoramento de soja da UFU e 5 cultivares comerciais. O experimento foi realizado em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Os caracteres avaliados foram: NDF (número de dias para o florescimento); NDM (número de dias para a maturidade); APM (altura da planta na maturidade); NV1G, NV2G, NV3G, (número de vagens com um, dois e três grãos), NTV (número total de vagens), NSV (número de sementes por vagem) e PROD (produtividade). Foram realizadas estimativas de parâmetros genéticos, correlações entre os caracteres e ganhos de seleção por seleção direta e índice de seleção. Todos os caracteres apresentaram herdabilidade maior que 0,70%, e valor maior que a unidade para a razão de CVg/CVe demonstrando uma situação favorável para seleção, o que implicou nesse trabalho maiores ganhos para a seleção direta. Os componentes de produtividade possuem altas magnitudes e sinal positivo para a correlação com a produtividade. Já quando se objetivou selecionar um genótipo mais precoce por meio da seleção direta houve respostas desfavoráveis para a produtividade, com isso o índice de seleção foi também uma boa estratégia de seleção de genótipos superiores. Os genótipos G8, G12, G17, G24, G25, G26, G34, G35, G50 foram superiores pelos métodos de seleção direta para produtividade e pela seleção simultânea baseada em índices.

Palavras-chave: correlação entre caracteres, variabilidade genética, produtividade.

CHAPTER 2. Genetic parameters selection of genotypes in soybean F4 population

ABSTRACT

Many are the goals of a soybean-breeding program. They are the search for earlier cultivars and high yield, cultivars resistant to various pests and diseases, tolerant to aquaculture, tolerant to drought and who possess agronomic characteristics suitable for cultivation. However, the selection of genotypes is a process hindered by the mojtivity of the characteristics of agronomic interest be quantitative, that is, it has a strong influence on environmental conditions. In addition study the genetic parameters and the correlation among agronomic traits, is of extreme importance in genetic improvement, because it allows us to infer the magnitude of the genetic variability related to the studied a population. Were used a 45 soybean genotypes of F4 population developed by the soybean breeding program of the UFU and 5 commercial cultivars. The experiment was conducted in a randomized block design with three replicates. The evaluated characters were NDF (number of days to flowering); NDM (number of days to maturity); APM (plant height at ripening); NV1G, NV2G, NV3G (number of pods with one, two and three grains), NTV (total number of pods), NSV (number of seeds per pod) and PROD (productivity). Were made estimates of genetic parameters, correlations between the characters and gains from selection by direct selection and selection index. All characters showed heritability greater than 0.70%, and value higher than the unit to the reason of CV_g / CV_e , demonstrating a favorable situation for selection, which resulted in major gains for the direct selection. The productivity components have high magnitude and positive signal for correlation with productivity. When it aimed to select an earlier genotype by means of direct selection, was unfavorable responses to productivity, with this the selection index was also a good strategy for selection of superior genotypes. The genotypes G8, G12, G17, G24, G25, G26, G34, G35, and G50 were superior by methods of direct selection for yield and the simultaneous selection based on indexes.

Keywords: correlation between characters, genetic variability, productivity

1. INTRODUÇÃO

O melhoramento de plantas autógamas é um processo longo que inclui várias etapas para a obtenção de genótipos superiores. São eles: a escolha de parentais contrastantes, obtenção e condução de populações segregantes até a seleção de linhagens superiores.

Sabe-se que para a obtenção de genótipos superiores a existência da variabilidade genética é de extrema importância em qualquer programa de melhoramento. De acordo com Wysmierski e Vello (2013) a soja foi oriunda de poucos ancestrais e o cruzamento entre eles favoreceram para o estreitamento da base genética dos germoplasma. Em vista disso conhecer a diversidade genética entre os genótipos disponíveis é de extrema importância para a obtenção de uma maior variabilidade genética.

Apenas conhecer a divergência genética entre os genótipos não é o suficiente, pois no melhoramento deseja-se encontrar cultivares divergentes, mas que também apresentem características agronômicas que satisfaçam as exigências do mercado, ou seja, deve-se escolher primeiramente os parentais com base em uma maior divergência genética, mas que também apresentem elevadas produtividades e outras características importantes como resistência a principais doenças e pragas da soja, resistência ao acamamento, entre outras.

De acordo com Baldissera et al. (2014) as estimativas de parâmetros genéticos também são de grande importância para o conhecimento do melhorista, visto que permite conhecer a natureza genética de uma população, auxiliando nas etapas de seleção de caracteres quantitativos. Há diversas estratégias no melhoramento de soja para a seleção de genótipos superiores, os índices de seleção são uma alternativa viável uma vez que visam selecionar genótipos superiores com base na junção de todos os caracteres, ao contrário desse método, a seleção direta visa obter o ganho máximo de um caractere, podendo os outros caracteres de importância secundária apresentarem resultados favoráveis ou não.

Diante disso o objetivo deste trabalho foi estimar os parâmetros genéticos para 45 genótipos de soja de população F4, selecionar os melhores genótipos a partir de diferentes estratégias de seleção e estudar a divergência genética entre os genótipos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi instalado na fazenda Capim Branco, localizada no triângulo mineiro, no município de Uberlândia - MG, cujas coordenadas geográficas são 18° 52' S; 48° 20' W e 872 m de altitude. Avaliaram-se 45 genótipos de soja em geração F4, e cinco cultivares comerciais, UFUS 6901, MG/BR46 Conquista, UFUS 7415, TMG801 e BRSGO 7560. Os genótipos utilizados nesse estudo foram desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) a partir do cruzamento da cultivar 6901 com MG/BR46 Conquista.

O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela foi composta de quatro linhas de plantas de soja com 5,0 m de comprimento, espaçadas entre si em 0,50 m, totalizando 10 m². A área útil foi formada pelas duas linhas centrais de cada parcela, descartando 0,50 m de cada extremidade, formando uma área útil de 4m².

O solo da área experimental foi classificado como Latossolo Vermelho Escuro distrófico. Foi realizado o preparo convencional do solo com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora) e, após a preparo, foi realizada a abertura de sulcos com um sulcador com espaçamento de 0,5 m entre linhas. Foi realizada a adubação de semeadura após a análise de solo (Tabela 1), conforme às exigências da cultura com o formulado de NPK 02-28-18 na dosagem de 400 kg há⁻¹.

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

pH em H ₂ O	M.O (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg m ⁻³)	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H + Al	V (%)
					cmol _c dm ⁻³			
5,6	2,6	6,6	0,39	4,5	1,2	0,0	3,41	62

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com standak® top e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* contendo duas estirpes da bactéria. A semeadura manual ocorreu em 05 de outubro de 2019, com aproximadamente 3 a 5 cm de profundidade, e densidade de dezesseis plantas por metro linear. Após o plantio e fechamento dos sulcos foi aplicado o herbicida pré-emergente (S-Metolacoloro, 3,0 L ha⁻¹) para controle de plantas infestantes. Periodicamente realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersor, a cada três dias durante o ciclo da soja. Foram realizadas duas aplicações do fungicida (Mancozebe, 3,0 kg ha⁻¹) e do inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200,0 mL ha⁻¹), a primeira realizada 30 dias

após a emergência e a segunda realizada no florescimento R2. No estágio R5 foi realizada uma aplicação de fox e do inseticida Acefato (1,0 g ha⁻¹). Foi realizado uma adubação foliar com micronutrientes Cobalto e Molibdênio também no estágio V4 da cultura.

Foram utilizadas cinco plantas amostradas na parcela para a avaliação dos caracteres com exceção da produtividade que foi realizada a partir de todas as plantas da parcela. Os caracteres avaliados foram:

-Número de dias para florescimento (NDF): período de dias decorridos entre o estágio VE até o aparecimento da primeira flor (R1) (FEHR & CAVINESS, 1977);

-Número de dias para maturidade (NDM): período de dias decorridos entre o estágio VE até a maturidade (R8) FEHR & CAVINESS, 1977);

-Altura da planta na maturidade (APM): medida, em centímetros (cm), a partir da superfície do solo até o último nó na haste principal da planta, no estágio R8;

-Número de nós totais (NNT): foram contados todos os nós na haste principal na maturidade (estádio R8);

-Número de vagens com 1 grão (NV1G): Número de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;

-Número de vagens com 2 grãos (NV2G): Número de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;

-Número de vagens com 3 grãos (NV3G): Número de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;

-Número de grão por vagem (NGV): foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens;

-Produtividade de grãos (PROD): Após a colheita, a parcela foi trilhada e beneficiada, em seguida foram mensuradas sua massa, em balança digital com quatro casas decimais, e a umidade, em medidor de umidade de grãos. A produtividade de grãos foi extrapolada para kg ha⁻¹ e corrigida para umidade de 13% segundo a equação:

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

Em que:

PF: Produtividade final da amostra;

PI: Produtividade inicial da amostra;

UI: Umidade inicial da amostra;

UF: Umidade final da amostra (13%);

Os dados foram submetidos às análises genético-estatística com auxílio do Programa Genes (Cruz, 2016). Inicialmente foi realizada a análise de variância (ANOVA) e estimado os parâmetros genéticos para cada caráter avaliado.

A ANOVA seguiu o modelo estatístico a baixo considerando delineamento de blocos casualizados e os efeitos de genótipo fixo.

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

Em que:

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

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito do genótipo i;

B_j : efeito do bloco j;

ε_{ij} : efeito do erro aleatório.

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

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

Em que:

CV_g: Coeficiente de variação genotípica;

σ_g : Estimativa do desvio padrão genotípico;

m: média observada do caráter.

Foram estimados a herdabilidade no sentido amplo de acordo com a fórmula abaixo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2(F3)}{\hat{\sigma}_f^2(F3)}$$

Em que:

h_a^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

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

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

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

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

Em que:

rf: estimador de correlação fenotípica;

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

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

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

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

Em que:

rg: Estimador de correlação genotípica;

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

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

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

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

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

Em que:

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

X_{si} : média das linhagens selecionadas para o caráter i ;
 X_{oi} : média original da população para o caráter i ;
 H_i^2 : Coeficiente de determinação genotípico do caráter i ;
 DS_i : diferencial de seleção praticado na população.

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

Em que:

$GS_{j(i)}$: ganho de seleção indireto no j -ésimo caráter pela ação no i -ésimo caráter;
 $DS_{j(i)}$: diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter j nos indivíduos selecionados com base no caráter i .

O índice de seleção baseado na soma de “ranks” (MULAMBA; MOCK, 1978) é baseada na classificação dos genótipos para cada caráter em ordem favorável ao melhoramento de acordo com os ganhos de seleção direto e indireto, e então, soma-se as ordens de cada caráter para o genótipo resultando uma medida somada que é tomada como índice, como descrito pela equação a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Em que:

I : Valor do índice para determinado genótipo;
 r_j : classificação de um indivíduo para o caráter j ;
 r_n : número de variáveis consideradas no índice.

Na seleção direta e indireta foi considerado o decréscimo para número de dias para florescimento, número de dias para maturidade e número de vagens com um grão e acréscimo para os demais caracteres. Para o índice de Mulamba & Mock (1978) foi atribuído a mesma importância para todos os caracteres.

3. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Em um programa de melhoramento genético é de extrema importância a existência da variabilidade genética entre os genótipos. Observa-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres ao nível 5% de probabilidade pelo teste F (Tabela 2). Evidenciando a oportunidade de selecionar genótipos para fins de continuidade no programa de melhoramento.

TABELA 2. Quadrados médios, coeficientes de variância e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e produtividade kg ha⁻¹ de 45 genótipos de soja e 5 cultivares comerciais, no município de Uberlândia - MG.

Caracteres	QMG	H ² (%)	CVg (%)	CVg/Cve	CV (%)
NDF	0,41**	99,16	2,18	13,73	2,19
NDM	1,94**	99,73	11,42	11,17	1,02
NNT	1,87**	97,42	17,84	3,55	5,02
APM	70,62**	98,21	22,48	4,28	5,25
NV1G	21,27**	79,96	59,91	1,99	29,98
NV2G	41,01**	93,01	58,43	2,10	27,73
NV3G	5,77**	98,79	84,79	5,02	16,87
NTV	15,93**	98,35	50,94	4,44	11,40
NSV	0,33**	95,63	12,94	2,70	4,79
PROD	14152,35**	98,42	55,31	7,19	6,98

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para a maturidade; APM: altura da haste principal na maturidade;; NNT: número de nós totais na haste principal na maturidade; NV1G: número de vagens com um grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagens; PROD: produtividade. QMG: quadrado médio do genótipo; H²: coeficiente de herdabilidade; CVg: coeficiente de variação genotípico; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genotípico e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. QMG seguidos por **e* são significativos ao nível de 5% de probabilidade para o teste F; NS: não significativo para o teste F.

Estudando a diversidade genética entre linhagens avançadas de soja, Ferreira et al. (2015) também encontraram variabilidade genética entre as linhagens de soja para todos os caracteres agrônômicos avaliados a um nível de 5% de probabilidade.

O coeficiente de variação (CV%) é uma medida de dispersão de dados, segundo Cruz et al. (2012) quanto maior for esse valor menor será a precisão do experimento. PIMENTEL (1985) propôs uma classificação para o CV da seguinte forma: baixo, quando inferior a 10%; médio entre 10 e 20%; alto, quando entre 20 e 30%; e muito alto, quando são superiores a 30%. De acordo com essa classificação o NV1G e NV2G apresentaram

altos coeficientes de variação com 29,98% e 27,73% respectivamente. Os caracteres NV3G e NTV apresentaram coeficiente de variação médio com 16,87% e 11,40%. Os dados de coeficiente de variação estão em conformidade com outros trabalhos

Ribeiro (2012) apresentou resultados semelhantes ao encontrados nesse trabalho, onde encontrou coeficiente de variação para os caracteres número de dias para o florescimento e produtividade oscilando de 2,66% a 13,71% respectivamente.

A herdabilidade (H^2) é considerado como uns dos parâmetros genéticos mais importantes para o melhoramento. Segundo Araújo et al. (2014) as estimativas de parâmetros genéticos permitem conhecer a estrutura genética e fornecer auxílio para definição de melhores estratégias de seleção, bem como auxilia na predição dos ganhos obtidos. A herdabilidade depende da população e do ambiente em que essa população foi submetida, os valores variam de 0 a 100% sendo considerado alto quando possui valores maiores que 70% (VISSCHER; HILL; WRAY, 2008). A estimativa da herdabilidade caracteriza a eficiência do valor genotípico como preditor do valor fenotípico (Cruz, 2005).

A herdabilidade foi considerada alta para todos os caracteres avaliados (Tabela 2) apresentando uma oscilação de 79,96% a 99,73% dos caracteres NV1G e NDM respectivamente.

Leite et al. (2018) ao estudar os parâmetros genéticos e as correlações para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja, encontrou resultados semelhantes a este trabalho, onde os caracteres APM, APF, AIV, NN, NV apresentaram herdabilidades altas com 0,94%, 0,85%, 0,81%, 0,84% e 0,74% respectivamente. Porém constatou resultados baixos de herdabilidade para a produtividade de grãos com (53%) podendo ser explicado pelo comportamento do caráter uma vez que é quantitativo, ou seja, sofre uma grande influência ambiental, sendo governado por vários genes.

Resultados contraditórios foram identificados neste trabalho para a produtividade de grãos, onde esse caráter apresentou uma herdabilidade de 98,42% indicando que maior porção atribuída às variações fenotípicas foi devido a causas genéticas.

Santana et al. (2018) ao estimar os parâmetros genéticos em 72 genótipos de soja no município de Uberlândia-MG, encontrou herdabilidade alta para os caracteres de componentes de produtividade, variando de 70,41 a 74,11 para NV3G e NTV respectivamente corroborando com os dados desse trabalho.

O coeficiente de variação genético (CVg) permite concluir sobre a magnitude da variabilidade genética para um determinado caráter (FERRÃO et al., 2008).

No presente estudo o CVg oscilou de 2,18% a 84,79% para os caracteres NDF e NV3G respectivamente. É de extrema importância a existência variabilidade genética para os caracteres afins de sucesso na seleção de genótipos superiores. Os caracteres que apresentaram maiores CVg foram NV3G, NV1G, NV2G, PROD com valores de 84,79%, 59,91%, 58,43% e 55,31% respectivamente.

A razão entre CVg/CVe é um indicativo para medir o grau de eficiência de seleção das progênies para cada caráter, quando esse valor for maior que um tem-se uma situação favorável à seleção, evidenciando que a variação genética é a maior responsável pelas diferenças entre progênies (ABREU et al, 2017).

Os valores de razão entre CVg/CVe estimados nesse trabalho (Tabela 2) variou de 1,99 a 7,19 para o NV1G e PROD respectivamente. Todos os caracteres apresentaram valores maior que uma unidade aliada a uma alta herdabilidade demonstrando uma situação favorável a seleção para esses caracteres nas gerações iniciais.

Pimentel et al. (2014) ao avaliar a estimativa de parâmetros genéticos em trigo encontrou valores de Cv_g/Cv_e superiores para os caracteres altura de planta e índice de colheita, e altos valores de herdabilidade, evidenciando grande possibilidade de sucesso com a seleção de progênies visto que a variação genética das progênies avaliadas foi bem maior do que a variação ambiental. Entretanto, o contrário ocorreu com o caráter de produtividade que apresentou baixa herdabilidade e baixa razão de CVg/CVe.

As médias dos valores fenotípicos das linhagens e cultivares em relação aos caracteres relacionados a ciclo, altura e número de nós na haste principal estão apresentados na Tabela 3. O número de dias para o florescimento oscilou de 51,33 a 25,66 dias para os genótipos G14 e G10 já para o número de dias para a maturidade variou de 86,66 a 126,33 dias para os genótipos G41 e G29 respectivamente.

Segundo Teixeira (2017) a busca por genótipos mais precoces tem sido um dos objetivos dos programas de melhoramento visando atender as exigências do mercado. Cultivares de soja mais precoces permitem o plantio de milho 2º safra trazendo rentabilidade ao produtor, além disso, está sujeito a uma menor pressão de doenças visto que as matérias ficam menos tempo no campo. Neste trabalho 19 genótipos foram considerados mais precoces (ciclo <100 dias).

TABELA 3. Médias dos caracteres número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) em cm, e número de nós na maturidade (NNT) de 45 genótipos de soja, no município de Uberlândia - MG.

Genótipos	Caracteres			
	NDF	NDM	NNT	APM
G1	46,33 c	121,00c	15,47 b	68,84c
G2	48,67 c	124,33c	16,53 b	80,39 a
G3	43,33c	110,00b	20,87 a	97,07 a
G4	50,00d	122,33c	14,67 b	68,27b
G5	25,67 ^a	92,60b	13,40c	63,67b
G6	50,00d	123,00c	12,93c	53,33c
G7	50,00d	121,67c	20,27 ^a	97,01 a
G8	50,67d	121,00c	13,60c	55,93 c
G9	51,33 d	123,67c	15,53b	71,53b
G10	42,67 c	108,00b	15,07b	53,33 c
G11	40,33 c	103,33b	16,07b	71,33b
G12	43,67c	110,67c	20,80 a	97,80 a
G13	36,67b	98,00b	14,13b	62,93b
G14	39,00b	101,30b	11,93c	55,47c
G15	36,00b	97,33b	13,80c	55,80c
G16	45,33c	121,00c	14,60b	78,86b
G17	41,00c	112,00c	17,80 a	96,53 a
G18	39,00b	98,00b	18,80 a	81,30 a
G19	50,00d	123,67c	21,40 a	96,96 a
G20	48,00c	125,67c	20,87 a	96,83 a
G21	50,00d	122,33c	16,53 b	78,39b
G22	40,33c	112,00c	13,60c	56,67c
G23	50,67d	122,33c	13,73 c	54,60c
G24	47,00c	126,33b	15,07b	58,73c
G25	39,00b	96,67c	14,07b	62,67b
G26	48,67c	121,00c	14,73b	64,95b
G27	47,67c	121,00b	10,67c	53,40c
G28	42,67c	122,33c	12,80c	54,80b
G29	40,00c	98,00b	19,47 a	97,83 a
G30	33,33b	93,33b	21,60 a	95,91 a
G31	35,00b	87,33 a	13,73 c	60,40c
G32	41,00c	100,33c	12,93c	62,25b
G33	44,67c	119,67c	14,00b	55,09c
G34	38,00b	96,67b	15,47b	74,23b
G35	42,33c	97,33b	13,07c	52,15c
G36	34,67b	86,67 a	14,07b	56,80c
G37	36,00b	98,00b	13,93c	54,73c
G38	44,67c	119,00c	14,33b	62,00b
G39	43,67c	119,00c	12,80c	62,87 b
G40	40,33c	117,67c	13,80c	62,01 b
G41	34,00b	94,67b	13,87c	62,13 b
G42	41,00c	120,33c	15,07b	66,20 b
G43	39,00b	92,00b	11,27c	51,51 c
G44	36,00b	95,33b	13,93c	54,43 c
G45	34,00b	94,67 b	20,67 a	95,01 a
UFUS 6901	36,33b	96,67 b	17,00b	92,93 a

MG/BR46	47,67c	121,67 c	15,00b	58,55 c
UFUS 7415	38,67b	98,00 b	14,93b	74,09 b
BRS GO 7560	42,67c	108,00 b	13,40c	54,50 c
TMG 801	39,00b	102,00 b	15,53 b	78,20 b

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

Sendo eles: G41 (86,66 dias), G36 (87,33 dias), G48 (92), G10 (92,66), G35 (93,33), G46 (94,66), G50 (94,66), G49 (95,33), G1 (95,33), G30 (96,66), G39 (96,66), G20 (97,33), G40 (97,33), G3 (98), G18(98), G23(98), G34(98), G42(98), G37 (103,33).

Lopes et al. (2002) afirma que há dificuldade na obtenção de genótipos que sejam precoces e produtivos simultaneamente.

Ferreira Junior et al. (2018) ao avaliar a diversidade genética entre linhagens em geração F9 de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos encontraram resultados semelhantes com este trabalho para o ciclo dos genótipos demonstrando que o ciclo para genótipos G3 e G45 oscilaram de 102,0 a 133,5 respectivamente.

Para o número de nós houve uma oscilação de 10,67 a 21,60 para os genótipos G32 e G35 respectivamente. O número de nós é um caráter muito importante para o melhoramento. Nogueira et al. (2012) relataram que o número de nós por planta apresenta elevada correlação com o número de vagens por planta que é um considerado como um componente de produção de grãos.

Martins et al. (2011) relatou a importância no número de nós para a produção da biomassa, uma vez que cada folha é associada a um nó, o número de nós está associado com a evolução da área foliar, a qual é responsável pela interceptação da radiação solar utilizada na fotossíntese para produção de biomassa. Em seu estudo avaliando o número final de nós em função de épocas de semeadura, encontraram oscilações de 19,00 a 24,7 nós por planta para as cultivares BRS 247 e N.K7.5 respectivamente.

Oliveira et al. (2014) ao avaliar a diversidade genética para os caracteres agrônômicos entre 19 genótipos de soja, identificaram alturas oscilando de 96,86 a 137,66 para os genótipos UFU11 e UFU 14 respectivamente.

Neste trabalho a altura oscilou de 51,5 cm a 97,82 cm para os genótipos G48 e G34 respectivamente. As menores alturas oscilaram de 51,50 a 64,94 para os genótipos G48 e G31 respectivamente. Sediya (2009) relata que a altura ideal de plantas para uma maior eficiência na colheita está situada entre 50 a 60 cm em áreas planas, afirma ainda que cultivares muito alta tendem a terem maior chance de acamarem prejudicando o rendimento da cultura.

As médias dos valores fenotípicos das linhagens e cultivares em relação aos caracteres relacionados a componentes de produção e produtividade estão apresentados na Tabela 4. Nota-se que para NV1G os valores oscilaram de 1,73 a 34,47 para os genótipos G35 e G44 respectivamente.

TABELA 4. Médias dos caracteres de componentes de produção e produtividade (kg ha⁻¹) de 45 genótipos de soja e cinco cultivares, no município de Uberlândia – MG

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

	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
G1	5,60d	4,93d	17,73c	28,27d	2,44 a	871,15 c
G2	4,10d	6,33d	43,93b	54,40c	2,73 a	1941,72 c
G3	4,87d	22,13b	88,93 a	115,93 a	2,73 a	3767,18 a
G4	10,40d	15,40c	15,33c	41,13c	2,12 a	1149,29c
G5	12,00c	7,53d	16,00c	35,53d	2,11 a	822,44c
G6	13,13c	9,27d	9,60d	32,00d	1,87 a	703,78 a
G7	6,47d	34,60 a	70,53 a	111,60 a	2,57 a	3834,17c
G8	24,27b	9,13 c	7,93 d	41,33c	1,61 a	1303,85c
G9	12,87c	6,27d	9,13 d	28,27d	1,86 a	1179,49c
G10	8,67d	11,27c	6,33 d	26,27d	1,91 a	1154,81c
G11	12,53c	7,93d	13,60 c	34,07d	2,04 a	915,51b
G12	6,00d	26,93b	65,67 a	98,60 a	2,60 a	3139,73c
G13	4,40d	14,80c	3,20d	22,40 e	1,99 a	623,52c
G14	23,33b	7,47d	4,33d	35,13d	1,46 a	1084,94c
G15	5,53d	9,87d	7,27d	22,67d	2,07 a	1309,54c
G16	5,80d	17,40c	6,13d	29,33d	2,01 a	771,92b
G17	7,60d	39,93 a	7,07d	54,60c	1,98 a	2274,96d
G18	9,13d	24,27 a	4,40d	37,80f	1,87 a	1607,38 a
G19	7,27d	37,40b	36,73b	81,40b	2,36 a	3094,39 a
G20	7,40d	30,87 a	44,73b	83,00b	2,45 a	3036,81 ^a
G21	7,40d	28,93 a	28,33c	64,67b	2,33 a	2468,54b
G22	5,93d	5,07d	7,27d	18,27e	2,12 a	894,84d
G23	5,87d	12,40c	11,00d	29,27d	2,18 a	1101,19c
G24	4,67d	11,13c	8,53d	24,33d	2,17 a	844,11d
G25	6,40d	10,33d	14,13c	30,87d	2,24 a	945,11d
G26	5,80d	9,40d	15,33c	30,53d	2,34 a	846,56d
G27	16,60c	10,67d	6,60d	33,87d	1,71 a	1034,85c
G28	15,20c	17,07c	8,80d	36,80d	1,94 a	1073,19c
G29	2,47	38,47 a	45,80b	86,73b	2,50 a	3128,15 a
G30	1,73i	40,33 a	46,60b	88,67b	2,51 a	3252,96 a
G31	14,40	10,20d	15,77c	40,37c	2,03 a	1625,72c
G32	23,40	9,67d	21,03c	54,09c	1,95 a	1910,01b
G33	12,07	10,80d	22,91c	45,78c	2,25 a	1298,34c
G34	13,07	12,53c	21,62c	47,22c	2,18 a	1105,17c
G35	15,53	14,13c	17,20c	46,87c	2,04 a	1193,60c
G36	10,20	14,13c	27,69c	52,02c	2,33 a	1666,28c
G37	4,80	23,67b	10,13d	38,60d	2,14 a	938,74d
G38	10,37	15,53c	9,33d	35,23d	1,95 a	1066,28c
G39	34,47	13,33c	12,80c	60,60c	1,64 a	2436,92b
G40	5,00 a	14,67c	16,87c	36,53d	2,30 a	911,00d
G41	27,73 a	11,47c	15,73c	54,93c	1,78 a	1144,19c
G42	8,13d	19,47b	18,47c	46,07c	2,22 a	1964,93b
G43	14,33c	5,00d	17,33c	36,67d	2,07 a	1803,71b
G44	12,93c	6,67d	13,13c	32,73d	2,01 a	1168,64c
G45	3,73e	36,80 a	66,93b	107,47 a	2,59 a	3657,55 a
UFUS 6901	14,47b	30,47b	42,33b	82,93b	2,39 a	3041,67b
MG/BR46	11,07b	32,53b	58,93b	102,53 a	2,47 a	3254,81 a
UFUS 7415	11,20d	24,53c	21,13c	56,87c	2,18 a	2480,00b
BRSGO 7560	13,40b	23,27b	37,53b	74,20b	2,33 a	3316,54 a
TMG 801	15,27 b	36,27b	50,73 b	102,27 a	2,35 a	3569,83 a

O NV2G variou de 4,93 a 40,33 para os genótipos G6 e G35 respectivamente (Tabela 3). Já para o NV3G houve uma oscilação de 3,20 a 80,93 para os genótipos G18 e G8. Para o número total de vagens o genótipo G27 apresentou o menor valor e o genótipo G8 apresentou o maior valor com 18,27 e 115,68 respectivamente.

De acordo com Leite et al. (2016) o NVT é um caráter que deve ser considerado para seleção de genótipos superiores uma vez que apresenta correlação genética elevada e positiva com a produtividade de grãos.

Ferreira Junior et al. (2015) estudando a diversidade genética em soja encontrou uma grande variabilidade para o NVT, onde esse caráter oscilou de 25 a 114,5 para os genótipos G22 e G11.

De acordo com Sedyama (2016), as cultivares de soja nacionais apresentam em média no máximo de 80 vagens por planta. Neste trabalho 11 genótipos apresentaram número de vagens total acima da média, sendo eles G24 (81,40 vagens), G1(82,93), G25(83,00 vagens), G34(86,73 vagens), G35(88,67 vagens), G17(98,60 vagens), G5(102,27 vagens), G50(107,74 vagens), G12(111,60 vagens) e G8(115,93 vagens).

Bizari et al. (2017) avaliaram seis linhagens F5 provenientes de cruzamentos biparentais e observaram em seus genótipos, em média, a produção de 95,7 vagens por planta. Segundo Sedyama; Silva; Borém (2015) pode apresentar cerca de um a cinco grãos. No presente trabalho o NSV (tabela 3) oscilou de 1,46 a 2,76 para os genótipos G19 e G7 respectivamente.

Costa et al. (2013) estudando as características agronômicas e produtividade de soja encontrou resultados semelhantes com esse trabalho, onde o NSV variou de 2,2 para a cultivar 5909RG a 2,5 para a cultivar BMX potência RR.

As estimativas de correlações entre caracteres são importantes no melhoramento visando a seleção de genótipos superiores, principalmente para caracteres de baixa herdabilidade e/ou de difícil mensuração (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os valores da correlação variam de 0 a 1, podendo ser positivos ou negativos, valores iguais a zero significa que há falta de relação linear entre os caracteres, já valores positivos indica que o aumento de um caráter provocará o aumento de outro, e valores negativos inferem que aumento de um caráter ocasiona a diminuição de outro caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na tabela 5 estão apresentados os dados de correlação fenotípicas (rf) e genotípicas. Foi possível observar alta correlação para APM-NNT (0,91**), NNT-NV2G

(0,73**), NNT-NV3G (0,70**), NNT-NTV (0,70**), NNT-PROD (0,69**), evidenciando que a seleção de plantas com maior número de nós poderá apresentar plantas com um maior número de vagens com um, dois e três grãos, número total de vagens e além disso na produtividade.

TABELA 5. Correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) entre caracteres agronômicos e produtividade de grãos avaliados em 45 genótipos de soja em Uberlândia-MG

Caracteres		NDF	NDM	NNT	APM	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
NDF	rf		0,88**	0,07 ^{NS}	0,04 ^{NS}	-0,04 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,01 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,02 ^{NS}
	rg		0,88++	0,70 ^{NS}	0,38 ^{NS}	-0,501 ^{NS}	-0,267 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,14 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,22 ^{NS}
NDM	rf			0,06 ^{NS}	0,04 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	-0,01 ^{NS}	-0,04 ^{NS}	0,04 ^{NS}	-0,04 ^{NS}
	rg			0,23 ^{NS}	0,55 ^{NS}	0,37 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	-0,01 ^{NS}	-0,38 ^{NS}	-0,43 ^{NS}
NNT	rf				0,91 **	-0,51**	0,73**	0,70**	0,70**	0,66**	0,69**
	rg				0,93 ++	-0,54++	0,76++	0,72++	0,71++	0,68++	0,70++
APM	rf										
	rg					-0,39**	0,74**	0,69**	0,70**	0,59**	0,70**
NV1G	rf										
	rg						-0,32*	-0,28*	0,92 ^{NS}	0,67**	-0,11**
NV2G	rf							0,62**	0,79**	0,50**	0,80**
	rg							0,65++	0,80++	0,53++	0,83++
NV3G	rf								0,94**	0,80**	0,87**
	rg								0,94++	0,81++	0,80++
NTV	rf									0,64**	0,20**
	rg									0,65++	0,36++
NSV	rf										0,61**
	rg										0,62++

** e *: Significativo ao nível de 5 % de probabilidade pelo test t; ++ e +: significativos a 5 % pelo método de bootstrap com 5 mil simulações. NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; PROD: Produtividade de grãos. NV1G, NV2G, NV3g: número de vagens com um, dois e três grãos, NSV: número de sementes por vagem; NTV: número total de vagem.

Também foi possível evidenciar (Tabela 4) que as seleções de plantas com maior altura apresentaram um elevado NV1G (0,39**), NV2G (0,74**), NV3G (0,69**), NTV (0,70**), NSV (0,59**) e também apresentaram uma elevada produtividade (0,70**).

Caracteres correlacionados, como os que determinam a produtividade, podem ser melhorados conjuntamente, evidenciando a importância das informações sobre o comportamento associativo entre os caracteres, a correlação existente entre eles pode dificultar ou facilitar o processo de seleção. Neste trabalho foi possível evidenciar

correlações positivas e significativas para todos os componentes de produção, evidenciando ser útil para a seleção indireta desses caracteres visando aumentar produtividade. Resultados semelhantes foram encontrados por Akram et al. (2016), na qual buscou estudar sobre as correlações entre os componentes de produção e produtividade de grãos de soja e constataram uma correlação positiva entre número de vagens por planta e produtividade (0.995).

Bisinotto (2012) ao estudar as correlações entre os caracteres em soja, evidenciou que os caracteres APM e NNM apresentam correlações fenotípicas e genotípicas positivas e significativas, além disso, o peso de cem grãos foi positivamente correlacionado com a produtividade de grãos com um alto efeito direto fenotipo e genotípico, evidenciando ser útil para a seleção indireta visando o aumento de produtividade.

Nesse trabalho os caracteres de se correlacionaram com a produtividade de grãos foram NNT, APM, NV2G, NV3G, NTV e NSV, apresentando correlações fenotípicas e genotípicas positivas com valores (0,70^{**};0,71⁺⁺), (0,70^{**};0,71⁺⁺), (0,80^{**};0,82⁺⁺), (0,87^{**}; 0,80⁺⁺), (0,20^{**}; 0,36⁺⁺), (0,61^{**}; 0,62⁺⁺) e significativa (Tabela 4) evidenciando ser caracteres úteis para a seleção indireta visando a produtividade.

Nogueira et al. (2012) ao realizar um estudo sobre as correlações entre os caracteres de solo cultivada em duas épocas de semeadura evidenciou alta correlação positiva e significativa entre os caracteres APM-APV (0,90^{**}) e APM - NNM (0,87^{**}) corroborando com os resultados desse trabalho.

A escolha de uma eficiente estratégia de seleção para os genótipos em estudo é de suma importância para o melhoramento visto que irá permitir a continuidade dos genótipos no programa de melhoramento para o avanço de gerações a fins de selecionar os genótipos superiores. A seleção de caracteres quantitativos é uma tarefa difícil, uma vez que são altamente influenciáveis pelo ambiente e possuem baixa herdabilidade, diante disso deve-se escolher um método eficiente de seleção que proporcione maiores ganhos.

A seleção direta visa obter ganhos máximos para um único caráter. A seleção direta de um caráter implica na seleção indireta dos demais, com isso, pode ocasionar respostas desfavoráveis ou favoráveis para os caracteres que não foram levados em consideração na seleção (TEIXEIRA et al., 2017).

Na tabela 6 estão apresentados as estimativas de ganhos de seleção para a seleção direta e indireta e os ganhos de seleção para o índice de Mulamba e Mock (1978).

TABELA 6. Estimativas do ganho de seleção obtidos após a seleção direta e indireta e pelo índice de seleção Mulamba e Mock (1978) realizada em 10 caracteres avaliados em 45 genótipos de soja e 5 cultivares.

Caracteres	GS (%)									
	NDF	NDM	NNT	APM	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
NDF	-11,26	-10,25	0,95	1,53	-0,38	0,13	2,0	1,41	2,27	0,83
NDM	-12,66	-13,43	0,37	1,51	0,93	-0,65	1,55	1,21	2,3	-0,14
NNT	0,28	-2,22	25,57	24,87	6,21	21,73	21,37	19,58	21,5	20,60
APM	0,8	-1,73	25,96	26,61	4,77	22,72	21,01	19,51	21,9	20,47
NV1G	0,36	8,2	-37,03	-41,5	-57,49	-26,4	-30,07	-9,92	-36,32	-25,38
NV2G	11,04	-6,01	58,54	62,11	4,66	79,98	66,05	68,68	51,79	72,9
NV3G	3,62	1,43	38,82	37,76	7,91	36,59	56,02	51,77	51,54	52,96
NTV	5,84	0,5	40,52	40,0	-1,77	46,78	57,19	57,87	48,44	57,46
NSV	1,36	0,94	11,33	11,24	8,12	9,65	15,47	11,84	15,87	13,62
PROD	3,52	0,3	45,29	44,83	-3,74	53,94	62,53	64,13	49,41	64,27
Total	-177,90	-27,27	210,32	208,96	-30,75	244,47	273,3	286,88	227,89	227,59
MM ¹	-0,11	-1,51	20,92	20,67	-27,51	69,46	51,56	55,04	13,64	58,95
TOMM ¹	265,91									

NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; PROD: Produtividade de grãos. NV1G, NV2G, NV3g: número de vagens com um, dois e três grãos, NSV: número de sementes por vagem; NTV: número total de vagem Valores em negrito correspondem ao ganho de seleção direto do caractere. MM: ganhos de seleção para o índice de Mulamba e Mock (1978) e TOMM: total de ganho de seleção pelo índice de Mulamba e Mock (1978)

A seleção foi realizada tendo como objetivo o decréscimo para os caracteres NDF e NDM e NV1G e acréscimo aos demais, assim foram obtidos ganhos diretos negativos e positivos a depender do objetivo. Os maiores ganhos de seleção direto (Tabela 5) foram propiciados pela seleção dos caracteres de PROD (64,24%), NV2G (79,98%), NTV (57,87%), NV3G (56,02%). E o menor valor obtido foi para o caráter NDF (-11,26%).

Em conformidade com esse trabalho Bizari et al. (2017) também obtiveram altos ganhos de seleção direta para os caracteres produção, além disso obtiveram o menor ganho de seleção para o caractere NDM (3,29%) e o maior ganho de seleção para o PROD (35,70%)

Quando se pratica a seleção direta para o caráter produtividade se tem respostas favoráveis para todos os outros caracteres, tendo em vista que a produtividade é um caractere de maior importância econômico, o uso de seleção direta para esse caráter pode ser considerado como uma estratégia viável em um programa de melhoramento.

Para a seleção através do índice de Mulamba e Mock (1978) os maiores ganhos de seleção foram obtidos para os caracteres NV2G (69,46%), PROD (58, 95%) e NTV (55,04 %).

A seleção direta dos caracteres relacionados ao ciclo como o NDF e NDM, mostrou a possibilidade de selecionar genótipos mais precoces. Foram observados ganhos de seleção de -11,26 para NDF e -13,43 % para NDM (Tabela 5).

Ao praticar a seleção direta para os genótipos com menor ciclo total foi constatado resposta desfavorável para o caráter de produtividade (-0,14%). Uma vez que a seleção de genótipos precoces e que apresentem alto rendimento de grãos é considerada uma tarefa difícil em programas de melhoramento.

Teixeira et al. (2017) em seu estudo identificou que o índice de soma de “ranks” apresentou alto valor de ganho genético total (75,45%) além de proporcionar uma distribuição equilibrada dos ganhos de seleção entre os caracteres avaliados. No presente estudo o ganho de seleção total para o índice de Mulamba e Mock (1978) foi de 265,1 % evidenciando um alto valor de ganho de seleção além de ter propiciado também uma distribuição equilibrada entre os caracteres avaliados.

TABELA 6. Produtividade (PROD) em kg ha⁻¹ dos genótipos superiores selecionados pela seleção direta, índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock, no município de Uberlândia – MG

Índice de Mulamba e Mock (1978)		Seleção Direta	
Genótipo	PROD	Genótipo	PROD
G8	3767,18	G8	3767,18
G12	3834,17	G12	3834,17
G17	3139,73	G17	3139,73
G24	3094,39	G24	3094,39
G25	3036,81	G25	3036,81
G26	2468,54	G26	2468,54
G34	3128,15	G34	3128,15
G35	3252,96	G35	3252,96
G41	1666,28	G50	3657,55
G50	3657,55	UFUS 6901	3041,67
UFUS 6901	3041,67	MG/BR46	3254,81
		Conquista	

MG/BR46 Conquista	3254,81	UFUS 7415	2480,00
UFUS7415	2480,00	BRS GO 7560	3316,54
TMG801	3569,83	TMG801	3569,83

A tabela 6 mostra os quatorze genótipos selecionados para o caráter produtividade de grãos em cada uma das estratégias adotadas neste trabalho acompanhando suas respectivas médias de produção.

Ficou evidente que os genótipos: G8, G12, G17, G24, G25, G26, G34, G35, G50 foram considerados para todos os métodos utilizados neste trabalho evidenciando a superioridade desses genótipos, pode-se notar que as testemunhas também foram selecionadas pelos dois métodos.

4. CONCLUSÕES

As estimativas de parâmetros genéticos indicam situações favoráveis para praticar a seleção para todos os caracteres estudados uma vez que apresentam razão do CVg/CVa maior que uma unidade, além desses todos caracteres apresentaram valores altos de herdabilidade.

As correlações dos componentes de produção com a produtividade foram de alta magnitude e positiva, evidenciando a possibilidade de seleção indireta para produtividade a partir desses caracteres.

A seleção direta demonstrou maiores ganhos para o caractere de produtividade não demonstrando efeitos desfavoráveis para os caracteres secundários podendo ser uma alternativa utilizada no melhoramento genético para a seleção de genótipos superiores.

A seleção baseada no índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) também apresentaram bons valores de ganho de seleção para todos os caracteres analisados.

Os genótipos G8, G12, G17, G24, G25, G26, G34, G35, G50 foram superiores pelos métodos de seleção direta para produtividade e pela seleção simultânea baseada em índices.

5. REFERÊNCIAS

- BALDISSERA, J. N. DA C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; & COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, E.A.; MOREIRA, G.R.;PAULA,M.O.;OLIVEIRA,A.C.M.Coefficiente de variação como medida de precisão em experimentos com tomate em ambiente protegido. **Enciclopédia biosfera**, Goiânia, v.8, N.14; p. 221-233, 2012.
- FERREIRA JUNIOR, J. A., UNEDA-TREVISOLI, S. H., COELHO GONCALVES ESPINDOLA, S. M., VIANNA, V. F., & DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>
- LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.
- MARTINS, J.D.; STRECK, N. A; CARLESSO, A. E. K. R. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em função da época de semeadura. **Ciência Rural**, v. 41, n. 6, p. 954-959, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0103-84782011005000064>
- OLIVEIRA, S.M.; SOUSA, L.B.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.H.; OLIVEIRA, V.M. Caracteres agrônômicos e divergência genética entre genótipos de soja. **Enciclopédia biosfera**, Goiânia, v.10, n.18; p. 289-268, 2014.
- PIMENTEL GOMES, F. **Curso de Estatística Experimental**. São Paulo: Nobel, 1985. 467 p
- RIBEIRO, G.R.S. **Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja sob diferentes condições de fósforo**. 2012. 49f. Dissertação (Mestrado em produção vegetal)- Universidade Federal do Tocantins, Gurupi- TO, 2012.
- SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Ed. Mecenas, 2009. 314p.
- TEIXEIRA, F. G. **Herança da precocidade e de caracteres agrônômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção**. 2017. 96f. Dissertação (Mestrado em fitotecnia)- Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>
- TEIXEIRA, F. G., HAMAWAKI, O. T., NOGUEIRA, A. P. O., HAMAWAKI, R. L., JORGE, G. L., HAMAWAKI, C. L., ... & SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017

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

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

ZHANG, J.; SONG, Q.; CREGAN, P. B.; NELSON, R. L.; WANG, X.; WU, J.; JIANG, G. L. Genome-wide association study for flowering time, maturity dates and plant height in early maturing soybean (*Glycine max*) germplasm. **BMC genomics**, v. 16, n. 1, p. 217, 2011. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1441-4>