

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

LORRAYNE LUCINDA SILVA

ANÁLISE DIALÉLICA, PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO
EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA

UBERLÂNDIA
2021

LORRAYNE LUCINDA SILVA

ANÁLISE DIALÉLICA, PARÂMETROS GENÉTICOS E ÍNDICE DE SELEÇÃO
EM POPULAÇÕES SEGREGANTE DE SOJA

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

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

UBERLÂNDIA
2021

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

S586a Silva, Lorryne Lucinda, 1992-
2021 Análise dialéctica, parâmetros genéticos e índice de seleção em populações segregante de soja [recurso eletrônico / Lorryne Lucinda Silva. - 2021.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia.
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2021.5617>
Inclui bibliografia.

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

CDU: 631

Glória Aparecida
Bibliotecária - CRB-6/2047



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 014/2021, PPGAGRO				
Data:	Trinta de setembro de dois mil e vinte e um	Hora de início:	15:00	Hora de encerramento:	17:00
Matrícula do Discente:	11912AGR012				
Nome do Discente:	Lorrayne Lucinda Silva				
Título do Trabalho:	Análise dialéctica, parâmetros genéticos e índices de seleção em populações segregantes de soja				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Produção Vegetal em Áreas de Cerrado				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU; Fernando Cezar Juliatti - UFU; Abadia dos Reis Nascimento - UFG; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

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

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

[A]provado(a).

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

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

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



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Tosiuyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/09/2021, às 17:14, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/09/2021, às 17:14, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/09/2021, às 17:16, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Abadia dos Reis Nascimento, Usuário Externo**, em 17/10/2021, às 19:31, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3011625** e o código CRC **33D5411F**.

“Agradeço às pessoas que me rejeitaram e me disseram não. Por causa delas, agi por mim mesmo e cheguei até aqui.”

Johnny de Carli

Ao SENHOR JESUS.

Aos meus pais Divonei e Marcia.

Ao meu namorado Roberto.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Ao senhor JESUS pela minha vida, pelos inúmeros ensinamentos, pela força concedida, por acreditar e permitir que eu fosse tão longe quando nem eu acreditava mais em mim.

Pai palavras não são suficientes para agradece-lo, o senhor sempre me incentivou em tudo o que eu me propus a fazer, e além disso sempre esteve de forma presente ao meu lado, trabalhando no sol quente, capinando, contando plantas, sempre motivado a me motivar quando eu queria desistir, quando o meu choro e desespero falavam mais alto sempre pude contar com seu abraço, sou e serei eternamente grata ao senhor.

Mãe meu muito obrigada por tudo, mesmo sabendo que a senhora não gosta do que faço pois o gosto por terra não é o forte da senhora, sempre me apoiou pois sabia o quanto tudo isso era e é importante para mim, se dedicou a me ajudar e me apoiou quando eu chegava desanimada com raiva e frustrada, o seu colo e carinho tornaram esses dias difíceis mais leves, minha eterna gratidão por tudo o que a senhora representa para mim.

Roberto, quantas lamurias escutou nesses dois anos e pouco, obrigada pela paciência em me ouvir, pela sabedoria em tentar me mostrar que eu era capaz de conseguir e que era maior que tudo o que enfrentei, e claro pelos momentos dedicados aos meus experimentos, você sabe que sua ajuda em tudo foi muito importante.

A minha avó Divina que se esforçou e dedicou o seu tempo para me auxiliar, muito obrigada a ajuda da senhora significou muito para mim.

Anna Regina e Morganna, meninas vocês sabem que precisaria de um livro para escrever tudo o que passamos nesse tempo, obrigada por existirem e por se tornarem minhas amigas, desde o primeiro dia dessa jornada chamada mestrado vocês me acompanharam e me ajudaram de todas as formas possíveis, tenham certeza que vou levá-las para sempre no meu coração, foi muito bom saber que ainda existem pessoas boas, com empatia no meio de tanta competição e luta pelo ego.

A Kamila, uma pessoa que fiquei muito grata por poder conhecer, sempre prestativa e esforçada, um doce de pessoa que contribuiu muito para que esse trabalho acontecesse.

Ao meu orientador Dr. Osvaldo, muito obrigada pela oportunidade de aprendizagem.

A minha co-orientadora Dra. Ana Paula, sem palavras para agradecer o apoio da senhora, tenha certeza que foi de extrema importância para mim poder contar com a sua ajuda.

Agradeço ainda aos membros da banca, pela disponibilidade e gentileza em aceitar a participar de um momento tão importante para mim, contribuindo com sua grande experiência e conhecimento, para tornar esse trabalho melhor.

A CAPES e a FAPEMIG pelo apoio financeiro de extrema importância para que esse trabalho se concretiza-se.

A todos aqueles que contribuíram de alguma forma para que esse momento fosse possível.

Muito obrigada!

Sumário

RESUMO	i
ABSTRACT	ii

1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	2
2.1. Origem e Expansão da cultura da soja.....	2
2.2. Botânica e Fenologia.....	3
2.3. Melhoramento Genético da Soja.....	5
2.4. Análise Dialélica.....	7
2.5. Parâmetros genéticos.....	9
REFERÊNCIAS.....	12
CAPÍTULO 2. Dialelo parcial em soja para caracteres de interesse agrônomo.....	17
RESUMO.....	17
ABSTRACT.....	18
1. INTRODUÇÃO.....	18
2. Material e Métodos.....	20
2.1. Instalação do Experimento.....	20
2.2. Seleção dos progenitores.....	20
2.3. Implantação do bloco de cruzamento e hibridação artificial.....	21
2.4. Instalação e avaliações do dialelo parcial com híbridos F1 e seus genitores.....	22
2.5. Análise Estatística.....	23
3. Resultados e discussão.....	24
4. Conclusões.....	29
Referencias.....	30
CAPÍTULO 3. Estimativas de parâmetros genéticos e índices de seleção em populações segregantes de soja.....	33
RESUMO.....	34
ABSTRACT.....	35
1. INTRODUÇÃO.....	35
2. Material e Métodos.....	37
2.1. Instalação do experimento da progênie F ₄	37
2.2. Condução do experimento.....	38
2.3. Avaliações Realizadas.....	39
2.4. Instalação do experimento progênie F ₅	40
2.5. Análises estatísticas.....	41
3. Resultados e discussão.....	45
4. Conclusões.....	65
Referências.....	66

SILVA, LORRAYNE LUCINDA. **Análise dialélica, parâmetros genéticos e índice de seleção em populações segregantes de soja**. 2021, Dissertação (Mestrado em Agronomia/Produção Vegetal) – Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais. Brasil ¹.

RESUMO

Conhecer a respeito das progênies que serão utilizadas durante o processo de melhoramento genético, possibilita realizar uma seleção mais assertiva, o que resulta em ganho de tempo e recursos que poderão ser destinados a progênies superiores. Essa dissertação foi dividida em três capítulos. O primeiro capítulo trata-se do referencial teórico, que aborda os aspectos da cultura da soja de forma geral, o melhoramento genético, análise dialélica, e os parâmetros genéticos da cultura assim como os índices de seleção. O segundo capítulo teve como objetivo determinar a capacidade geral e específica de combinações de genótipos de soja quanto a atributos agronômicos, com a finalidade de identificar genitores e combinações híbridas promissoras para o melhoramento de soja. Os experimentos foram conduzidos no Programa de Melhoramento genético de Soja da UFU, em Uberlândia – MG. Foram semeados cinco genitores em casa de vegetação UFUS Xavante, UFUS Guará, UFUS 7101 e TMG 801 e seis híbridos resultantes F1 resultantes dos cruzamentos. Foram avaliados o número de dias para florescimento e maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós, número de vagens por planta e produção de grãos por planta. As cultivares UFUS Xavante, UFUS Guará e UFUS 7101 contribuíram para diminuição no número de dias para o florescimento e maturidade e para peso de grãos. As combinações híbridas UFUS Guará x UFUS 7101 e UFUS Xavante x UFUS Guará, demonstraram que tem capacidade para obter populações segregantes com menor ciclo e com elevada produção. No terceiro capítulo os objetivos foram conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção de caracteres agronômicos e selecionar progênies de soja F_{4:5} e F_{5:6} semeadas em duas safras distintas por meio de índices de seleção. Foram avaliados para a primeira safra o número de dias para florescimento e maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós, número de vagens por planta e peso de grãos. Para a segunda safra avaliou-se o número de dias para florescimento e maturidade assim como o peso de grãos. As populações segregantes F_{4:5} e F_{5:6} apresentaram alto potencial genético e possibilitam aplicar diferentes metodologias de seleção na busca por progênies superiores. A seleção direta para APF, APM e AIPV é indicada para a seleção indireta para os demais caracteres, para a safra 2019/20 e de forma conjunta com a safra 2020/21. As progênies UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183 foram selecionadas por ambos índices de seleção, na análise conjunta.

Palavras – Chave: *Glycine max*, melhoramento, seleção.

SILVA, LORRAYNE LUCINDA. **Diallel analysis, genetic parameters and selection index in segregating soybean populations.** 2021, Dissertation (Masters in Agronomy/Vegetable Production) – Federal University of Uberlândia, Minas Gerais. Brazil 1.

ABSTRACT

Knowing about the progenies that will be used during the genetic improvement process makes it possible to carry out a more assertive selection, which results in saving time and resources that can be allocated to superior progenies. This dissertation was divided into three chapters. The first chapter deals with the theoretical framework, which addresses aspects of soybean culture in general, genetic improvement, diallel analysis, and the genetic parameters of the culture as well as selection indices. The second chapter aimed to determine the general and specific capacity of combinations of soybean genotypes regarding agronomic attributes, in order to identify parents and hybrid combinations promising for soybean breeding. The experiments were carried out in the Soybean Genetic Improvement Program at UFU, in Uberlândia – MG. Five parents were sown in a greenhouse UFUS Xavante, UFUS Guar, UFUS 7101 and TMG 801 and six resulting F1 hybrids resulting from the crosses. The number of days to flowering and maturity, height of insertion of the first pod, number of nodes, number of pods per plant and grain yield per plant were evaluated. Cultivars UFUS Xavante, UFUS Guar and UFUS 7101 contributed to a decrease in the number of days for flowering and maturity and for grain weight. The hybrid combinations UFUS Guar x UFUS 7101 and UFUS Xavante x UFUS Guar demonstrated that it has the capacity to obtain segregating populations with a shorter cycle and with high production. In the third chapter, the objectives were to know the genetic parameters and selection gains of agronomic traits and to select F4:5 and F5:6 soybean progenies sown in two different crops through selection indices. The number of days for flowering and maturity, height of insertion of the first pod, number of nodes, number of pods per plant and grain weight were evaluated for the first crop. For the second crop, the number of days to flowering and maturity was evaluated, as well as the grain weight. The segregating populations F4:5 and F5:6 showed high genetic potential and allow the application of different selection methodologies in the search for superior progenies. The direct selection of the character APF, APM and AIPV is indicated for indirect selection for the other characters, for the 2019/20 harvest and jointly with the 2020/21 harvest. Progenies UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183 were selected by both selection indexes, in the joint analysis.

Keywords: *Glycine max*, improvement, selection.

1. INTRODUÇÃO GERAL

De acordo com estudos, existe a previsão que no ano de 2050, a população da terra terá 9 bilhões de pessoas, isto significa que essa população demandará 333,674 milhões de toneladas de alimentos (ALEXANDRATOS; BRUINSMA, 2012). Devido a grande importância da soja para a alimentação animal e humana, além de suas utilizações na indústria a demanda pelo grão tende ser crescente ano após ano.

A busca por cultivares de soja cada vez mais produtivas tem sido um dos gargalos dos programas de melhoramento, que tem como principal objetivo entregar ao mercado matérias de soja mais produtivos, para tanto, a seleção de genótipos que apresentem alta capacidade de produção de grãos e boa capacidade de adaptação ambiental tem sido crucial nesse processo (FARIA et al., 2007).

Nos programas de melhoramento ter o conhecimento a respeito da variabilidade genética e a determinação de parâmetros genéticos, é importante uma vez que permite se fazer inferências a respeito da população em estudo (HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019).

Para iniciar o melhoramento afim da obtenção de novas progênies a utilização do cruzamento dialélico é um dos métodos genéticos estatísticos utilizado para estimar os parâmetros que permite realizar seleção de parentais, para o processo de hibridação assim como entender os efeitos genéticos que determinam os caracteres (KUREK et al., 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Outras formas de seleção ocorrem também nos demais estágios do melhoramento, como a seleção dos genótipos superiores para o avanço de gerações, para tanto as estimativas de parâmetros genéticos como herdabilidade, e ganhos com a seleção, além dos índices de seleção são usados nos programas de melhoramento com o intuito de obter maior assertividade (VASCONCELOS et al., 2012).

Com isso os principais objetivos desse trabalho foi determinar a capacidade geral e específica de combinação de genótipos e soja quanto a atributos agrônômicos, com a finalidade de identificar genitores e combinações híbridas promissoras para o melhoramento de soja e conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção de caracteres agrônômicos e selecionar progênies de soja F_{4:5} e F_{5:6} semeadas em duas safras distintas por meio de índices de seleção.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Origem e Expansão da cultura da soja.

A soja faz parte da família das Fabáceas, a mesma está entre uma das maiores culturas e mais ricas em fontes de óleo vegetal e proteína, seja para o consumo humano quanto animal. Pertencente à região do sudeste asiático mais conhecida como Manchúria foi domesticada na China a cerca de 5000 anos, adaptada a regiões com clima temperado tem sido amplamente estudada para os diferentes climas e latitudes (ALVEZ et al., 2003).

No Brasil a produção do grão de forma comercial iniciou-se no estado do Rio Grande do Sul, no ano de 1935 aproximadamente. Já no ano de 1941 a área plantada no estado era de 702 hectares. Foi então que no ano de 1950, houve a expansão da cultura para as regiões do sudeste, norte e nordeste (SEDIYAMA et al., 2009a).

Na década de 70 o valor do grão foi o que instigou os produtores para avançar cada vez mais a produção, principalmente na região sul do país, nesse período eram utilizadas diversas cultivares advindas dos EUA como Bragg, Davis, Hill, Hood, Hardee, Bienville, Bossier, entre outras, uma vez que demonstravam uma ótima adaptação a localidade sul (DALL'AGNOL, 2016).

Apesar do bom desenvolvimento da cultura no sul do país, como dito a sua produção não ficou restrita a essas áreas, indo em expansão principalmente para as áreas do cerrado. No entanto segundo Dall'Agnol (2016), as cultivares utilizadas na região sul foram advindas dos EUA, logo as mesmas não obtiveram êxito na região do cerrado por conta das baixas latitudes da região, pelo fato de as principais cultivares serem originárias da China e EUA os maiores produtores do grão até aquele momento, não havia a necessidade de se desenvolver cultivares que fossem adaptadas a regiões de baixas latitudes como o cerrado por exemplo. Por isso houve a necessidade de se pesquisar cultivares que fossem adaptadas a região do cerrado para promover assim o sucesso de sua expansão.

Apesar do melhoramento ter contribuído de forma drástica para a dispersão da produção para outras localidades do país outros fatores contribuíram para que isso ocorresse, como o avanço na fertilidade do solo, incentivos fiscais, escalada dos maquinários agrícolas, a utilização do óleo vegetal para a alimentação humana em detrimento do uso da gordura animal (SEDIYAMA, 2013).

Por fim deve-se ressaltar ainda o avanço e a utilização de tecnologias e inovações no manejo, o sistema de plantio direto assim como a fixação biológica de nitrogênio (FBN) e o controle fitossanitário com produtos químicos proporcionaram a consolidação da cultura no Brasil e possibilitou o aumento cada vez maior da capacidade de produção (GAZZONI, 2013).

2.2.Botânica e Fenologia.

Trata-se de uma cultura anual, com um ciclo de vida que varia de 70 a 200 dias desde a emergência até a maturação, apresenta altura de inserção da primeira vagem de 10 a 20 cm e altura de planta variando de 30 a 250 cm, o hábito de crescimento por sua vez é ereto ou prostrado, já o tipo de crescimento pode ser determinado, semideterminado ou indeterminado. A cultura é classificada ainda de acordo com o grupo de maturação que no mundo tem valores de 000 a 10 e no Brasil de 5 a 10. Suas hastes e vagens tem pubescências com variação de cor que pode se cinza ou marrom variando em intensidade (SEDIYAMA et al., 2009b; SEDIYAMA et al., 2005).

A planta faz parte do reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae (Leguminosae), subfamília Faboideae (Papilionoideae), gênero Glycine, espécie Glycine max (L.) Merrill (SEDIYAMA, 2009c).

Apresenta um sistema radicular axial fasciculado, as raízes adjacentes advêm da raiz pivotante, as raízes apresentam nódulos que por sua vez estão conectados a epiderme por filamentos. Tais nódulos nada mais são que as bactérias Bradyrhizobium, sendo essas responsáveis por realizar a fixação biológica de nitrogênio advindo do ar atmosférico, estabelecendo uma relação simbiótica (SEDIYAMA, 2016).

Já o caule principal tem seu desenvolvimento por meio do eixo embrionário, em relação ao número e o tipo de ramificações pode haver variação de acordo com a genética da cultivar, assim como o espaço que a planta terá para se desenvolver (MULLER, 1981).

Em relação às folhas pelo período de seu desenvolvimento podem apresentar quatro tipos diferentes de folhas: cotiledonares, unifolioladas, trofolioladas e prófilos (LERSTEN; CARLSON, 2004).

As flores da planta são classificadas como completas composta pelo cálice, corola, androceu e gineceu, e de forma geral se dão nos racemos terminais ou axilares. A quantidade de flores está entre 2 a 35 por racemo e assim que ocorre sua abertura apresentam tamanhos variados de 3 a 8 mm, a abertura das flores geralmente acontece

nos períodos da manhã, e fatores como temperatura e umidade afetam a abertura das mesmas (NOGUEIRA et al., 2009).

No entanto, para que aconteça o desenvolvimento das flores é fundamental que ocorra a indução fisiológica. Por ser uma planta considerada de dia curto a indução só acontece quando a planta é apresentada em uma situação que o número de horas de luz for menor ou igual ao fotoperíodo crítico máximo, a planta mesmo sob essas condições deve estar receptível a variação do comprimento do dia (BARROS; SEDIYAMA, 2009).

A Soja é uma planta autógama e cleistógama, e apresenta baixas taxas de polinização cruzada em média 2% apenas sendo os insetos os responsáveis por essa taxa, principalmente as abelhas (GAZOONI, 2016).

Os grãos por sua vez em sua maioria apresentam forma ovalada, podendo ainda ter outros formatos como alongado, por exemplo, o hilo pode variar tanto em sua coloração quanto no formato, as cores variam de tons de preto, amarelo, cinza e marrom claro (SINGH, 2010).

Em relação às vagens o seu desenvolvimento se inicia de 20 a 25 dias após o processo de floração, nesse momento as sementes atingem seu máximo crescimento, em seguida a esse período inicia o decréscimo do seu tamanho, pois os grãos começam a perder água e substâncias de reserva, lembrando que o desenvolvimento não acontece de forma uniforme, pois existe a diferenciação de ciclos (HOWELL, 1963). De acordo com Sedyama et al. (1985) uma vagem pode ter de um a cinco grãos, sendo mais comum vagens com duas ou três grãos.

Um fator de extrema importância dentro da cultura é a definição dos estádios de desenvolvimento da cultura, através da identificação dos estádios é possível determinar certos parâmetros de produção principalmente no que diz respeito ao manejo adequado da cultura (CÂMARA, 1998).

Portanto, atualmente é utilizada é aceita a escala proposta por Fehr e Caviness (1977), os estádios são divididos em vegetativos e reprodutivos, sendo o vegetativo iniciado pelo VE que é denominado emergência, seguido pelo VC colindonar, V1 onde se tem o primeiro nó, nesse momento as folhas unifolioladas estão completamente desenvolvidas, V2 segundo nó, onde se tem uma folha trifoliolada completamente desenvolvida, localizada no nó acima dos nós das folhas unifolioladas, V3 terceiro nó, nesse momento a planta tem três nó sob a haste principal com folhas completamente desenvolvidas, lembrando que a contagem dos nós se dá a partir do nó das folhas

unifolioladas, e assim sucessivamente se dá a contagem até que se tenha o início do estágio reprodutivo.

No estágio reprodutivo Fehr e Caviness (1977) classificam o mesmo com a letra R seguido por números, e pode-se dividir esses estágio em quatro grupos começando pelo R1 e R2 que é o início da floração, a planta tem uma flor aberta em qualquer nó da haste principal, seguido da floração plena com uma flor aberta em um dos dois últimos nós da haste principal com folha completamente desenvolvida. O segundo grupo compreende R3 e R4 iniciando com o a formação da vagem, as vagens nesse momento tem em média 5 mm de comprimento em um dos quatro últimos nós superiores, e findando com a mesma completamente desenvolvida com tamanho de 20 mm. Já em R5 e R6 tem-se o início da formação da semente, onde as mesmas tem em média 3 mm de comprimento em uma vagem que esteja em um dos quatro últimos nós superiores e em R6 a semente ou grão já está completamente desenvolvida, preenchendo a cavidade da vagem localizada em um dos quatro últimos nós superiores, por fim temos o quarto grupo que é composto pelos estádios R7 e R8, respectivamente se tem o início da maturação nesse instante na haste principal há presença de uma vagem com cor característica de amadurecimento, posteriormente a maturação plena onde 95% das vagens tenham atingido cor de vagem madura.

2.3. Melhoramento Genético da Soja.

É incontestável que o agronegócio brasileiro vem crescendo ano após ano e tem sido destaque quando se fala em representatividade econômica, assumindo assim um papel extremamente importante para um conjunto de áreas. De acordo com Binotto et al (2009) o meio agrícola como um todo é responsável por movimentar não só o país, mas traz consequências econômicas mundiais.

A cultura da soja é uma das principais culturas responsáveis por tal movimentação, à produção da mesma é capaz de impactar diversos setores desde a pesquisa e desenvolvimento, assim como os fornecedores de insumos, as indústrias de máquinas e equipamentos, cooperativas agropecuárias, agroindústrias, processadoras entre outros. Trata-se de um complexo responsável não apenas por produzir insumos e matéria prima, mas também por gerar empregos em todas essas divisões, contribuindo de forma sumária no desenvolvimento geral (HIRACURY; LAZZAROTTO, 2011).

Devido a relevância da cultura e da demanda cada vez mais crescente por alimento é que se tem utilizado o melhoramento genético com uma das ferramentas primordiais para elevar a capacidade de produtividade da cultura. Por meio da sua utilização a produtividade média brasileira deu um salto de 1748 kg ha no ano de 1970 para 3364 kg ha na safra de 2016/17 (Conab, 2017).

Um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético se baseia na seleção de genótipos de soja que tenham alta capacidade de produção de grãos, deve apresentar também capacidade de adaptação ambiental (FARIA et al., 2007).

Além disso, caracteres como ciclo, altura de plantas na maturação, altura de inserção da primeira vagem, resistência a deiscência de vagem, resistência a pragas e doenças e qualidade dos grãos são importantes dentro do sistema produtivo e levados em consideração para o processo de seleção (FINHOLDT, 2012).

Todos os fatores mencionados são de extrema importância para o momento de seleção, mas não podemos nos esquecer do grande salto do melhoramento relacionado a possibilitar a adaptação dos cultivares de soja nas regiões Centro Oeste, Norte e Nordeste, através do melhoramento com a introdução do período juvenil longo, foi possível que essa expansão acontecesse para os locais com latitudes menores (FARIAS et al., 2006).

À medida que a latitude decresce a variação entre as horas de luz e escuro é reduzida, período esse que acontece justamente na época em que se semeia a soja, nas regiões do cerrado nesse período já apresentam fotoperíodo menor em relação aos da região Sul, com isso se as cultivares usadas no Sul fossem cultivadas no Cerrado (Plantas de Período Juvenil Curto) irão florescer precocemente sem atingir tamanhos satisfatórios para obtenção de uma boa produção, impossibilitando também o processo de colheita mecanizada, devido a esses fatores e que é que foi necessário a intervenção do melhoramento para a introdução do período juvenil longo (SILVA et al., 2015).

Existem aproximadamente 40 patógenos entre fungos, bactérias, nematoides e vírus que podem infectar a cultura da soja todos esses patógenos podem ocasionar perdas que variam entre 14 a 20% na produtividade da cultura, porem outras doenças como a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*), por exemplo, pode ocasionar perdas de até 100%, a mesma está exposta a outras doenças como a podridão branca da haste (*Sclerotinia sclerotiorum*), a mancha olho de rã (*Cercospora sojina* Hara), aos nematoides de cisto (*Heterodera glycines*), e nematoide de galha (*Meloidogyne incognita* e *M. javanica*), o crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *glycinea*), o fogo selvagem (*Pseudomonas syringae* pv. *Tabaci*), a pústula bacteriana (*Xanthomonas*

axonopodis pv. *glycinea*), o mosaico cálico (*Alfalfa Mosaic Virus* – AMV), o mosaico comum da soja (*Soybean Mosaic Virus* – SMV) e a necrose da haste (*Cowpea mild mottle virus* – CPMMV) (ALMEIDA et al., 2005).

E como principal forma de controle para esses patógenos é por meio da resistência genética, apesar de existirem formas de tratamento através de produtos químicos a resistência genética é ainda a forma mais eficaz e econômica de controle, no entanto, mesmo sendo eficaz alguns patógenos já demonstram variabilidade genética como, por exemplo, o nematoide de cisto que possui 11 raças (1, 2, 3, 4, 4+ , 5, 6, 9, 10, 14 e 14+). Demonstrando a importância da utilização do melhoramento genético não apenas para o controle dos patógenos assim como para melhoria nos caracteres agronômicos de importância (MATSUO et al., 2015).

2.4. Análise Dialélica

Quando se inicia um programa de melhoramento de soja, um dos primordiais gargalos encontrados é justamente a escolha dos genitores que serão usados nos cruzamentos para originar os híbridos por meio das combinações, de maneira geral para tanto utiliza-se como critério a capacidade de combinação desses genitores, sempre buscando a máxima variabilidade genética (BALESTRE et al., 2008).

Se a escolha realizada dos genitores não for bem definida, resultará em populações segregantes que tem pouca variabilidade genética, o que não é desejável e gera perda de tempo e gasto de recursos para que o processo aconteça (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Devido à importância dessa variação são realizados diversos estudos e autores como Mulato et al, (2010), Hiromoto et al, (1986), verificaram que após anos de realização de seleção houve significativa perda de variabilidade nas populações de soja. Isso faz com que a adoção da análise dialélica permita estimar parâmetros que são primordiais para realizar a seleção dos genitores para os cruzamentos possibilitando assim selecionar para alcançar um aumento da variabilidade (CRUZ et al., 2012).

A utilização dos cruzamentos dialélicos é um dos métodos genético estatísticos de quando se diz em estimar os parâmetros que permite realizar seleção de parentais, para o processo de hibridação assim como entender os efeitos genéticos que determinam os caracteres (KUREK et al., 2001; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

A análise dialélica é utilizada para expressar um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, sendo esse resultado do cruzamento entre p genitores, nesse sistema de análise pode-se

acrescentar além dos genitores os híbridos recíprocos até mesmo outras gerações correlacionadas, como os F2 por exemplo assim como os retrocruzamentos (CRUZ et al., 2012).

Alguns métodos foram desenvolvidos para avaliar os cruzamentos dialélicos como o de Griffing (1956), que é capaz de estimar os efeitos e as somas dos quadrados de efeitos da capacidade geral e específica de combinação, outra metodologia proposta é a de Gardner e Eberhart (1966), onde se avalia os efeitos de variedades, a heterose varietal e a heterose do cruzamento, e ainda a metodologia de Hayman (1954), que irá disponibilizar dados sobre a herança de um caráter que esteja sendo avaliado, dos valores genéticos dos genitores utilizados e do limite de seleção (CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Segundo Cruz et al (2012) existem vários tipos de dialelo que podem ser utilizados como: Dialelos balanceados, nesses podem ser incluídos os híbridos F1 com todos os pares de combinações dos genitores, nesse tipo pode ser incluso os progenitores e os híbridos recíprocos; Dialelos parciais onde são existentes dois grupos de progenitores e seus cruzamentos; Dialelos circulantes nesse caso os progenitores são representados no delineamento por um mesmo número de cruzamentos, no entanto, inferior a $p-1$ da mesma forma dos balanceados, nos dialelos circulantes é possível se ter informações a respeito do progenitor utilizando um número de cruzamentos inferior, apesar de se perder informações de algumas combinações que não entraram no dialelo; Dialelos incompletos os genitores são representados por um número mutável de cruzamentos. Dialelos desbalanceados nele a representação das combinações híbridas e as outras gerações de genitores assim como os recíprocos, no entanto, em regularidade variável, uma vez que o número de repetições não é igual por tratamento.

O método de Griffing (1956) é o mais comumente utilizado, por conta de suas possibilidades de conformação, podendo ser dividido em três grupos sendo o (a) de p genitores, (b) $p(p-1)/2$ híbridos F1's e (c) $p(p-1)/2$ híbridos F1's recíprocos. Colocar ou não os genitores e ou híbridos F1's recíprocos, essa metodologia pode ser então classificada em quatro delineamentos experimentais:

- *Método 1: Método 1: estão presentes as p^2 combinações;
- * Método 2: estão presentes $p(p + 1)/2$ combinações, excluindo os híbridos F1's recíprocos;
- * Método 3: estão presentes $p(p - 1)$ combinações, excluindo genitores;

* Método 4: estão presentes $p(p-1)/2$ combinações, excluindo os genitores e os híbridos F1's recíprocos;

Por fim através da análise dialélica consegue-se uma estimativa da capacidade geral de combinação (CGC) do genitor, e tal informação irá predizer o quanto os dados são diferentes da média dos genitores presentes no dialelo, os valores podem ser positivos ou negativos e indicam maior contraste, maior ou menor, quando comparado com os outros genitores. Determina-se também a capacidade específica de combinação (CEC), nesse caso é possível observar as situações em que as combinações híbridas se apresentam superiores ou inferiores em comparação na média dos genitores (PINTO, 2009).

2.5. Parâmetros genéticos

Muitas estratégias de seleção de populações segregantes são adotadas nos programas de melhoramento, para obtenção de linhagens com caracteres agrônômicos desejáveis e superiores aos que estão no mercado, logo a possibilidade de se estimar os parâmetros genéticos é um grande auxílio aos melhoristas no momento de selecionar genótipos, permitindo o conhecimento da estrutura genética da população (BALDISSERA et al., 2014).

Estimar os parâmetros genéticos como herdabilidade, razão entre CV_g/CV_e e ganhos com a seleção, estão entre os mais importantes parâmetros em programas de melhoramento genético (VASCONCELOS et al., 2012).

A herdabilidade (h^2) é responsável por expressar o grau de correspondência entre o valor fenotípico que pode ser herdado, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético (RAMALHO et al., 2012).

Para determinação da herdabilidade o resultado pode variar de zero a um. A mesma será igual a um, uma vez que a variação existente é atribuída à genética, e igual a zero quando essa variação for exclusiva de natureza ambiental (CRUZ, 2005). Quando se tem valores maiores que 0,5 quer dizer que se tem um alto coeficiente de herdabilidade, já valores entre 0,2 e 0,5 demonstram média herdabilidade e menores que 0,2 significa que se tem baixa herdabilidade (SILVEIRA et al., 2006).

Os resultados encontrados para herdabilidade são influenciados por diversos fatores como a variação genética existente em cada população para cada caráter avaliado, o ambiente em que tais populações estão inseridas, qual o método usado

para se predizer o valor da herdabilidade, assim como o tamanho da amostra avaliada (BORÉM; MIRANDA, 2013).

A herdabilidade pode ser no sentido amplo (h^2) ou no sentido restrito (h^2_r) sendo que no sentido amplo é a razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica, já no sentido restrito, trata-se da razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

Além da herdabilidade conhecer a respeito da razão entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação ambiental CV_g/CV_e , é de extrema valia, o mesmo é usado como um índice que indica o grau de facilidade de seleção para cada caráter. As razões que forem iguais ou maiores que um indica que se tem uma situação favorável para realizar a seleção para aquela determinada população, uma vez que a variação genética apresentada é a responsável pelas variações existentes na população. (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2012).

Outro parâmetro importante a ser ressaltado é o ganho de seleção, através dos resultados obtidos pode-se dizer a respeito do sucesso ou não de um programa de seleção, uma vez que permite inferir na seleção ou descarte de determinadas populações a fim de concentrar os esforços na avaliação de caracteres de maior importância e que gerem maior ganho (CRUZ et al., 2017).

Selecionar genótipos de uma população que apresente elevada variabilidade pode ser alcançada de forma direta, através da seleção de indivíduos que tenham melhores fenótipos. E através da seleção indireta baseado nas informações dos índices de seleção, que estimam os valores de ganho genético fundamentados na seleção simultânea de vários caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O princípio da seleção direta se baseia na obtenção de ganhos máximos em um caráter específico que está sofrendo a seleção, e se houver relação desse caráter com outros os demais poderão ser influenciados de forma positiva ou negativa (CRUZ, 2013).

Já a seleção indireta tem como alicerce o conhecimento da correlação entre os caracteres, quando dois caracteres tem correlação genética favorável pode haver ganhos para um deles através da seleção indireta no outro (Falconer e Mackay 1996).

Realizar a seleção baseada em um ou poucos caracteres, muitas das vezes não é interessante, uma vez que ao fim dessa seleção as populações podem apresentar poucos caracteres de interesse selecionados (VASCONSELOS et al., 2010).

Com isso, a adoção do índice de seleção é uma alternativa viável uma vez que é possível através de seu uso a seleção conjunta e eficaz de vários caracteres (GONÇALVES et al., 2007; ROSADO et al., 2012; CRUZ, 2013).

Quando se opta pela utilização do índice de seleção o ganho individual é reduzido, porém, essa redução é distribuída de forma mais igualitária aos ganhos dos demais caracteres (BÁRBARO et al., 2007).

Alguns índices de seleção são mais adotados pelos programas de melhoramento como o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e o índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013).

O índice de soma de classificação ou soma de postos foi desenvolvido por Mulamba e Mock (1978) baseado na soma de “ranks”. Tem como objetivo classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem que mais favoreça ao melhoramento, sendo, em seguida, somadas as ordens de “ranks” ou a classificação de cada genótipo, resultando no índice de seleção. O índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2013) determina os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados adequados para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores.

Referências

ALMEIDA, A. M. R.; FERREIRA, L. P.; YORINORI, J. T.; SILVA, J. F. V.; HENNING, A. A.; GODOY, C. V.; COSTAMILAN, L. M.; MEYER, M. C. Doenças da Soja. In: KIMATI, H.; AMORIM, L.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L. E. A.; REZENDE, J. A. M. (Ed). **Manual de fitopatologia: doenças das plantas cultivadas**. 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v. 2, p. 569-588.

ALMEIDA, R.D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Ciência e Agrotecnologia**, Fortaleza, CE, v. 42, p. 108-115, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>

ALVES, B.J.R.; BODDEY, R.M.; URQUIAGA, S. The success of BNF in soybean in Brasil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v.252, n.1, p.1-9, 2003. <https://doi.org/10.1023/A:1024191913296>. <https://doi.org/10.1023/A:1024191913296>

BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Revista de Ciências Agroveterinárias** (Journal of Agroveterinary Sciences), Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

BALESTRE, M.; MACHADO, J.C.; LIMA, J.L.; SOUZA, J.C.; FILHO, L.N. Genetics distances estimates among single cross hybrids and correlation with specific combining ability and yield in corn double cross hybrids. **Genetics and Molecular Research**, v.7, n.1, p.65-73, 2008. <https://doi.org/10.4238/vol7-1gmr403>

BÁRBARO, I. M.; DA CRUZ CENTURION, M. A. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDATREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 250-261, 2007.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T. Luz, umidade e temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina, PR: Mecenias, 2009. p. 17-27.

BINOTTO, E.; SIQUEIRA, E. S.; NAKAYAMA, M. K. Criação de conhecimento no agronegócio: estudo de casos. **Revista de Administração da UFSM**, v. 2, n. 3, art. 1, p. 367-384, 2009. Disponível em: <https://periodicos.ufsm.br/reaufsm/article/view/1645/0> Acesso em 11 janeiro 2020. <https://doi.org/10.5902/198346591645>

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

CÂMARA, GM.S. Fenologia da soja. **Informações Agronômicas**. V. 82, p. 1-16. 1998.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Universidade Federal de Pelotas, 2004. 141 p.

CONAB-Companhia Nacional de Abastecimento. Acompanhamento da safra brasileira de grãos, v. 5 safra 2017/18 – n. 4 – **Quarto Levantamento**. Disponível em:> https://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/18_01_11_14_17_49_graos_4o_levantamento< Acesso em: 11 dezembro. 2019.

- CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005,394 p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. Viçosa: UFV, 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, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, Maringá,v. 35, p. 271-276, 2013.
- CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2003. 585p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. 514p.
- DALLAGNOL, A.; **A Embrapa Soja no contexto do desenvolvimento da soja no Brasil: histórico e contribuições**. Brasília, DF: Embrapa, 2016.
- FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Edinburgh: Longman Group Limited, 1996. 464p.
- FARIA, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. S. F.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. Genetic gain in soybean crop, *Semina: Ciências Agrárias*, v. 28, n. 1, p. 71-78, 2007. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2007v28n1p71>
- FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N.; TOBITA, S.; ALMEIDA, I. R. Restrições de disponibilidade hídrica: obtenção de elevados rendimentos de grãos de soja. In: IV CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, Londrina, 2006. *Anais...*Londrina, Embrapa Soja, 2006. p. 32-33.
- FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **Stages of soybean development**. Ames, Iowa State University, p. 12, 1977.
- FINHOLDT, R. S. **Estimativas do coeficiente de herdabilidade entre e dentro de famílias f5 de soja**. Jaboticabal, 2012. 53 p. Dissertação Mestrado.
- GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*, Tucson, v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966. <https://doi.org/10.2307/2528181>
- GAZZONI, D. L. **A sustentabilidade da soja no contexto do agronegócio brasileiro e mundial**. Documentos 344. Londrina: Embrapa Soja, 2013. Disponível em: Acesso em: 8 jan. 2021.
- GAZZONI, D. L. **Soybean and bees**. Londrina: Embrapa Soja, 2016. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/153168/1/livro-SOYBEAN-AND-BEES-baixa.pdf>. Acesso em: 09 jan. 2021.
- GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. **Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007000200007>

- GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; REIS, L. S.; BEZERRA NETO, F. V.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; REIS, L. S. Correlações fenotípicas e genético-aditivas em maracujá amarelo pelo delineamento I. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 32, n. 5, p. 1413-1418, 2008. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542008000500009>
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956. <https://doi.org/10.1071/BI9560463>
- HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Baltimore, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954. <https://doi.org/10.1093/genetics/39.6.789>
- HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **Evolução e perspectivas de desempenho econômico associadas com a produção de soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina: Embrapa-Soja, 2011.
- HIROMOTO, D.M; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v.9, n.4, p.295-306, 1986.
- HOWELL, R.W. Physiology of the soybean. In: NORMAN, A.G. (Ed.). **The soybean, genetics, breeding, physiology, nutrition and management**. [S.l.]: Academic Press Inc., 1963. p. 75-124.
- KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645-651, 2001. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000400007>
- LERSTEN, N.R.; CARLSON, J.B. Vegetative morphology. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed). **Soybeans: improvement, production and uses**. [S.l.]: American Society of Agronomy, Inc., Crop Science Society of America, Inc., Soil Science Society of America, Inc., 2004. p. 15-57. <https://doi.org/10.2134/agronmonogr16.3ed.c2>
- MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; DIAS, W. P.; GLASENAPP, J. S. Resistência aos nematoides. In: SEDIYAMA, T.; (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. Londrina: Mecenias, 2015. p. 211-237.
- 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.
- MULATO, B.M.; MÖLLER, M.; ZUCCHI, M.I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J.B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.4, p.276-283, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000300007>
- MULLER, L. Taxonomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C (Ed). **A soja no Brasil**. 1. ed. [S.l.]: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 65-104.
- NOGUEIRA, A. P. O., SEDIYAMA, T., DE SOUSA, L. B., HAMAWAKI, O. T., CRUZ, C. D., PEREIRA, D. G., MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, 2012.

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

PINTO, R. J. B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. 2. ed. Maringá: Eduem, 2009. 351 p.

PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE SOJA DA UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA. **Cultivares de soja**. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/10>> . Acesso em: 11 dezembro. 2019.

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

REVOLTI, L. T. M.; MORAES, K. E.; AMARAL, C. B.; DUTRA, S. M. F.; SILVA, F. A. M.; CAPRIO, C. H.; MÔRO, G. V. Correlação entre caracteres de milho de ciclo superprecoce. **Ciência & Tecnologia: Fatec-JB**, Jaboticabal, v. 8, n. 1, 6 p. 2016.

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

SEDIYAMA, T. **Produtividade da soja**. Londrina: Ed. Mecnas, 2016. 310p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção de sementes de soja**. Londrina: Mecnas, 2013. 352p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção e usos da soja**. Londrina: Mecnas, 2009c. 314p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BAROS, H.B.; Cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina, PR: Mecnas, 2009. p. 77-91.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da soja. In: BOREM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2005. p. 551-603.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M.G.; SEDIYAMA, C.S.; GOMES, J.L.L. **Cultura da soja**– Parte I. Viçosa, MG: Impr. Univer., UFV, 1985. 96 P.

SILVA, F, A.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; Exigências Edafoclimáticas. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.). **Soja do Plantio a Colheita**. UFV, 2015. p. 55-65.

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.

SINGH, R.K.; PUSHPENDRA, SINGH, K.; BHARDWAJ, M. Gene effects for major quantitative traits in soybean [Glycine max (L.) merrill]. **Soybean Genetics**, Iowa, 2010.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C.D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimates of genetic progress using different selection criteria in

alfafa genotypes. Revista Ceres, Viçosa, v.57, n.2, p. 205-210, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>

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

CAPÍTULO 2. Dialelo parcial em soja para caracteres de interesse agrônômico

RESUMO

A cultura da soja tem enorme impacto tanto para a área comercial em relação à renda que o grão gera ao país, mas também sua importância mais expressiva para alimentação animal. A busca por genótipos produtivos em sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético de soja. Objetivou-se neste trabalho determinar as capacidades geral e específica de combinação a fim de identificar genitores e combinações híbridas promissoras. A pesquisa foi realizada em casa de vegetação do programa de melhoramento de soja da UFU. Inicialmente quatro genitores UFUS Xavante, UFUS Guará, TMG 801 e UFUS 7101 foram semeados em casa de vegetação e realizada a hibridação artificial, obtendo-se dez tratamentos. As avaliações foram número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta no florescimento e maturidade, número de nós no florescimento e maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de vagens por planta e produção de grãos por planta. A análise genético-estatística foi realizada pela metodologia de Griffing (1956). As cultivares UFUS Xavante, UFUS Guará e UFUS 7101 demonstram alelos que contribuíram para diminuição no número de dias para o florescimento e o número de dia para maturidade, sendo assim recomendadas sua utilização para cruzamentos. Para os componentes de produção os genitores UFUS Xavante e UFUS 7101 tem alto potencial para contribuição dos componentes de produção. As combinações híbridas UFUS Guará x UFUS 7101 e UFUS Xavante x UFUS Guará, demonstraram que tem capacidade para obter populações segregantes com menor ciclo e com elevação da produção.

Palavras – Chave: *Glycine max*; método de Griffing.

CHAPTER 2. Partial diallel in soybean for characters of agronomic interest

ABSTRACT

Soybean cultivation has an enormous impact both on the commercial area in relation to the income that the grain generates in the country, but also its more expressive importance for animal feed. The search for productive genotypes has been one of the main objectives of soybean breeding programs. The objective of this work was to determine the general and specific combining abilities in order to identify parents and promising hybrid combinations. The research was carried out in a greenhouse of the UFU soybean breeding program. Initially, four parents UFUS Xavante, UFUS Guar, TMG 801 and UFUS 7101 were seeded in a greenhouse and artificial hybridization was carried out, obtaining six hybrid combinations, obtaining ten treatments. Hybrid seeds and parents were evaluated in DBC. The evaluations were number of days to flowering and maturity, plant height at flowering and maturity, number of nodes at flowering and maturity, height of first pod insertion, number of pods per plant and grain yield per plant. The genetic-statistical analysis was performed using the Griffing methodology (1956). Cultivars UFUS Xavante, UFUS Guar and UFUS 7101 demonstrate alleles that contributed to a decrease in the number of days to flowering and the number of days to maturity, being therefore recommended for use in crosses. For the production components, the parents UFUS Xavante and UFUS 7101 have a high potential for contribution from the production components. The hybrid combinations UFUS Guar x UFUS 7101 and UFUS Xavante x UFUS Guar demonstrated that it has the capacity to obtain segregating populations with a shorter cycle and increased production.

Keywords: *Glycine max*; Griffing method.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja é uma das principais commodities mundiais, mais de 60 países cultivam a soja, o farelo e óleo são os subprodutos dos grãos de maior relevância para o mercado pelo fato da sua importância para a alimentação animal e humana (CONAB, 2019).

Através do cultivo da soja a produção brasileira de commodities agrícolas tem sido de forma resumida um verdadeiro sucesso para o mercado, diversos fatores contribuíram para que isso fosse possível como as políticas públicas de incentivo e os pacotes tecnológicos cada vez mais avançados para o crescimento da produção agrícola (MONTROYA et al., 2019).

Ainda segundo Alentejano et al (2019) desde o ano de 2015 os meios de comunicação têm operado de forma massiva para demonstrar a eficiência da produção brasileira de soja, demonstrando que o aumento da produtividade sem a necessidade de expansão de novas áreas é possível.

Obter cultivares cada vez mais produtivas tem sido um dos principais objetivos dos programas de melhoramento, aliada a precocidade que também tem sido uma das necessidades do mercado para que haja redução de custos e possibilidade de entrar cada vez mais cedo em campo com as culturas sucessoras para a segunda safra (Silva et al., 2017).

O cerrado Brasileiro é a principal região produtora de soja do país, e pelo fato da dimensão continental do nosso país há ocorrência de diferentes tipos de climas dentro do cerrado, existindo variação de solo, altitude, regimes pluviométricos, devido a essa variação de fatores existe a necessidade da obtenção de cultivares com características específicas que atendam a esses fatores diversos e que permita sua adaptação (Sediyama, 2015; Hirakuri, 2016).

E para que isso seja possível os programas de melhoramento usam das hibridações para obtenção desses cultivares que atendam as exigências do mercado. Para tanto alguns critérios podem auxiliar na definição dos genótipos a serem utilizados como germoplasmas, e por meio do uso da análise dialélica é possível selecionar esses genitores com base na capacidade de combinação das características morfoagrômicas nas populações segregantes (Senhorinho et al., 2015).

A capacidade geral de combinação (CGC) infere sobre a contribuição média de um pai ou clone para as combinações híbridas, já a capacidade específica de combinação (CEC) é utilizada para identificar as combinações híbridas que apresentem melhor ou pior desempenho do que o esperado tendo como base o desempenho médio dos pais. A CGC

está ligada a genes com efeitos aditivos, além dos epistáticos x aditivos, e a CEC de maneira geral é composta pelos genes que tem efeito dominante (DIAS et al., 2016).

Portanto, o trabalho teve por objetivo estudar a capacidade geral e específica de combinações de genótipos de soja quanto a atributos agronômicos, com a finalidade de identificar genitores e combinações híbridas promissoras para o melhoramento.

2. Material e Métodos

2.1. Instalação do Experimento

O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada na Fazenda Capim Branco da UFU (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG.

2.2. Seleção dos progenitores

Foram utilizadas quatro cultivares para a realização do bloco de cruzamentos sendo elas: UFUS Xavante que apresenta boa tolerância a umidade na maturação, UFUS Guará tem tolerância ao mofo branco (*Sclerotinia sclerotium*), UFUS Tupi tem como ponto forte seu ciclo precoce e alto potencial produtivo e TMG 801 que tem como principal característica a resistência a ferrugem asiática (*Phakospora pachyrhizi*) (PROGRAMA DE MELHORAMENTO GENÉTICO DE SOJA UFU, 2020). Na tabela 1 é possível verificar os descritores das cultivares utilizadas nos cruzamentos.

Cultivar	Cor da Flor	Tipo de crescimento	Grupo de Maturação
----------	-------------	---------------------	--------------------

UFUS Xavante	Roxa	Determinado	8.2
UFUS Guar	Roxa	Determinado	8.3
UFUS Tupi	Branca	Indeterminado	7.1
TMG 801	Roxa	Determinado	8.2

Tabela 1. Descrio das cultivares selecionadas como genitores para o bloco cruzamento.

Fonte: Fundao MT (2020), Programa de Melhoramento Gentico de Soja UFU (2020).

2.3. Implantao do bloco de cruzamento e hibridao artificial

Para implantao do bloco de cruzamento utilizou-se vasos de 3 litros previamente enchidos com substrato (mistura de solo areia e matria orgnica na proporo de 3:1:1 e adubo NPK 8-28-16, na proporo de 400 kg ha⁻¹), distribudos nas bancadas da casa de vegetao. Posteriormente iniciou-se a semeadura das sementes dos genitores, de forma escalonada, isto , a cada 3 dias.

As hibridaes artificiais foram realizadas utilizando genitor feminino na fase de boto floral e o genitor masculino com flor aberta. Com o auxlio de uma pina as spalas e ptalas do genitor feminino foram retiradas expondo-se o estigma, onde foi depositado o plen coletado do genitor masculino. Em seguida, identificou-se o cruzamento com etiqueta, onde constava informaes dos genitores, data e horrio da hibridao.

Quando foi realizada a colheita das vagens, as que estavam identificadas com as etiquetas de hibridao, foram colhidas de forma separada das demais para que no houvesse mistura entre as mesmas.

A seguir na tabela 2  possvel verificar as combinaes realizadas no bloco de cruzamento assim como a identificao das mesmas.

Tabela 2. Combinaes dos genitores

Genitores	UFUS Xavante (1)	UFUS Guar (2)	TMG 801 (3)	UFUS 7101 (4)
-----------	------------------	----------------	-------------	---------------

UFUS Xavante (1)	1x1	1x2	1x3	1x4
UFUS Guar (2)	-	2x2	2x3	2x4
TMG 801 (3)	-	-	3x3	3x4
UFUS 7101 (4)	-	-	-	4x4

2.4. Instala e avaliaes do dialelo parcial com hbridos F1 e seus genitores

As sementes das combinaes hbridas e de seus genitores foram utilizadas para implanta de um experimento visando analisar os caracteres agronmicos em esquema diallico. Para tanto o experimento foi constitudo de 10 tratamentos com 8 repeties, implantado em DBC. Semeados no dia 17 de setembro de 2020, em vasos plsticos de 3 litros de terra, todos foram preenchidos igualmente com substrato. Cada repetio foi composta por um vaso com uma planta em cada, como pode ser visto na figura 1.



Figura1. Dialelo semeado em casa de vegetao.

Em relao s avaliaes foram feitas de acordo com os estdios fenolgicos seguindo a escala de Fehr e Caviness (1977) as plantas foram avaliadas no estdio VE, R1 e R8, abaixo as avaliaes realizadas:

- a) Nmero de dias para o florescimento.

- b) Número de dias para a maturação.
- c) Altura da Planta no florescimento (APF): a medida é dada em cm, medida determinada com uma régua a partir da superfície do solo até o ápice da planta
- d) Número de nós no florescimento (NNF): contagem de todos os nós da haste principal.
- e) Altura da planta na maturidade (APM): a medida é dada em cm, medida determinada com uma régua desde a base da planta no substrato até o ápice da mesma quando a planta se encontra no estágio R8.
- f) Número de nós na maturidade (NNM): contagem de todos os nós da haste principal em R8.
- g) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): a medida é dada em cm, determinada com uma régua desde a base da planta no substrato, até a inserção da primeira vagem em R8.
- h) Número de vagens cheias (NV): contagem de todas as vagens com grãos.
- i) Produção de grãos por planta (PG): peso total dos grãos (g) por planta, obtido pela massa dos grãos.

2.5. Análise Estatística

Para avaliação dos dados foi adotado o modelo fixo para os efeitos dos tratamentos, tanto dos genótipos quanto das combinações híbridas, após a obtenção da análise de variância (ANOVA) foi possível estimar a capacidade geral e específica de combinação utilizando a metodologia de Griffing (1956) método 2, seguindo a formula estatística a seguir:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \epsilon_{ij}$$

onde:

Y_{ij} = valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do progenitor ($i = j$);

m = efeito da média geral;

g_i e g_j = efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) do i -ésimo e do j -ésimo progenitor;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j . Neste modelo é considerado que $s_{ij} = s_{ji}$

ϵ_{ij} = erro experimental

Para a realização de tais análises foi utilizado o programa Genes (CRUZ, 2016).

3. Resultados e discussão

Entre os requisitos principais para um programa de melhoramento é a existência da variabilidade genética. Pela análise de variância cujos resultados estão na tabela 3, notou-se a existência de variância genética para todos os caracteres agronômicos ao nível de 1 a 5% de significância pelo teste F. A variabilidade constatada foi ocasionada pela ação dos efeitos gênicos aditivos e não aditivos exceto número de dias para o florescimento (NDF), número de nós no florescimento (NNF) e altura de inserção da primeira vagem (AIPV), cuja CGC não foi significativa. Para CEC todos os caracteres apresentaram variabilidade para com exceção do número de vagens (NV) e peso de grãos (PG).

Tabela 3. Resumo da análise de variância para dialelo de meia tabela com genitores e respectivas combinações híbridas, Uberlândia, MG, 2020-2021.

Quadrado Médio						
FV	GL	NDF	NDM	APF	NNF	APM
Tratamento	9	107,10**	772,30**	2385,90**	3,42*	3230,46**

CGC	3	16,68 ^{ns}	820,79 ^{**}	2995,84 ^{**}	3,44 ^{ns}	3136,06 ^{**}
CEC	6	152,32 ^{**}	748,06 ^{**}	2080,39 ^{**}	3,42 [*]	3277,93 ^{**}
Resíduo	63	2,96	20,80	506,14	1,40	619,16
Média		46,59	128,96	96,04	11,39	115,06
CV (%)		12,16	3,53	23,42	10,39	21,62
Quadrado Médio						
FV	GL	NNM	AIPV	NV	PG	DPR
Tratamento	9	14,66 ^{**}	50,52 [*]	1210,78 ^{**}	79,35 [*]	525,13 ^{**}
CGC	3	27,80 ^{**}	4,74 ^{ns}	2300,08 ^{**}	111,83 [*]	985,05 ^{**}
CEC	6	8,16 [*]	73,41 ^{**}	665,75 ^{ns}	63,20 ^{ns}	295,18 ^{**}
Resíduo	63	11,17	21,32	363,86	33,85	619,16
Média		14,14	15,10	83,33	11,39	82,37
CV (%)		7,17	30,57	22,89	16,62	5,76

** . * significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F. ns não significativo. FV Fonte de variação. GL Graus de liberdade. CV (%) Coeficiente de variação em porcentagem. C.G.C Coeficiente geral de combinação. C.E.C Coeficiente específico de combinação. NDF Número de dias para o florescimento; NDM Número de dias para maturidade; APF Altura da planta no florescimento; NNF Número de nós no florescimento; APM Altura da planta na maturidade; NNM Número de nós na maturidade; AIPV Altura de inserção da primeira vagem; NV Número de vagens. PG Produção de grãos por planta DPR Dias de período reprodutivo.

Experimentos considerados confiáveis requerem a avaliação dos resultados pela verificação da precisão deles mesmos, isso pode ser obtido através dos valores dos CV%, tais valores permite a comparação dos resultados envolvendo uma mesma espécie, permitindo quantificar a precisão da pesquisa (SCHMILDT et al.,2017).

Os valores do coeficiente de variação (CV%) oscilaram de 7.17% a 30.57% para número de nós na maturidade e altura de inserção da primeira vagem respectivamente (tabela 3). Levando em consideração a tabela de Pimentel (2013), quando se tem valores abaixo de 10% o coeficiente de variação é classificado como baixo, de 10 a 20% como mediano, altos quando de 20 a 30% e altamente elevado quando os valores ultrapassam os 30%.

Para altura de inserção da primeira vagem o CV % de acordo com a classificação foi considerado alto, divergindo de valores encontrados por Santos (2019), em seu estudo o CV% pra AIPV foi de 18,57. Porém, valores observados por Nogueira et al (2012) os

valores indicados de CV% para o caráter foi de 29,19, se assemelham com o nosso estudo indicando a existência de valores mais altos para a altura de inserção como encontrado. Tais resultados considerados altos podem ser explicados, pois, quando se trata de caracteres que estão relacionados com a produção valores mais elevados como o observado são admissíveis, pelo fato de ser um componente quantitativo, que é gerido por vários genes e bastante influenciado pelo ambiente (LEITE et al., 2015).

A CGC consiste na reposta média de um genitor em uma série de cruzamentos, os resultados estão associados aos efeitos aditivos dos alelos, já a CEC é a representação do desvio do comportamento esperado de um dado genótipo, se baseando nas capacidades gerais de combinação de seus parentais, a mesma é relativa aos efeitos não aditivos de dominância e epistasia (BORDALHO et al., 2005).

Na tabela 3 os caracteres Número de dias para a Maturação (NDM) Número de nós na Maturação (NNM), Altura da planta no florescimento (APF), Número de vagens (NV), Peso de grão (PG) e Dias de período reprodutivo (DPR) o quadrado médio da CGC apresentou maiores valores que a CEC, indicando o domínio dos efeitos gênicos aditivos no que diz respeito ao controle dos caracteres (DARONCH et al., 2014). Bueno (2017) também no estudo de caracteres de interesse agrônômico na geração F1 apresentou resultados da CGC maiores que a CEC para as características mencionadas com exceção do Número de nós na maturação que não foi mensurado no estudo em questão.

Apenas a APM apresentou a CEC maior que a CGC, indicando assim a maior predominância dos efeitos não aditivos. O objetivo final dos programas de melhoramento é a obtenção de linhagens homozigotas que possivelmente se tornarão cultivares comerciais, e para tanto a supremacia dos genes não aditivos atuando sobre o caráter em questão resulta na possibilidade do comprometimento dos ganhos de seleção, isso acontece pelo fato de não se conseguir de forma fácil constatar qual genótipo homozigoto que contenha os genes favoráveis que poderão inferir no caráter de interesse (COLOMBO et al.2018).

Conhecer a CGC e CEC auxilia o melhorista a identificar as combinações híbridas superiores, sejam para o aproveitamento imediato na forma de híbridos F1, ou para a escolha de genitores que irão formar a população base de alto potencial genético (CRUZ et al.2012).

Para interpretação das estimativas da CGC deve-se considerar suas magnitudes, pois quanto maiores independente do sinal, indica que aquele genitor se difere em relação aos demais genitores incluídos no dialelo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Pela tabela 4 notou-se que o genitor UFUS Xavante contribuiu para o retardamento do ciclo, assim como TMG 801 contribuiu também para a redução. Considerando que existe uma demanda por cultivares precoce a inclusão da TMG 801 é uma opção favorável, além disto, ela ainda possui genes que condicionam a resistência a ferrugem asiática (FUNDAÇÃO MT, 2011).

Tabela 4. Estimativas da capacidade geral de combinação de quatro cultivares de soja, em relação aos caracteres agrônômicos. Uberlândia, MG, 2020-2021.

Caracteres	Genitores			
	UFUS Xavante	UFUS Guará	TMG 801	UFUS 7101
	C.G.C	C.G.C	C.G.C	C.G.C
NDF	-0,85	0,23	0,11	0,50
NDM	4,51	1,80	-5,12	-1,18
APF	2,40	5,51	-11,69	3,77
NNF	0,13	-0,14	-0,28	0,30
APM	4,25	0,64	-11,54	6,65
NNM	0,87	-0,96	-0,06	0,15
AIPV	0,03	0,29	-0,44	0,11
NV	4,08	-6,38	-5,31	7,61
PG	1,82	-1,84	0,37	-0,34
DPR	5,36	1,57	-5,24	-1,69

C.G.C Coeficiente geral de combinação. NDF Número de dias para o florescimento. NDM Número de dias para maturação. APF Altura da planta no florescimento. NNF Número de nós no florescimento. APM Altura da planta na maturação. NNM Número de nós na maturação. AIPV Altura de inserção da primeira vagem. NV Número de vagens. PG Produção de grãos por planta DPR Dias de período reprodutivo.

CGC negativa foram observadas para DPR, representadas pelos genitores TMG 801 (-5.24) e UFUS 7101 (-1.69) corroborando assim com a diminuição do ciclo, uma vez que teve valores menores de dias de período reprodutivo e de NDM.

Para APF e AIPV a cultivar com maior CGC foi a UFUS Guará (5.51 e 0.29) e para APM a UFUS 7101 apresentou maior valor 6.65. Em relação a esses caracteres avaliados é interessante a seleção dos genótipos que apresentem valores positivos de CGC, uma vez que a altura tanto no florescimento quanto maturação e inserção da primeira vagem estão diretamente relacionadas com a facilidade ou não de manejo no

momento da colheita mecanizada, além do que plantas muito baixa provavelmente irão performar plantas pouco produtivas e com inserção de primeira vagem muito baixa (CARVALHO, 2015).

Em relação ao NV UFUS Xavante e UFUS 7101 aparecem como sendo os genitores com maiores CGC dessa vez para o NV 4.08 e 7.61 respectivamente. É importante ressaltar que o número de vagens faz parte dos componentes de produtividade da soja, e que genótipos que demonstrem altas médias de NV, muito provavelmente irão despontar com altas produtividades (PELÚZIO et al., 2005).

Para Peso de grãos por plantas UFUS Xavante demonstrou maior magnitude 1.82 seguida da TMG 801 com 0.37, tais valores indicam que esses genitores são promissores para obtenção de plantas com maiores peso de grãos por planta.

A CEC, é utilizada a fim de informar quais as combinações híbridas são melhores ou piores que o esperado, tendo como base o desempenho médio das cultivares que estão envolvidas (DARONCH et al., 2014)

Na tabela 5 observa-se as estimativas da CEC, para NDM, as combinações UFUS Xavante x UFUS 70101 e UFUS Guará x UFUS 7101 indicaram maiores magnitudes (-7,57 e -9,82). Apesar de o parental UFUS 7101 não ter apresentado maior CEC positiva, o mesmo teve valor negativos da CGC, o que explica sua contribuição na combinação, inferindo que seu uso nas combinações pode contribuir para a redução do ciclo.

Tabela 5. Estimativas da capacidade específica de combinação de quatro cultivares de soja, Uberlândia, MG, 2020-2021.

C.G.C Coeficiente geral de combinação. NDF Número de dias para o florescimento. NDM Número de dias para maturação. APF Altura da planta no florescimento. NNF Número de nós no florescimento. APM Altura da planta na maturação. NNM Número de nós na maturação. AIPV Altura de inserção da primeira vagem. NV Número de vagens. PG Produção de grãos por planta DPR Dias de

Caracteres										
Genitores	NDF	NDM	APF	NNF	APM	NNM	AIPV	NV	PG	DPR
	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C	C.E.C
UFUS Xavante (1)	3,98	10,76	14,88	0,22	13,31	0,73	2,07	4,62	0,99	6,78
UFUS Guar (2)	3,80	8,86	-5,94	0,19	-18,48	-1,06	-2,26	3,29	-0,29	5,05
TMG 801 (3)	-0,69	-0,95	4,13	-0,06	7,02	-0,01	1,15	-7,06	0,89	-0,26
UFUS 7101 (4)	1,97	3,70	-4,29	0,13	-6,72	0,11	-2,75	5,57	0,98	1,73
1x2	-3,72	-6,89	9,09	0,62	17,17	0,82	0,06	-3,53	2,53	-3,17
1x3	-3,71	-7,05	-26,09	-0,37	-32,90	-1,24	-3,83	9,75	0,24	-3,35
1x4	-0,53	-7,57	-12,76	-0,69	-10,89	-1,03	-0,38	-15,46	-4,76	-7,03
2x3	2,31	-1,00	-0,36	-0,45	7,15	0,88	-0,04	-1,49	-3,38	-3,32
2x4	-6,19	-9,82	3,16	-0,55	12,64	0,41	4,42	-1,56	1,44	-3,61
3x4	2,78	9,98	18,19	0,96	11,70	0,39	1,47	5,87	1,35	7,19

perodo reprodutivo.

Para APF as combinaes UFUS Xavante x UFUS Guar e TMG 801 x UFUS 7101 evidenciaram maiores magnitudes (9,09 e 18,89). J para APM UFUS Xavante x UFUS Guar e UFUS Guar x UFUS 7101 tiveram maior magnitude (17,17 e 12,64), observando os valores de CGC os genitores UFUS Guar e UFUS 7101 expressaram maiores magnitudes para APF, justificando a sua utilizao para o cruzamento como visto na CEC, e para APM UFUS Xavante e UFUS 7101 so os genitores com maiores CGC.

Em relao ao peso de gros as combinaes UFUS Xavante x UFUS Guar e UFUS Guar x UFUS 7101 apresentaram maiores magnitudes (2,53 e 1,44), sendo que o genitor UFUS Xavante teve maior CGC.

4. Concluses

O genitor UFUS Xavante, apresenta potencial para redução do número de dias para o florescimento e aumento da produtividade. TMG 801 tem alto potencial para redução do número de dias para maturação e aumento da produtividade.

A combinação UFUS Guará x TMG 801 tem alto potencial para produção de híbridos com menor número de dias para o florescimento e maturidade. UFUS Xavante x UFUS TMG 801 demonstraram bom potencial para obtenção de híbridos produtivos.

Referencias

ALENTEJANO, P. R. R.; TAVARES, E. Os grandes projetos de desenvolvimento (GDPs): uma análise crítica a partir da Geografia. **Terra Livre**, v. 1, n. 52, p. 190-233, 2019.

BESPALHOK, J. C., GUERRA, E. P., E OLIVEIRA, R. Melhoria de Plantas. 2007. Acesso: 10 de novembro de 20. Disponível em: >
<http://www.bespa.agrarias.ufpr.br/%20paginas/livro/capitulo%207.pdf>

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

Bhering, L.L., Peixoto, L.A., Cruz, C.D. 2017. Seleção de genitores. In: Silva, F.L., Borém, A., Sedyama, T., Ludke, W. (Eds). **Melhoramento da Soja**. UFV, Viçosa.

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.

Bordallo PN, Pereira MG, Amaral Júnior AT do, Gabriel APC (2005) Análise dialéctica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. **Horticultura Brasileira**, Brasília, 23(1): 123-127. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362005000100026>

Bueno, Thays Vieira, **Capacidade combinatória de genitores de soja nas gerações F1 e F2 visando melhoramento para precocidade e produtividade de grãos -** Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, p. 13. 2017.

CARVALHO, R. S. B., 2015. **Performance de cruzamentos de soja em gerações sucessivas de endogamia, com ênfase em produtividade, reação à ferrugem e precocidade**. Universidade de São Paulo.

COLOMBO, G. A.; DE CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. **Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 61, 2018. <https://doi.org/10.22491/rca.2018.2696>

Conab - Companhia Nacional de Abastecimento. Produção de 246 milhões de toneladas garante o recorde da safra de grãos, 2019. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/3140-producao-de-246-milhoes-de> Acessado em: 15 de agosto de 2020.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos – Safra 2020/21 Décimo levantamento, **Companhia Nacional de Abastecimento**, v. 8, n. 10, p. 1-110, 2021.

CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Volume 1, Viçosa: UFV, 2012.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 2. Viçosa: UFV, 2014.

DARONCH, D.J.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S.; NASCIMENTO, M.O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F2, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014.

DIAS, F. T. C. et al. Genetic effects and potential parents in cowpea. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 16, p. 315-320, 2016. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a47>

FARIA, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. S. F.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. Genetic gain in soybean crop, **Semina: Ciências Agrárias**, v. 28, n. 1, p. 71-78, 2007. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2007v28n1p71>

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. Ames: Iowa State
FUNDAÇÃO MT. **Boletim de pesquisa de soja – 2011**. Cuibá: Fundação MT, 492p., 211

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourne, v. 9, n. 4, p.463-493, 1956. <https://doi.org/10.1071/BI9560463>

HIRAKURI, M.H. (2016). Impactos econômicos de estresses na produção de soja da safra 2015/16. Londrina: **Embrapa Soja**, Circular Técnica 125.

Isik, F., Li, B., Frampton, J. 2003. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Sci.** 49:77-88

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N.R. Capacidade combinatória para características agrônômicas em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300015>

KUREK, A. J.; CARVALHO, F. I. F.; ASSMANN, I. C.; CRUZ, P. J. Capacidade combinatória como critério de eficiência na seleção de genitores em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 645-651, 2001. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000400007>

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

MONTOYA, M. A. *et al.* Uma nota sobre consumo energético, emissões, renda e emprego na cadeia de soja no Brasil. **Rev. Bras. Econ.**, v. 73, n. 3, p. 345-369, sept./2019. <https://doi.org/10.5935/0034-7140.20190016>

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; DE 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, 2012.

PELÚZIO, J. M.; ALMEIDA, R. D.; FIDELIS, R. R.; ALMEIDA JUNIOR, D.; BRITO, E. L.; FRANCISCO, E. R. Correlações entre caracteres de soja, em Gurupi, Tocantins. **Ceres**, v. 52, n. 303, p. 779-786, 2005.

PIMENTEL, A. J. B.; et al. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p.113- 121, 2013. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

Santos, Rodinei dos. **Análise genética de genitores de soja (*Glycine max (L.) merril*) nas gerações F1 e F2 visando melhoramento para semeadura antecipada**. Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Pato Branco, p. 33. 2019.

SCHMILDT. R.E.; SILVA.W.; AMBROSIO. D.J.T.; SHCMILDT.O.; NASCIMENTO. L.A.; FERNANDES. A.A. Coeficiente de variação como medida da precisão em experimentos de alface. **Revista Agro@ambiente On-line**, v. 11, n. 4, p. 290-295, outubro-dezembro, 2017 Centro de Ciências Agrárias - Universidade Federal de Roraima, Boa Vista, RR www.agroambiente.ufr.br 10.18227/1982-8470ragro.v11i4.4412 <https://doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v11i4.4412>

SEDIYAMA, T. (2015). **Melhoramento Genético da Soja**. Piracicaba: Editora Mecenas.

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Desenvolvimento de cultivares. In. SEDIYAMA, T. (Ed). **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenas, 2015. p. 83-102.

SENHORINHO, H. J. C.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A.; MILANI, K. F.; NIHEI, T. H. Combining abilities and inbreeding depression in commercial maize hybrids. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 2, p. 4133-4149, 2015. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n6Supl2p4133>

Silva, F.C.S., Sedyama, T., Oliveira, R.C.T., Borém, A., Silva, F.L., Bezerra, A.R.G., Silva, A.F. **Importância econômica e evolução do melhoramento**. In: Silva, F.L., Borém, A., Sedyama, T., Ludke, W. (Eds). **Melhoramento da Soja**. UFV, Viçosa, 2017.

Souza, Renan Silva e, **Análise de cruzamentos dialélicos para o desenvolvimento de soja tipo hortaliça com tolerância a ferrugem** – Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”. Piracicaba, p. 68. 2017.

Teodoro, P.E., Ribeiro, L.P., Corrêa, C.C.G., Luz Júnior, R.A.A., Zanuncio, A.S., Capristo, D.P., Torres, F.E. 2015. **Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit**. **Biosci. J.** 31:794-799 <https://doi.org/10.14393/BJ-v31n1a2015-26094>

University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Specialreport, 80).

VALE, N.M.; BARILI, L.D.; OLIVEIRA, H.M.; CARNEIRO, J.E.S.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, F.L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000200006>

CAPÍTULO 3. Estimativas de parâmetros genéticos e índices de seleção em populações segregantes de soja

RESUMO

Sabe-se que a busca por progênies de soja que atendam as demandas do mercado é um grande desafio para o melhoramento genético de soja, logo utilizar de parâmetros que podem proporcionar redução de tempo e assertividade no processo de seleção tem contribuindo de forma sistemática para o sucesso dos objetivos do melhoramento. Objetivou-se neste trabalho conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção de caracteres agrônômicos e selecionar progênies de soja ($F_{4:5}$ e $F_{5:6}$) semeadas em duas safras distintas por meio de índices de seleção. Os experimentos foram conduzidos na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), nas safras 2019/20 e 2020/21. Foram semeadas 155 progênies e quatro testemunhas UFUS 6901, UFUS 7101, BRS 511 e TMG 801. Cada parcela foi composta por uma linha de cinco metros espaçada a 0,5 m entre linha para ambas as safras. As avaliações para a safra 2019/20 foram número de dias para o florescimento, número de dias para a maturidade, altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós, e peso de grãos. Para a safra 2020/21 foram avaliados o número de dias para o florescimento e maturidade e peso de grãos. As populações segregantes ($F_{4:5}$ e $F_{5:6}$) apresentaram alto potencial genético e possibilitam aplicar diferentes metodologias de seleção na busca por progênies superiores. A seleção direta dos caracteres APF, APM e AIPV apresentou maiores ganhos indiretos para todos os demais caracteres para a safra 2019/2020. Para safra 2020/21 e de forma conjunta a seleção direta do caráter NDM apresentou maiores ganhos indiretos para os demais caracteres para todos os demais caracteres para a safra 2019/20 e de forma conjunta com a safra 2020/21. As progênies UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183 foram selecionadas por ambos índices de seleção.

Palavras – Chave: *Glycine max*, parâmetros genéticos, índices de seleção

CHAPTER 3. Estimates of genetic parameters and selection indices in segregating soybean populations

ABSTRACT

It is known that the search for soybean progenies that meet market demands is a major challenge for soybean genetic improvement, so using parameters that can reduce time and assertiveness in the selection process has systematically contributed to the success of the improvement goals. The objective of this work was to know the genetic parameters and selection gains of agronomic traits and to select soybean progenies (F4:5 and F5:6) sown in two different crops using selection indices. The experiments were carried out at the Capim Branco Farm of the Federal University of Uberlândia (UFU), in the 2019/20 and 2020/21 harvests. 155 progenies and four controls UFUS 6901, UFUS 7101, BRS 511 and TMG 801 were sown. Each plot consisted of a row of five meters spaced 0.5 m apart for both crops. The evaluations for the 2019/20 crop were number of days to flowering, number of days to maturity, plant height at flowering, plant height at maturity, height of first pod insertion, number of nodes, and grain weight, For the 2020/21 season, the number of days to flowering and maturity and grain weight were evaluated. The segregating populations (F4:5 and F5:6) showed high genetic potential and make it possible to apply different selection methodologies in the search for superior progenies. The direct selection of the characters APF, APM and AIPV showed greater indirect gains for all other characters for the 2019/2020 harvest. For the 2020/21 crop year and jointly, the direct selection of the NDM character presented greater indirect gains for the other characters. Progenies UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183 were selected by both selection indices.

Keywords: Glycine max, genetic parameters, selection indices.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L.), é a oleaginosa mais produzida no mundo, de origem chinesa foi introduzida no Brasil primeiramente no estado do Rio Grande do Sul (EMBRAPA, 2018). Nas últimas três décadas a cultura teve um crescimento aproximado de 49% do total plantado no território nacional, e na safra 2019/2020 contou com uma área plantada de aproximadamente 36,8 milhões de hectares (CONAB, 2020).

Sabe-se da grande importância da cultura não só para o país, mas para o mundo, e o melhoramento genético de soja tem buscado cada vez mais atender as expectativas de aumento de produtividade, redução de ciclo assim como a resistência a doenças. E dentro dos programas de melhoramento estão envolvidas várias etapas desde o desenvolvimento das populações, processo de seleção e avaliações das linhagens (Borém & Miranda, 2013).

E para auxiliar os melhoristas nesse árduo processo de seleção são empregados os parâmetros genéticos, que tem como principal objetivo, realizar inferências sobre a variabilidade a população alvo de estudo (SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017).

Segundo Teixeira et al (2017), estimar os parâmetros genéticos e conseguir compreendê-los fornece aos melhoristas o conhecimento a respeito da estrutura genética da população, permitindo assim que as tomadas de decisão no momento do processo de seleção sejam mais assertivas, assim como na escolha dos métodos que mais se adequam e quais os caracteres entregam melhores resultados para seleção.

Herdabilidade, correlações genéticas e fenotípicas e assim como os ganhos com a seleção despontam como os parâmetros genéticos mais importantes para o melhoramento genético (VASCONCELOS et al., 2012).

Além de se utilizar os parâmetros genéticos para o momento da seleção, as metodologias de índice de seleção auxiliam ainda mais no processo da escolha, uma vez que selecionar mais de um caractere de forma simultânea é algo complexo e muitas das vezes não atende as necessidades objetivadas inicialmente por esse motivo surgiu a necessidade de realizar a seleção de forma conjunta e se conhecer a respeito dos ganhos de seleção, para todos os caracteres desejados de forma conjunta (CRUZ, 2013).

Portanto, o objetivo do presente trabalho foi conhecer os parâmetros genéticos e ganhos de seleção e caracteres agrônômicos e selecionar progênies de soja (F_{4:5} e F_{5:6}) semeadas em duas safras distintas.

2. Material e Métodos

2.1. Instalação do experimento da progênie F₄

O experimento foi conduzido na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG, na safra 2019/20.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados com duas repetições, totalizando 318 parcelas experimentais. Cada parcela foi composta por uma linha de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas.

O solo da área experimental foi preparado com uma aração e duas gradagens. Foi feita a adubação com 300 kg ha⁻¹ do formulado NPK 02-18-12. As sementes foram previamente tratadas com fungicida Tiabendazol (ingrediente ativo) e inoculadas no dia da semeadura com *Bradyrhizobium japonicum*.

A semeadura foi realizada no dia 14 de dezembro de 2019, de forma manual onde foram distribuídas 70 sementes na linha de 5 metros, atendendo assim uma predisposição de 14 sementes por metro linear.

2.2. Condução do experimento

Foi realizada a aplicação dos nutrientes Cobalto e Molibdênio de forma foliar, quando a soja se encontrava no estágio V3, segundo a escala de Fehr e Cavannes (1977). No estágio V7 foi realizada a adubação de cobertura com Kcl, na proporção de 400 kg ha.

Na figura 1 a seguir temos representado os valores de temperatura e precipitação do período em que a cultura ficou em campo.

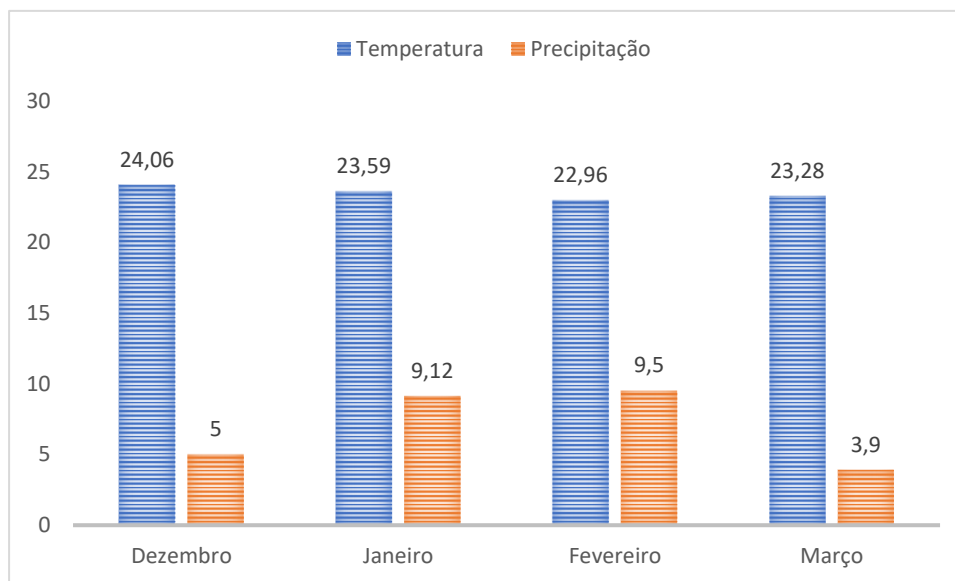


Figura 1. Temperatura média (°C), e precipitação pluvial (mm) de dezembro de 2019 a março de 2020, F.azenda capim branco UFU, Uberlândia- MG. Fonte: Laboratório de climatologia e meteorologia ambiental – CLIMA da UFU

2.3.Avaliações Realizadas

As avaliações foram feitas de acordo com os estádios fenológicos da soja, para isso foi utilizada como base a escala fenológica de Fehr e Cavinnes (1977). Abaixo as avaliações realizadas em seus respectivos estádios.

- j) Número de dias para o florescimento.
- k) Número de dias para a maturação.
- l) Altura da Planta no florescimento (APF): a medida é dada em cm, medida determinada com uma régua a partir da superfície do solo até o ápice da planta
- m) Número de nós no florescimento (NNF): contagem de todos os nós da haste principal.
- n) Altura da planta na maturidade (APM): a medida é dada em cm, medida determinada com uma régua desde a base da planta no substrato até o ápice da mesma quando a planta se encontra no estágio R8.
- o) Número de nós na maturidade (NNM): contagem de todos os nós da haste principal em R8.

- p) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): a medida é dada em cm, determinada com uma régua desde a base da planta no substrato, até a inserção da primeira vagem em R8.
- q) Número de vagens cheias (NV): contagem de todas as vagens com grãos.
- r) Produção de grãos por planta (PG): peso total dos grãos (g) por planta, obtido pela massa dos grãos.

Para a realização das avaliações foram selecionadas ao acaso cinco plantas por parcelas, as mesmas foram identificadas com barbante amarrado na haste principal de cada planta selecionada e foram as mesmas avaliadas em todos os momentos.

2.4. Instalação do experimento progênie F₅

Assim como na progênie F₄ o experimento foi conduzido na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude), no município de Uberlândia – MG, na safra 2020/21, realizando o avanço de geração da população F₄.

O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados com duas repetições, totalizando 318 parcelas experimentais. Cada parcela foi composta por uma linha de 5 metros de comprimento, com espaçamento de 0,5 m entre linhas.

O solo da área experimental foi preparado com uma aração e duas gradagens. Foi feita a adubação com 400 kg ha⁻¹ do formulado NPK 02-18-12. As sementes foram previamente tratadas com fungicida Tiabendazol (ingrediente ativo) e inoculadas no dia da semeadura com *Bradyrhizobium japonicum*.

A semeadura foi realizada nos dias 08 e 09 de novembro de 2020, de forma manual onde foram distribuídas 100 sementes na linha de 5 metros, atendendo assim uma predisposição de 20 sementes por metro linear.

Assim como no experimento da safra 19/20 foi feita a aplicação dos nutrientes Cobalto e Molibdênio de forma foliar, quando a soja se encontrava no estágio V3, segundo a escala de Fehr e Cavinnes (1977). No estágio V7 foi realizada a adubação de cobertura com Kcl, na proporção de 400 kg ha.

Abaixo na figura 2 os dados meteorológicos referentes de temperatura e precipitação referentes a safra 2020/21.

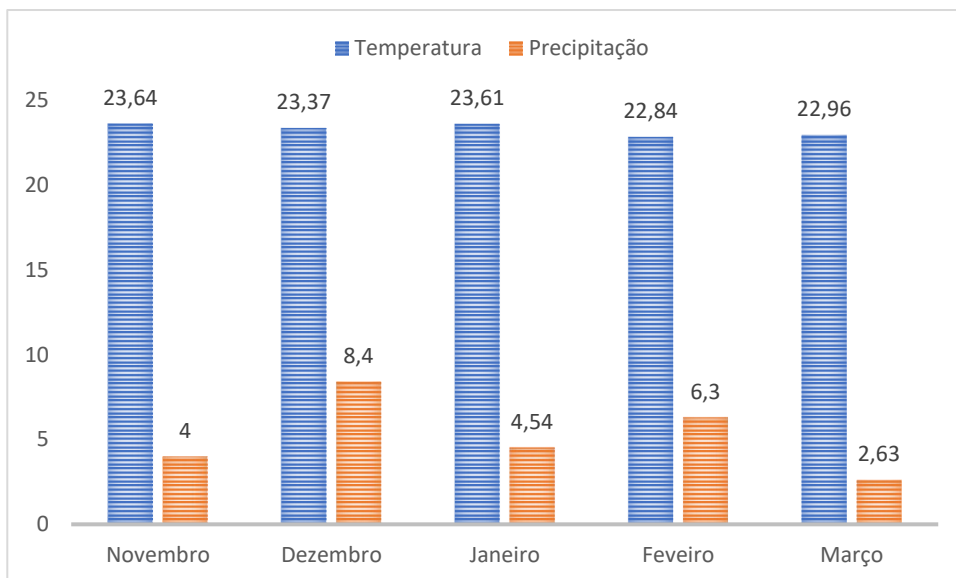


Figura 2. Temperatura média (°C), e precipitação pluvial (mm) de novembro de 2020 a março de 2021, na Fazenda capim branco UFU, Uberlândia- MG. Fonte: Laboratório de climatologia e meteorologia ambiental – CLIMA da UFU.

Quanto às avaliações realizadas foram as seguintes

- a) Número de dias para o florescimento.
- b) Número de dias para a maturidade.
- c) Produção de grãos por planta (PG): peso total dos grãos (g) por planta, obtido pela massa dos grãos.

2.5. Análises estatísticas

Para verificar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, foi realizada a análise de variância, conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + \beta_j + \epsilon_{ij}$$

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;

β_j : efeito do j -ésimo bloco;

ϵ_{ij} : erro aleatório.

Foi estimado a herdabilidade (H^2) pela seguinte expressão:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g}{\text{QMT}/r} \quad ; \quad \hat{\sigma}_g = \frac{(\text{QMT} - \text{QMR})}{r}$$

Em que:

H^2 : Herdabilidade;

$\hat{\sigma}_g$: componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

Os ganhos de seleção para as metodologias direta e indiretas foram baseados no seguinte estimador:

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

Em que:

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

X_{si} : média das progênes selecionadas 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.

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

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.

Para a classificação das progênes pelo índice de seleção baseado na soma de “ranks” é realizado de acordo com a ordem de ganhos favoráveis para cada caráter e pelos ganhos de seleção direto e indireto e assim somar as ordens de cada caráter para o genótipo resultando na medida tomada como índice conforme descrito pela equação:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Em que:

I: Valor do índice para determinado genótipo;

r_j : Classificação de um indivíduo para o caráter j;

r_n : Número de variáveis considerados no índice.

O segundo índice de seleção utilizado foi o índice da distância genótipo-ideótipo, que faz o uso da média e dos valores máximos e mínimos para cada caráter. É considerado X_{ij} como a média do valor fenotípico do caráter j no genótipo i; Y_{ij} que irá representar a média transformada do valor fenotípico e C_j que se trata do valor constante relativa à depreciação da média do genótipo.

Assim teve-se:

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

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

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

Em que:

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

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

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Considerou-se então: $C_j = LS_j - LI_j$. Dessa forma o valor da constante C_j garante que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno de um valor satisfatório resultasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo VO_j . Os valores Y_{ij} transformados foram então padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter pela seguinte equação:

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

Em que:

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

a_j : peso ou valor econômico do caráter

O valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi realizado seguindo a equação:

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

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

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

A ordem de seleção foi para decréscimo para os caracteres NDF, NDM e e de acréscimo para APF, APM, AIV, NN e PG.

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

3. Resultados e discussão

Constatou-se a existência de variabilidade genética ao nível de 1% pelo teste F para os sete caracteres avaliados (Tabela 1). Tal constatação é de extrema importância uma vez que a existência da variabilidade é basicamente um requisito para a seleção com sucesso de genótipos superiores.

TABELA 1: Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de sete caracteres agrônômicos em 159 genótipos de soja população segregante F_{4:5} (Safrá 2019/20).

Caracteres	Parâmetros			
	QMG	CV (%)	H ² (%)	CVg/CVe
NDF	63,70**	9,34	77,90	1,33
NDM	116,43**	5,25	78,80	1,36
APF	117,30**	18,47	36,05	0,53
APM	376,37**	14,70	65,29	0,97
AIPV	37,35**	25,30	59,47	0,86
NN	19,48**	17,78	37,22	0,54
PG	8090,71**	4,48	99,10	7,46

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.. QMG: quadrado médio de genótipo; CV(%): coeficiente de variação; H²: herdabilidade; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação ambiental. NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1ª vagem); NN (número de nós na haste principal na maturidade) e PG (peso de grãos).

Em relação ao coeficiente de variação (CV%) os valores encontrados variaram entre 4,48 % a 25,30% para peso de grãos (PG) e altura de inserção da primeira vagem (AIPV) respectivamente. Valor semelhante foi apresentado por Marques (2019) para produção de grãos (4,93%). Para o coeficiente de variação, quanto menores são os valores encontrados, maior é a homogeneidade dos dados, porém, é aceitável que para caracteres quantitativos como, por exemplo, a altura de inserção da primeira vagem sejam mais altos, uma vez que o ambiente tem grande influência sobre os mesmos (LEITE et al., 2015).

Para herdabilidade H² é importante ressaltar que valores iguais ou maiores que 70% são considerados bons valores, sendo que os mesmos podem variar entre 0 a 100% (RAMALHO et. al., 2012). Utilizar as informações referente à herdabilidade dos

caracteres permite identificar qual a proporção da variância fenotípica que é atribuída ao efeito médio dos genes (SCHMIDT et al., 2019).

Os valores de herdabilidade variaram entre 36,05 % a 99,10% para altura da planta no florescimento e produção de grãos, respectivamente. Os caracteres número de dias para florescimento (77,90%), número de dias para maturação (78,80%) e peso de grãos apresentaram valores acima de 70%; Isto indica que a seleção de genótipos de soja baseada em tais caracteres é sugestivo de bons resultados, visto que, indicam que a predominância da expressão dos caracteres é genética.

Resultado similares foram encontrados por Bizari et al. (2017) que em estudo de índices de seleção em populações segregantes constataram que os caracteres com as maiores herdabilidade foram o número de dias para maturação (91,7%) e rendimento de grãos (71,31%).

Ainda em relação a Tabela 1 a razão CVg/CVe disponibiliza uma informação muito importante para os melhoristas uma vez que pode ser um indicativo do potencial genético da população avaliada, podendo assim alcançar ganhos nos caracteres. Razão CVg/CVe maior que 1,0 é o que se almeja, ou seja, quando se atinge tal valor ou mais é um indicativo de que a seleção é favorecida (Cruz et al., 2012). Os valores oscilaram entre 0,53 cm (Altura da planta no florescimento) e 7,46 gramas (Peso de grãos). Para os caracteres APM (0,97), AIPV (0,86) e NN (0,54) os valores da razão foram abaixo de zero, o que indica uma situação não muito favorável a seleção desses caracteres, uma vez que o menor valor deve-se a uma maior variação ambiental do que o genético, demonstrando que os caracteres em questão sofrem uma forte influência do ambiente. Já para NDF (1,33), NDM (1,36) e PG (7,46) a razão obtida aponta que os mesmos são mais influenciados por fatores genéticos, sendo importante ressaltar que para estes caracteres os valores de herdabilidade foram acima de 70%.

A Tabela 2 apresenta os valores máximos e mínimos dos 159 genótipos de soja. Para o NDF, ocorreu a formação de 3 grupos distintos com um ciclo vegetativo com uma duração de 23,0 a 65,0 dias. Para o NDM observou-se a formação de três grupo, o ciclo de maturação dos genótipos variou de 95,5 a 115,5 dias, isso indica que pode-se selecionar genótipos com ciclos precoces. Sabe-se que a escolha por genótipos com menor ciclo de maturação é tão importante quanto à escolha por genótipos produtivos, uma vez que é preciso que a cultura da soja atenda uma janela de colheita apropriada para que assim possa realizar o plantio da segunda safra ou safrinha (MEOTTI et al., 2012).

Para a APF e APM, houve a formação de 1 e 2 grupos respectivamente com uma variação de altura de 30,36 cm e 79,45 cm para APF e de 43,08 cm e 159,66 cm para APM (Tabela 2). De acordo com Borém (2015), para que haja favorecimento no momento da colheita a altura na maturidade desejada para a soja é entre 50 a 110 cm. Apesar do valor máximo encontrado neste estudo ter ultrapassado o recomendado, é importante ressaltar que trata-se de uma população segregante

A altura de inserção da primeira vagem (AIPV) variou de 7,35 a 35,92 cm (Tabela 2) com a formação de 4 grupos. Segundo Sedyama (2015) a altura de inserção da primeira vagem também altera na eficiência da colheita e, por isso, deve estar entre 10 a 15 cm para que não haja perdas durante o processo de colheita.

Em relação ao número de nós na maturidade (NN), não houve a formação de grupos, indicando pouca dispersão dos dados. Segundo Sedyama (2016) uma planta de soja com elevado potencial produtivo apresenta em média de 17 a 18 nós na haste principal. Neste estudo os valores oscilaram de 13,5 a 41,1 nós. A informação sobre a quantidade de nós presente na haste principal da planta é relevante pelo fato da existência de correlação entre esse caractere com a produção de grãos (NOGUEIRA et al., 2012; LEITE et al. 2016).

De acordo com a dispersão dos dados para peso de grãos (PG) houve a formação de 16 grupos distintos com uma variação de 56,90 g a 468,28 g (Tabela 2). Uma das principais buscas dentro do melhoramento é o aumento da produção de grãos, logo a seleção de genótipos com boa produção está aliada com a predição dos ganhos obtidos por seleção (FARIA et al., 2007).

TABELA 2. Valores máximos e mínimos obtidos para sete caracteres agrônômicos de 159 genótipos de soja em geração F_{4.5} (Safrá 2019/20).

Caracteres	Grupo A		Grupo B		Grupo C		Grupo D		Grupo E		Grupo F		Grupo G		Grupo H	
	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.				
NDF	62,50	65,50	42,5	52,5	23,0	42,0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NDM	102,5	115,5	96,0	102,0	96,50	95,5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
APF	30,36	79,45	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
APM	76,18	159,66	43,08	75,9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
AIPV	35,92	35,92	24,07	29,6	16,4	22,64	7,35	16,3	-	-	-	-	-	-	-	-
NN	13,5	41,1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PG	468,28	468,28	383,8	383,8	312,6	329,9	283,4	296,0	266,3	277,50	235,7	257,70	212,60	228,50	192,00	209,00

Caracteres	Grupo I		Grupo J		Grupo K		Grupo L		Grupo M		Grupo N		Grupo O		Grupo P	
	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.
NDF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NDM	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
APF	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
APM	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
AIPV	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
NN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
PG	171,70	190,50	156,50	168,40	142,70	153,30	128,80	139,60	115,80	127,90	97,00	113,10	81,10	86,90	56,90	56,90

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1ª vagem), NN (número de nós na haste principal na maturidade), e PG (peso

Na Tabela 3 encontram-se as estimativas de ganhos de seleção (GS%) direto e indireto de sete caracteres agronômicos. O objetivo da seleção foi a redução do NDF e NDM e o aumento dos demais caracteres (APF, APM, AIPV, NN, PG).

TABELA 3. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para sete caracteres avaliados pela seleção direta e indireta para progênies F_{4:5} de soja (Safrá 2019/20)

Caracteres	GS(%)						
	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NN	PG
NDF	-12,6	-2,91	-2,8	-5,29	-6,08	-0,99	-0,31
NDM	-3,43	-9,0	-1,22	-2,86	-5,71	-0,15	7,67
APF	4,51	1,69	8,45	7,23	11,39	2,47	3,21
APM	2,28	1,2	6,69	16,54	12,46	9,91	3,59
AIPV	4,4	3,22	6,62	7,83	23,97	7,47	4,23
NN	0,39	-0,12	2,55	11,04	13,23	8,47	-2,0
PG	-2,15	-1,07	1,56	1,89	3,54	-0,95	47,72
Total	-29,76	-19,21	-29,89	-52,68	-76,38	-30,41	-68,73

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1ª vagem), NN (número de nós totais na haste principal na maturidade) e PG (peso de grãos). Valores na diagonal em negrito referem-se ao ganho de seleção direta, os demais valores aos ganhos de seleção indireta. Fonte: A autora.

Observou-se que a seleção direta do NDF (-12,6%) promoveu a seleção indireta de plantas com menor peso de grãos (-0,31%), o que inviabiliza a seleção direta por meio do NDF. Tais resultados corroboram com os encontrados por Teixeira (2017), onde obteve-se um ganho de seleção direto de -10,10% para número de dias para o florescimento e indiretamente ganhos de -4,38 para produção de grãos.

O objetivo da seleção direta é alcançar os maiores ganhos possíveis em um determinado caráter que sofreu a seleção. Entretanto, sabe-se que, pode haver relação entre tal caráter selecionado com outros, ocasionando respostas tanto positivas ou negativas não previstas no processo de seleção (CRUZ, 2013). Isto pode explicar o fato da seleção de genótipos com menor número de dias para o florescimento acarretou a seleção indireta de genótipos com menor peso de grãos.

A seleção direta visando maior altura de planta no florescimento (8,45 cm), altura de planta na maturação (16,54 cm) e altura de inserção da primeira vagem (23,97 cm), apresentou um ganho indireto para os demais caracteres, menos para número de dias para o florescimento e para maturação. O mesmo não se aplicou quando realizou-se a seleção

direta para número de nós (8,47), uma vez que, de forma indireta selecionou-se genótipos com maior número de dias para maturação (-1,07) e com menor peso de grãos (-2,0 g).

Quando a seleção direta foi realizada para peso de grãos (47,72 g), indiretamente selecionou-se genótipos com ciclo maior NDF (-2,15) e NNM (-1,07) e menor número de nós (-0,95).

Os resultados expostos reforçam a dificuldade em se realizar o processo de seleção direta em muitos caracteres de interesse agrônômico de forma conjunta. Isso porque, ao selecionar uma característica que será muito favorecida pode-se ter outra característica também de interesse que não apresentará resultados favoráveis.

Na Tabela 4 tem-se as estimativas do ganho de seleção através do índice de Mulamba & Mock (1978), assim como a distância genótipo – ideótipo. A seleção por meio do índice de seleção é extremamente vantajosa, visto que, permite uma seleção conjunta de diferentes caracteres de modo que se consiga realizar a seleção de genótipos de maneira mais equilibrada em relação aos ganhos, ou seja, o ganho do caractere foi distribuído de maneira mais homogênea para os outros caracteres (Cruz et al., 2012).

De acordo com CRUZ (2013) o índice da distância genótipo-ideótipo permite a identificação de bons valores de acordo com cada caractere, assim como o intervalo entre tais valores, suas médias e os valores máximos e mínimos.

Para todos os caracteres analisados através da seleção direta os ganhos de seleção (Tabela 3) foram maiores aos encontrados tanto para o índice de soma de “*ranks*” quanto para a distância genótipo – ideótipo.

Nos caracteres NDM (-3,63%), APF (4,07%), APM (11,12%), AIPV (14,48%) e NN (4,95%) o índice de soma de “*ranks*” apresentou maiores valores de ganho em comparação ao índice da distância genótipo ideótipo. Já para NDF (-3,11%) e PG (27,27%) os ganhos de seleção pela distância genótipo-ideótipo foram maiores que do índice de soma de “*ranks*”. Em relação ao ganho total a soma de “*ranks*” demonstrou maior ganho (51,32%) comparado ao da distância genótipo-ideótipo que obteve ganho total de 9,81%.

Os resultados encontrados no trabalho se assemelham aos do destacado por Teixeira (2017) no qual para índice de soma de *ranks* os caracteres APF e NN obtiveram ganhos de 4,10% e 6,42%, respectivamente e para o índice do genótipo-ideótipo ganhos semelhantes para o NDF com 2,83%.

TABELA 4. Estimativas do ganho de seleção através do método de índices propostos por Mulamba & Mock (1978) e na distância genótipo-ideótipo em progênies F_{4.5} de soja (Safrá 2019/20)

Caracteres	GS (%)	
	Índice de soma de "ranks"	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-1,36	-3,11
NDM	-3,63	-2,81
APF	4,07	1,01
APM	11,12	-3,85
AIPV	14,48	-6,49
NN	4,95	-2,21
PG	21,69	27,27
Ganho total	51,32	9,81

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1^o vagem), NN (número de nós totais na haste principal na maturidade) e PG (peso de grãos).

As Tabelas 5 e 6 apresentam a seleção de 30 progênies de acordo com o índice de seleção da Soma de "ranks" e do índice de genótipo - ideótipo, na qual realizou-se a seleção direta utilizando as médias para os caracteres número de dias para florescimento, número de dias para maturação, altura da planta no florescimento, altura da planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem, número de nós e peso de grãos. A seleção preconizou progênies com menor número de dias para florescimento e maturação, ou seja, com ciclo menor vegetativo e total e para os demais caracteres a seleção de progênies que apresentaram maiores médias.

TABELA 5. Médias dos caracteres das 30 progênes superiores selecionadas índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) (Safrá 2019/20).

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NN	PG
UFUS_174 E1B3 A27P2	38,00	98,50	47,57	67,42	11,44	17,68	214,80
UFUS_176 E1B3 A27P2	36,00	98,50	48,83	67,40	14,60	16,80	383,80
UFUS_163 E3B1 F3C486	34,50	88,50	50,04	68,26	16,82	15,60	224,70
UFUS_162E3B1 F3C486	42,00	90,00	56,10	77,62	13,53	19,37	270,30
UFUS_161E3B3 PB39	37,50	92,50	46,60	71,91	16,50	16,40	212,60
UFUS_154 E3B2 F3C153	38,50	94,00	44,20	70,14	15,15	18,10	252,40
UFUS_168E3B1 F3C167	44,50	93,50	57,54	65,55	14,67	16,80	216,20
UFUS_141 E3B1 PB9	43,50	85,50	54,50	67,32	13,73	16,60	283,40
UFUS_155E3B2 F3C153	37,50	94,50	42,20	75,90	15,70	19,90	201,00
UFUS_169E3B1 F3C167	38,50	87,00	47,45	76,61	11,48	20,63	226,20
UFUS_109 E2B2 F3A183	38,50	90,50	45,25	78,49	16,30	17,70	216,20
UFUS_70 E1B2 A41P1	46,50	100,00	49,00	72,30	18,05	19,80	117,80
UFUS_206 E2B2 PB50	37,00	92,00	51,16	82,44	15,27	20,80	240,60
UFUS_81E1B3 A145P1	37,00	88,50	45,01	59,98	9,39	17,70	284,50
UFUS_5 E1B1 A158P1	38,00	86,50	41,92	63,63	13,80	17,20	222,00
UFUS_204E2B3 F386	35,50	83,00	52,85	81,93	13,70	21,20	218,10
UFUS_131E3B1 F3C461	41,00	94,50	39,71	77,15	20,50	19,80	164,10
UFUS_38E1B2 A21P1	46,00	96,50	57,32	73,95	18,25	18,40	216,90
UFUS_85E1B3 A106P1	36,00	94,00	40,12	75,48	13,55	20,07	246,40
UFUS_182E2B1 A91P2	35,50	86,00	41,70	78,95	13,96	20,90	292,40
UFUS_143E3B2 F3C115	39,00	95,00	52,55	79,90	12,05	19,90	172,70
UFUS_6901	43,40	99,60	48,09	60,79	13,85	16,31	468,28
UFUS_43E1B2 A146P1	40,00	105,50	40,05	73,70	13,40	20,80	250,80
UFUS_103E2B2 F3B114	36,50	86,50	47,00	83,41	14,25	21,00	226,40
UFUS_195E3B3 F3C68	38,50	88,00	57,93	79,08	14,15	17,90	153,20
UFUS_92E1B3 A87P1	4,50	99,00	57,15	90,30	20,38	21,20	277,40
UFUS_74 E1B3 A29P2	35,50	90,00	39,04	56,67	13,37	15,70	201,30
UFUS_33 E1B2 A58P1	42,50	102,00	55,10	89,00	13,40	18,70	204,70
UFUS_185 E2B1 A91P2	36,50	82,50	48,56	86,07	13,40	22,30	266,30
UFUS_59E1B2 A18P1	40,00	98,00	48,80	83,97	8,57	19,12	192,90

Continuação tabela 5

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NN	PG
UFUS 6901	32,90	90,60	45,52	70,15	12,14	18,07	149,78
UFUS 7901	35,60	86,50	35,23	63,95	14,11	18,89	186,16
TMG 801	43,40	99,60	48,09	60,80	13,85	16,32	468,28
BRS 511	26,90	82,60	34,34	65,09	9,45	16,41	315,80

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1º vagem), NN (número de nós totais na haste principal na maturidade) e PG (peso de grãos).

TABELA 6. Médias dos caracteres das 30 progênes superiores selecionadas pela distância genótipo ideótipo (Safra 2019/20).

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NN	PG
UFUS_198 E3B2 F3C118	23,00	92,00	53,00	97,65	24,07	21,80	250,5
UFUS_170 E2B2 F3B29	37,50	92,00	50,05	83,40	21,26	41,10	228,0
UFUS_185 E2B1 A91P2	36,50	83,00	48,45	86,17	16,69	21,00	270,00
UFUS_201 E3B2 F3C363	40,00	87,00	61,35	102,63	19,38	20,18	218,60
UFUS_182 E2B1 A91P2	36,50	82,5	48,56	86,07	13,40	23,30	266,3
UFUS_204 E2B3 F386	36,00	90,00	48,23	159,66	12,38	22,60	255,80
UFUS_189 E1B2 A77P1	48,00	85,00	66,00	99,60	15,75	22,70	223,70
UFUS_25 E1B2A150P1	42,50	78,00	51,90	98,55	16,69	20,50	239,00
UFUS_176 E1B3 A27P2	36,50	87,00	50,15	82,45	19,38	18,17	312,60
UFUS_67 E1B2 A142P1	36,50	97,00	49,25	92,20	13,40	21,10	228,50
UFUS_186 E2B1 A91P2	35,50	83,00	52,85	81,93	12,38	21,20	218,10
UFUS_113 E2B3 PB13	40,50	57,15	57,15	90,13	20,38	21,20	277,40
UFUS_178 E1B3 A27P2	46,00	78,00	55,55	80,20	26,20	36,40	173,90
UFUS_145 E3B2 F3C338	43,00	60,71	60,71	103,75	20,05	21,30	204,60
UFUS_102 E2B2 PA43	36,50	86,50	47,00	83,41	14,25	21,00	226,40
UFUS_205 E2B2 PB50	37,00	92,00	51,16	82,44	12,28	20,80	240,60
UFUS_50 E1B2 A94P1	40,50	97,50	46,18	88,13	24,45	21,30	313,50
UFUS_156 E3B2 F3C153	42,00	91,00	68,25	99,35	16,11	20,38	197,20
UFUS_21 E1B1A35P1	40,00	77,50	44,70	91,04	19,96	22,30	121,90
UFUS_157 E3B3 PB17	38,50	92,50	44,72	84,70	18,46	21,35	221,60
UFUS_172 E2B2 F3B181	35,50	86,00	41,70	78,95	13,96	20,90	292,40
UFUS_132 E3B1 F3C255	42,00	87,05	55,15	90,19	26,50	20,60	111,60
UFUS_114 E2B3 PB13	34,50	88,00	38,65	77,20	14,89	21,30	296,00
UFUS_199 E3B2 F3C118	42,50	95,50	51,60	96,29	18,73	23,55	145,33
UFUS_83 E1B3 A106P1	36,00	89,00	74,10	71,85	10,42	21,35	223,50
UFUS_11 E1B1 A85P2	34,50	102,50	45,45	78,44	35,92	18,8	329,90
UFUS_200 E3B2 F3C363	36,50	94,50	43,50	83,09	17,71	20,00	257,70
UFUS_38 E1B2 A21P1	45,00	99,50	56,95	90,00	29,60	21,90	157,40
UFUS_61 E1B2 A18P1	39,50	106,00	46,70	100,60	16,40	22,50	219,60
UFUS_94 E2B1 F3A11	65,50	105,50	56,66	88,45	20,30	19,30	209,00

Continuação tabela 6

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NN	PG
UFUS 6901	32,90	90,60	45,52	70,15	12,14	18,07	149,78
UFUS 7901	35,60	86,50	35,23	63,95	14,11	18,89	186,16
TMG 801	43,40	99,60	48,09	60,80	13,85	16,32	468,28
BRS 511	26,90	82,60	34,34	65,09	9,45	16,41	315,80

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); APF e APM (altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente); AIPV (altura de inserção da 1ª vagem), NN (número de nós totais na haste principal na maturidade) e PG (peso de grãos).

Analisando as duas metodologias verificou-se que apenas 4 progênies foram comuns a ambas, sendo elas: UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_38E1B2 A21P1, UFUS_182E2B1 A91P2, UFUS_185 E2B1 A91P2, o que indica que tais progênies são superiores as demais, apresentando grande potencial para a próxima geração.

É importante salientar também que a cultivar UFUS 6901 (testemunha) foi uma das selecionadas na metodologia de Mulamba e Mock (1978).

Na Tabela 7 encontram-se os quadrados médios, coeficientes de variação e os parâmetros genéticos do NDF, NDM e PG avaliados na população F_{5:6} da safra de 2020/21. Para os três caracteres foi possível constatar significância a 1% de acordo com o teste F.

TABELA 7. Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de três caracteres agrônômicos de 159 genótipos de soja população segregante F_{5:6} (Safra 2020/21)

Caracteres	Parâmetros			
	QMG	CV (%)	H² (%)	CVg/CVe
NDF	49,67 **	7,28	79,05	1,37
NDM	103,20 **	3,31	85,80	1,73
PG	0,05 **	12,01	92,89	2,55

** Significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.. QMG: quadrado médio de genótipo; CV(%) : coeficiente de variação; H²: herdabilidade; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação ambiental. NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente) e PG (peso de grãos).

Para o coeficiente de variação (CV%) (Tabela 7) foram observados valores entre 3,31% para NDM, 7,28% para NDF e o maior valor para PG 12,01%, tais resultados para

CV% denotam boa precisão experimental. Cantelli et al (2016) em estudo com soja detectaram valores um pouco menores para o NDF (1,35%) e valor um pouco acima para o PG (21,66%).

Em relação à herdabilidade (h^2), para os três caracteres foram encontrados valores acima dos 70%, indicando que a proporção da variância genotípica na expressão do fenótipo admite prever a possibilidade de ganhos com a seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O maior valor para herdabilidade foi o de peso de grãos 92,89%. Este resultado divergiu do encontrado por HAKIM (2017) que detectou herdabilidade para peso de grãos de 16,8%. A divergência de resultados com baixa herdabilidade está associada ao fato dos caracteres analisados serem quantitativos, isso faz com que os mesmos sofram grande influência do ambiente.

A razão CV_g/CV_e apresentou valores de 1,37 (NDF), 1,73 (NDM) e 2,55 (PG), todos os resultados foram superiores a 1,0, favorecendo a seleção para tais caracteres.

Na tabela a seguir (tabela 8) temos o resumo da ANOVA conjunta das duas safras 2019/20 e 2020/21

TABELA 8. Quadrados médios, parâmetros genéticos e coeficiente de variação de caracteres agrônômicos de 159 genótipos de soja população segregantes F_{4:5} e F_{5:6} (Safras 2019/20 e 2020/21).

Fonte Variação	Graus de liberdade	Quadrados Médios		
		NDF	NDM	PG
Bloco/Ambiente	2	29,27	476,49	11806,12
Genótipo (G)	158	76,65**	118,49**	31645,03**
Ambiente (A)	1	2656,41*	68786,78**	17599317,64**
G x A	158	36,73**	101,17**	31790,94**
Resíduo	316	12,24	19,68	3863,56
CV (%)		8,28	4,22	17,46
H² (%)		84,02	83,38	87,79

* e ** Significativo a 5% e 1% de probabilidade pelo teste F. CV(%): coeficiente de variação; H²: herdabilidade; NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente) e PG (peso de grãos).

A análise conjunta demonstrou que o genótipo e a interação genótipo x ambiente, foi significativa a 1% para todos os caracteres avaliados pelo teste F. Já para o ambiente houve significância a 5% para NDF e a 1% para NDM e PG Tal significância indica que houve uma resposta diferente dos genótipos em relação ao ambiente de produção, que no caso foi o estudo de duas safras.

Através da análise do CV(%) é possível verificar a precisão do experimento conduzido, como já mencionado nesse capítulo quanto menor for o valor de CV(%), significa que maior foi a homogeneidade dos dados, o coeficiente de oscilou entre 4,22 % a 17,46%, o maior valor observado foi o referente a produção, apesar de ainda não ser considerado um valor alto. Segundo Pimentel (2009) o CV(%) é considerado alto quando os valores forem maiores que 30%. O valor acima dos demais caracteres para a Peso de grãos pode ser explicado pela influência do ambiente em tal caractere (LEITE et al., 2015).

Os valores encontrados para quadrados médios expressam que para o genótipo os valores foram maiores, exceto para a produção, a explicação para tal fato está de acordo com o fato da maior influência do ambiente como já mencionado. Meotti et al (2012) também verificou maiores resultados para a interação GA em relação ao genótipo para a produção.

O parâmetro herdabilidade foi maior que 80% para todos os caracteres, sendo maior para a peso de grãos (87,79%), é importante ressaltar que por mais que bons resultados de herdabilidade indiquem que a predominância da expressão dos caracteres é genética, a produção é uma característica comandada por um conjunto amplo de diferentes genes, dessa forma muito influenciados pelos efeitos do ambiente (RESENDE, 2007).

Na tabela 9 a seguir temos representado os valores máximos e mínimos dos 159 genótipos para as duas safras analisadas (safra 2019/20 e 2020/21).

TABELA 9. Valores máximos e mínimos obtidos para três caracteres agrônômicos de 159 genótipos de soja em geração F_{4:5} e F_{5:6} (Safrá 2019/20 e 2020/21).

Caracteres	Grupo A		Grupo B		Grupo C		Grupo D		Grupo E		Grupo D	
	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.	Mín.	Máx.
NDF	45,50	59,00	32,40	45,00	-	-	-	-	-	-	-	-
NDM	132,50	138,50	121,50	128,50	114,50	121,00	95,00	113,50	-	-	-	-
PG	1,23	1,38	1,04	1,04	0,75	0,87	0,61	0,73	0,43	0,61	0,14	0,42

NDF e NDM (número de dias para o florescimento e maturidade respectivamente) e PG (peso de grãos)

Para NDF, os valores oscilaram entre 32,40 a 59,00 dias, formando apenas dois grupos distintos, NDM teve valores de ciclo entre 95,00 a 138,50 dias, é importante se conhecer a respeito do ciclo médio uma vez que se busca cada vez mais cultivares que apresentem precocidade para permitir o plantio da segunda safra e também para atender as áreas de renovação de canaviais (BIZARI et al., 2014).

A produção de grãos mais uma vez demonstrou uma dispersão maior de dados, permitindo a formação de seis grupos com valores variando entre 0,14g a 1,38g.

NA tabela 10 abaixo expressa os dados das estimativas de ganhos de seleção (GS%) direto e indireto de três caracteres agrônômicos de forma conjunta com as duas safras (2019/20 e 2020/21). O objetivo da seleção foi a redução do NDF e NDM e o aumento do PG.

TABELA 10. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para três caracteres avaliados pela seleção direta e indireta para progênies F_{4:5} e F_{5:6} de soja (Safrá 2019/20 e 2020/21).

Caracteres	GS (%)		
	NDF	NDM	PG
NDF	-10,42	-2,15	0,57
NDM	-5,42	-5,68	1,78
PG	0,5	1,02	35,02
Total	-12,0	-9,2	36,54

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente) e PG (Peso de grãos) Valores na diagonal em negrito referem-se ao ganho de seleção direta, os demais valores aos ganhos de seleção indireta. Fonte: A autora.

Quando se fez a seleção direta para NDF o ganho foi de -10,42% e de forma indireta teve o ganho de -2,15% para NDM e de 0,57 % para peso de grãos, valores favoráveis também foram observados quando a seleção foi direta para NDM (-5,68%), ganhos indiretos de -5,42% para NDF e 1,78% para peso de grãos. São desejados valores negativos para NDF e NDM, pois o que se busca é a redução do ciclo dos genótipos. Para a seleção direta visando ao maior peso de grãos o ganho foi de 35,02%, apesar de o ganho ter sido consideravelmente alto indiretamente ocasionou a seleção de genótipos com ciclos mais tardios.

Segundo Bizari et al. (2017) em estudo de ganho de seleção em soja, observou maiores ganhos também para produtividade (35,70%), a atribuição para o maior ganho para tal caractere deve-se ao fato de que o mesmo sofre maior variação genética. De forma que ainda no estudo encontrou menor ganho para o número de dias para maturidade (3,29%).

Conseguir prever dados de ganho de seleção é uma contribuição de grande valia da genética quantitativa para o melhoramento, através das informações obtidas se consegue auxiliar no momento do processo de seleção, tornando o mesmo mais efetivo (HAMAWAKI et al., 2012).

Em seguida na tabela 11 as estimativas do ganho de seleção considerando a metodologia de índices de Mulamba & Mock (1978) e na distância genótipo-ideótipo nas progênies das duas safras simultaneamente.

TABELA 11. Estimativas do ganho de seleção através do método de índices propostos por Mulamba & Mock (1978) e na distância genótipo-ideótipo em progênies F_{4:5} e F_{5:6} de soja (Safra 2019/20 e 2020/21)

Caracteres	GS (%)	
	Índice de soma de "ranks"	Distância genótipo-ideótipo
NDF	-7,54	1,25
NDM	-43,81	-1,4
PG	13,36	31,56
Ganho total	1,01	31,41

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); PG (peso de grãos).

Em um primeiro momento observando o ganho total em comparação com as duas metodologias a soma de "ranks" (1,01%) teve menor ganho em relação a distância genótipo-ideótipo (31,41%), no entanto, quando observamos de forma individualizada

por caractere para NDF e NDM a soma de “*ranks*” apresentou melhores valores (-7,54 e -43,81), o que é algo considerado bom quando se visa realizar a seleção para a redução do ciclo, porém para o peso de grãos a distância genótipo-ideótipo teve melhor resultado 31,56% contra 13,36%.

O índice de soma de “*ranks*” de Mulamba e Mock (1978) tem como principal função classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em uma ordem que é favorável ao melhoramento (REZENDE et al., 2014).

Abaixo encontram-se as tabelas 12 e 13 onde estão selecionados os 30 genótipos superiores das duas safras conjuntas pela metodologia índice da soma de “*ranks*” de Mulamba e Mock (1978) e pela distância genótipo – ideótipo. A seleção foi feita com base em selecionar genótipos com menores dias de florescimento e maturidade e genótipos com maior peso de grãos.

TABELA 12. Médias dos caracteres das 30 progênes superiores selecionadas índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) (Safra 2019/20 e 2020/21).

Genótipos	NDF 2019	NDF 2020	NDM 2019	NDM 2020	PG 2019	PG 2020
UFUS_182 E2B1 A91P2	35,50	39,50	86,00	110,50	292,40	840,00
UFUS_79 E1B3 A145P1	35,00	34,00	95,00	105,00	203,40	680,00
UFUS_178E1B3 A27P2	33,00	34,00	84,50	106,50	165,20	580,00
UFUS_81 E1B3 A145P1	37,00	39,50	88,50	110,50	284,50	810,00
UFUS_175 E1B2 A152P2	36,00	38,50	93,00	97,50	294,50	460,00
UFUS_177 E1B3 A27P2	36,50	39,00	87,00	116,50	312,60	530,00
UFUS_204 E2B3 F386	35,50	40,50	83,00	114,50	218,10	530,00
UFUS_181 E1B3 E11P2	38,50	37,00	85,00	103,00	188,60	510,00
UFUS_185 E2B1 A91P2	36,50	39,00	82,50	116,00	266,30	470,00
UFUS_140 E3B1 PB9	36,50	43,00	91,50	113,00	160,90	1.390,00
UFUS_194 E3B3 F3C89	33,50	39,50	90,50	107,00	108,40	570,00
UFUS_144 E3B2 F3C2019	36,00	38,00	81,50	116,50	200,70	500,00
UFUS_21 E1B1A35P1	40,00	46,50	77,50	108,00	121,90	780,00
UFUS_5 E1B1 A158P1	38,00	40,50	86,50	110,00	222,00	520,00
UFUS_69 E1B2 A91P2	36,50	42,00	81,00	110,00	190,50	520,00
UFUS_176 E1B3 A27P2	36,00	42,50	92,50	113,00	383,80	510,00
UFUS_208 E2B2 PB50	34,50	39,00	81,00	116,50	112,90	530,00
UFUS_205 E2B2 PB50	36,00	41,50	90,00	116,50	255,80	560,00
UFUS_43 E1B2 A146P1	40,00	45,00	86,00	104,50	250,80	460,00
UFUS_109 E2B2 F3A183	38,50	43,00	90,50	109,00	216,20	550,00
UFUS_191 E3B3 PB9	35,00	42,50	93,50	108,00	128,80	610,00
UFUS_198 E3B2 F3C118	39,00	49,50	91,50	117,50	148,40	500,00
UFUS_29 E1B2 A96P1	35,00	38,00	84,50	106,00	143,90	430,00
UFUS_172 E2B2 F3B181	37,50	40,00	91,00	107,50	228,00	470,00
UFUS_202 E3B2 F3C363	40,00	44,50	87,00	117,50	218,60	790,00
UFUS_157 E3B3 PB17	42,00	47,00	91,00	107,00	197,20	740,00
UFUS_179 E3B2 F3C291	42,00	41,50	91,50	112,00	85,60	770,00
UFUS_199 E3B2 F3C118	23,00	45,00	92,00	118,50	250,50	460,00
UFUS_59 E1B2 A18P1	40,00	34,00	98,00	104,00	192,90	470,00
UFUS_164 E3B1 F3C486	38,00	38,50	83,00	109,50	199,90	420,00

Continuação tabela 12

Genótipos	NDF	NDF	NDM	NDM	PG	PG
	2019	2020	2019	2020	2019	2020
UFUS 6901	32,90	36,60	90,60	95,00	149,78	575,00
UFUS 7901	35,60	40,50	86,50	107,00	186,16	574,00
TMG 801	43,40	46,20	99,60	111,00	468,28	609,00
BRS 511	26,90	32,40	82,60	101,90	315,80	470,00

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); PG (peso de grãos).

TABELA 13. Médias dos caracteres das 30 progênes superiores selecionadas pela distância genótipo ideótipo (Safra 2019/20 e 2020/21).

Genótipos	NDF 2019	NDF 2020	NDM 2019	NDM 2020	PG 2019	PG 2020
UFUS_140 E3B1 PB9	36,50	43,00	91,50	115,00	160,90	437,00
UFUS_11 E1B1 A85P2	34,50	46,00	102,50	113,00	326,90	1281,00
UFUS_14 E1B1 A29P2	36,50	49,00	96,50	114,00	139,60	1104,00
UFUS_182 E2B1 A91P2	35,50	41,00	86,00	107,00	292,40	440,00
UFUS_81 E1B3 A145P1	37,00	33,00	88,50	104,00	284,50	662,00
UFUS_202 E3B2 F3C363	40,00	47,00	87,00	118,00	218,60	287,00
UFUS_157 E3B3 PB17	42,00	45,00	91,00	110,00	197,20	555,00
UFUS_89 E1B3 A104P2	46,50	40,00	96,50	110,00	187,60	342,00
UFUS_130 E3B1 F3C461	43,50	51,00	104,00	119,00	255,30	699,00
UFUS_21 E1B1A35P1	40,00	50,00	77,50	108,00	121,90	752,00
UFUS_68 E1B2 A91P2	35,00	50,00	95,00	108,00	203,40	522,00
UFUS_2E1B1 F1P1	44,00	56,00	104,50	123,00	244,50	767,00
UFUS_153E3B2 F3C405	41,00	54,00	94,50	117,00	164,10	543,00
UFUS_176 E1B3 A27P2	36,00	38,00	92,50	83,00	383,80	462,00
UFUS_179E3B2 F3C291	42,00	39,00	91,50	118,00	285,60	509,00
UFUS_107E2B2 F3A13	52,50	39,00	94,00	112,00	189,60	398,00
UFUS_79 E1B3 A145P1	35,00	43,00	95,00	116,00	203,40	516,00
UFUS_3 E1B1 A99P1	48,50	50,00	104,00	123,00	246,10	785,00
UFUS_70 E1B2 A41P1	39,00	39,00	100,00	109,00	277,50	548,00
UFUS_5 E1B1 A158P1	38,00	41,00	86,50	111,00	222,00	405,00
UFUS_141 E3B1 PB9	43,50	42,00	85,50	113,00	283,40	1320,00
UFUS_43 E1B2 A146P1	40,00	43,00	83,00	107,00	250,80	514,00
UFUS_25 E1B2A150P1	42,50	50,00	78,00	114,00	239,00	450,00
UFUS_177 E1B3 A27P2	36,50	44,00	87,00	112,00	312,60	478,00
UFUS_73 E1B3 A29P2	45,00	48,00	101,50	112,00	168,40	473,00
UFUS_129 E3B1 F3C424	40,50	54,00	94,00	118,00	133,20	466,00
UFUS_7 E1B1 A96P1	42,00	42,00	99,50	107,00	189,80	590,00
UFUS_161 E3B3 PB39	37,50	41,00	92,50	109,00	212,60	436,00
UFUS_109 E2B2 F3A183	38,50	43,00	90,50	107,00	216,20	611,00
UFUS_135 E3B1 F3C466	39,50	50,00	82,50	116,00	161,50	468,00

Continuação tabela 13

Genótipos	NDF 2019	NDF 2020	NDM 2019	NDM 2020	PG 2019	PG 2020
UFUS 6901	32,90	36,60	90,60	95,00	149,78	575,00
UFUS 7901	35,60	40,50	86,50	107,00	186,16	574,00
TMG 801	43,40	46,20	99,60	111,00	468,28	609,00
BRS 511	26,90	32,40	82,60	101,90	315,80	470,00

NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade, respectivamente); PG (peso de grãos).

Através das duas metodologias de seleção 12 genótipos foram selecionados para ambas sendo elas UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183. A seleção de tais progênes indica que as mesmas são superiores as demais, e demonstra também a dificuldade do processo de seleção de forma a atender a todos os requisitos e objetivos propostos pelo melhorista.

É importante também destacar a diferença das médias das progênes selecionadas em relação ao caractere peso de grãos para as safras 2019 e 2020 UFUS_182 E2B1 A91P2 (292,40 – 440,00), UFUS_14 E1B1 A29P2 (139,60 – 1,104,00), UFUS_81 E1B3 A145P1 (284,50 – 662,00), UFUS_202 E3B2 F3C363 (218,60 – 287,00), UFUS_157 E3B3 PB17 (197,20 – 555,00), UFUS_21 E1B1A35P1 (121,90 – 752,00), UFUS_176 E1B3 A27P2 (383,80 – 462,00), UFUS_179E3B2 F3C291 (285,60 – 509,00), UFUS_79 E1B3 A145P1 (203,40 – 516,00), UFUS_43 E1B2 A146P1 (250,80 – 514,00), UFUS_177 E1B3 A27P2 (312,60 – 478,00), UFUS_109 E2B2 F3A183 (216,20 – 436,00). Tal diferença de médias pode ser explicada pela falta de precipitação após a semeadura da safra 2019, depois da mesma a primeira chuva significativa foi seis dias após a semeadura (20,4 mm), ocasionando uma germinação desuniforme das parcelas quando comparada com a safra 2020, que teve uma precipitação significativa já no segundo dia após a semeadura de 21,3 mm, a germinação do mesmo foi muito mais uniforme justificando assim a diferença de peso de grãos entre as duas safras.

4. Conclusões

As populações segregantes apresentaram alto potencial genético e possibilitam aplicar diferentes metodologias de seleção na busca por progênies superiores.

A seleção direta dos caracteres APF, APM e AIPV apresentou maiores ganhos indiretos para todos os demais caracteres para a safra 2019/2020. Para safra 2020/21 e de forma conjunta a seleção direta do caráter NDM apresentou maiores ganhos indiretos para os demais caracteres.

As progênies UFUS_182 E2B1 A91P2, UFUS_14 E1B1 A29P2, UFUS_81 E1B3 A145P1, UFUS_202 E3B2 F3C363, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_157 E3B3 PB17, UFUS_21 E1B1A35P1, UFUS_176 E1B3 A27P2, UFUS_179E3B2 F3C291, UFUS_79 E1B3 A145P1, UFUS_43 E1B2 A146P1, UFUS_177 E1B3 A27P2, UFUS_109 E2B2 F3A183 foram selecionadas por ambos índices de seleção, na análise conjunta.

Referências

BIZARI, E. H. et al. O. Genetic diversity in early-maturing soybean genotypes based on biometric and molecular parameters. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, v. 12, n. 1, p. 259-265, 2014.

BIZARI, E. H. et al. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

Borém, A & Miranda, GV. (2013). *Melhoramento de Plantas*. 5.ed. Viçosa: UFV.

CASTRO, K. S. Seleção de populações de soja para precocidade e produtividade de grãos em Chapadão do Sul. **Dissertação de Mestrado em Agronomia-UFMS**, Chapadão do Sul, 20 p. 2018.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, v. 9 – Safra 2019/2020 – n. 9. Brasília: CONAB, 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>>. Acesso em 20 jun. 2020.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. 4.ed. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. **Editora UFV**. Viçosa, v. 1, p. 514, 2012.

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

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). **História da Soja**. Londrina: EMBRAPA Soja, 2018. Disponível em: <https://www.embrapa.br/web/portal/soja/cultivos/soja1/historia>. Acesso em: 15 julho. 2020.

FARIA, A. P.; FONSECA JÚNIOR, N. S. F.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. Genetic gain in soybean crop, **Semana: Ciências Agrárias**, v. 28, n. 1, p. 71-78, 2007. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2007v28n1p71>

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.

LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônomicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015. <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

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.

Marques, Fábio Serafim. **Estratégias de seleção no melhoramento genético da soja** / Fábio Serafim Marques. - 2019. Dissertação (mestrado acadêmico) - Universidade Federal de Lavras, 2019.

- MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 47, n. 1, p. 14-21, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003>
- MEOTTI, G.V.; BENIN, G.; SILVA, R.R.; BECHE, E.; MUNARO, L.B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.47, p.14-21, 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.
- 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.
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012, 522p.
- RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 561 p.
- 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.
- SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B. Parâmetros genéticos e avaliação agrônômica em progênies F2 de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n.1, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>
- SANTOS, Elonha Rodrigues.; SPEHAR, Carlos Roberto.; CAPONE, Aristoteles. PEREIRA, Paulo Roberto. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, v.15,n.1,abr.2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>
- SCHMIDT, P.; HARTUNG, J.; BENNEWITZ, J.; PIEPHO, H. P. Heritability in plantbreeding on a genotype-difference basis. **Genetics**, v. 212, n. 4, p. 991-1008, 2019. <https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>
- SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, 310 p
- SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (2015). **Soja: do Plantio à Colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. 333 p.
- TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; HAMAWAKI, C.L.; MATTOS, T.P.; SILVEIRA, I.C.; MEDEIROS, L.A. Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4., 2017a. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039842>
- VASCONCELOS, E.S.D.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja 2

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