

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ANÁLISES GENÉTICAS DE POPULAÇÕES DE SOJA COM  
PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DE CISTO  
RAÇA 3**

Antonio Ayrton Morceli Junior  
Engenheiro Agrônomo

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL  
Julho de 2009

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JULIO DE MESQUITA FILHO”  
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS  
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ANÁLISES GENÉTICAS DE POPULAÇÕES DE SOJA COM  
PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DE CISTO RAÇA 3**

Antonio Ayrton Morceli Junior

Orientador: Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro

Co-orientador: Prof. Dr. João Carlos de Oliveira

Tese apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal, como parte das exigências para a obtenção do título de Doutor em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas)

JABOTICABAL – SÃO PAULO – BRASIL

Julho de 2009

M833a

Morceli, Antonio Ayrton Junior  
Análise genéticas de populações de soja com parentais  
resistentes ao nematóide do cisto raça 3 / Antonio Ayrton Morceli  
Junior. -- Jaboticabal, 2009  
iv, 62 f.; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de  
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2009  
Orientador: Antonio Orlando Di Mauro  
Banca examinadora: Ivana Marino Bárbaro, Maria Aparecida  
Pessôa da Cruz Centurion, Eduardo Antonio Gavioli, Antônio Luís de  
Oliveira  
Bibliografia

1. Melhoramento genético. 2. Soja. 3. Análises genéticas. I.  
Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.34

## **DADOS CURRICULARES DO AUTOR**

**ANTONIO AYRTON MORCELI JUNIOR** - nascido em 06 de agosto de 1979, em Jacarezinho, estado do Paraná. Em 1998 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Federal de Mato Grosso, Cuiabá – MT, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em novembro de 2003. Em março de 2004 ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP, obtendo o título de Mestre (Genética e Melhoramento de Plantas) em julho de 2005. Em agosto de 2005 ingressou no curso de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP.

*“Tudo posso naquele que me fortalece”*

*Bíblia Sagrada*

**Aos meus pais Ayrton e Valdivia Morceli, minhas irmãs Junya e Thais, meus avós maternos Nivaldo e Emília Rocha, meus avós paternos Alcides (*in memoriam*) e Odila Morceli pessoas especiais na minha vida, que as circunstâncias me fazem estar com eles, muito menos que desejo, e nem por isso os amo menos.**

**DEDICO.**

**À minha mulher Thaiza e minha filha Giovanna Morceli, minhas amigas e companheiras de todas as horas, amo muito vocês.**

**OFEREÇO.**

## **AGRADECIMENTOS**

A Deus por fazer da minha vida cheia de graças e de pessoas maravilhosas com quem posso contar sempre.

À minha esposa Thaiza pela contribuição na vida e neste trabalho que com certeza seriam muito mais difícil sem sua ajuda importantíssima.

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

À UNESP pela ótima capacitação de seus funcionários e da parte estrutural que possibilita à instituição estar sempre em destaque entre as melhores universidades do país .

Ao Programa de Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade concedida para a realização do curso.

A todos os funcionários da Seção de Pós-Graduação, por estarem sempre prontos a ajudar, fazendo a diferença sempre, em especial à Márcia e à Karina.

Ao Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro pela orientação e oportunidade de desenvolver este trabalho, e por tudo que fez por mim.

Ao Prof. Dr. João Carlos de Oliveira pela co-orientação e sendo sempre um exemplo de ser humano para todos que tem o prazer de conviver com ele.

A todos os Funcionários do Departamento de Fitotecnia pela ajuda amizade e companheirismo, em especial ao Geraldo, Rubens Libório, Mauro Osmar, Gabi, Sebastião, Seu Luiz, Monica, Mariangela e Marisinha.

Aos membros da banca examinadora por suas valiosas contribuições.

Aos meus cunhados Bino, Thales e Maísa e meu sobrinho Marcelinho e sobrinha Ana Claudia pelos momentos felizes em que estivemos juntos.

À minha sogra, sogro, Marli e Reginaldo pelo apoio incondicional em todas as horas em precisamos.

Aos meus Tios e Tias em especial ao Tio Zé e a Tia Nina que me apóiam há muito tempo.

A todos os colegas e amigos do Departamento de Produção Vegetal, especialmente Melina, Dani Sarti, Michele a mais nova mamãe, Ivana, Marcelo, Gustavo e Franco (os Barriga) pelo convívio de trabalho e amizade, especialmente o Nabu que sempre esteve me ajudando em todos os momentos.

E a todos os amigos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho, mesmo estando distante sei que estavam torcendo por mim.

**OBRIGADO!**

## SUMÁRIO

RESUMO .....	iii
SUMMARY .....	iv
CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS .....	1
1. INTRODUÇÃO .....	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1. Importância econômica da soja .....	3
2.2. Nematóide de cisto da soja.....	4
2.3. Melhoramento genético vegetal .....	7
2.3.1. Melhoramento genético da soja.....	7
2.4. Variabilidade genética.....	9
2.5. Métodos de melhoramento .....	9
2.5.1. Hibridação.....	9
2.6. Método de condução da população segregante .....	10
2.6.1. Método genealógico.....	10
3. REFERÊNCIAS.....	13
CAPÍTULO 2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS VISANDO SELEÇÃO EM GENÓTIPOS DE SOJA COM PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DE CISTO RAÇA 3 .....	19
RESUMO .....	19
ABSTRACT .....	19
1. INTRODUÇÃO .....	20
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	21
2.1. Instalação e condução do experimento.....	21
2.2. Caracteres avaliados .....	23
2.3. Análises estatísticas.....	23
2.4. Herdabilidade.....	25
2.5. Ganho esperado com a seleção .....	26

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	27
4. REFERÊNCIAS.....	36
CAPÍTULO 3. CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM POPULAÇÕES DE SOJA COM PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DO CISTO RAÇA 3. ....	38
RESUMO .....	38
ABSTRACT .....	38
1. INTRODUÇÃO .....	39
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	41
2.1. Instalação e condução do experimento.....	41
2.2. Caracteres avaliados .....	42
2.3. Análises estatísticas.....	43
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	44
4. CONCLUSÕES .....	50
5. REFERÊNCIAS.....	50

## ANÁLISES GENÉTICAS DE POPULAÇÕES DE SOJA COM PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DE CISTO RAÇA 3

**RESUMO** - Dentro de um programa de melhoramento é de suma importância o conhecimento da variabilidade, especialmente do quanto esta variabilidade é devido à diferença genética ou ambiental, pois permite conhecer o potencial da população para a seleção. O presente trabalho teve o objetivo de selecionar genótipos de soja através da estimativa de parâmetros genéticos como herdabilidade, ganhos com a seleção e análise de trilha em cinco cruzamentos biparentais de soja. As populações F<sub>6</sub> de soja foram avaliadas na safra 2006/07 sendo o ensaio conduzido no esquema de famílias com testemunhas intercalares. A população Liderança X BRS 137 apresentou maiores valores de herdabilidade e se apresentou como a mais promissora em relação ao caráter produtividade de grãos. Concluiu-se que a seleção entre famílias é mais promissora comparando-se com a seleção dentro de famílias. Em relação as estimativas de ganho genético foram observados maiores resultados na seleção entre e dentro de famílias em comparação com a seleção massal. A decomposição das correlações fenotípicas por meio da análise de trilha evidenciou que houve diferenças entre as populações para a escolha de características a serem utilizadas na seleção indireta, e em geral, as que tiveram maior potencial foram número de vagens por planta, número de sementes por planta, número de nós e valor agronômico.

**Palavras-Chave:** *Glycine max* (L.) Merrill, melhoramento genético, análise de trilha, herdabilidade.

## GENETICS ANALYSIS OF SOYBEAN POPULATIONS WITH CYST NEMATODE RACE 3 RESISTANT PARENTS

**SUMMARY** – In a breeding program is very important the knowledge of the variability, especially as this variability is due to genetic or environmental differences, it allows to know the potential of population for the selection. The present work had the objective to select soybean genotypes through the estimate of genetic parameters as heritability, selection gains and path analysis in five biparents crosses. The soybean F<sub>6</sub> populations had been evaluated in 2006/07, being conducted on the scheme of families inserted between of the checks. The population Liderança X BRS 137 presented greater values of heritability and presented as the most promising in relation to the yield. It was concluded that the selection between families is more promising comparing itself with the selection inside of families. In relation to the estimates of gains selection, it was observed higher results in the selection between and within families compared with mass selection. The decomposition of the phenotypic correlation analysis in path analysis showed that there were differences among the populations for the choice of characteristics to be used in the indirect selection, in general, which have greater potential were number of pods per plant, number of seeds per plant, number of us and agronomic value.

**Keywords:** *Glycine max* (L.) Merrill, crop breeding, path analysis, heritability.

## **CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS**

### **1. INTRODUÇÃO**

A soja é uma espécie originária da Ásia, e vem sendo cultivada há centenas de anos. Graças as suas características nutritivas e industriais e à sua adaptabilidade a diferentes latitudes, solos e condições climáticas, o cultivo se expandiu por todo o mundo, constituindo-se na principal leguminosa cultivada atualmente (MARTINS, 2006).

A produção mundial de soja prevista para o ano agrícola 2008/09 é de cerca de 224,1 milhões de toneladas, sendo que os Estados Unidos deve produzir 80,5 milhões de toneladas segundo o relatório do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), mantendo-se como o maior produtor mundial, seguido do Brasil com produção estimada em 57,8 milhões de toneladas (CONAB, 2009).

O crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira, sempre estiveram associados aos avanços científicos e à disponibilização de tecnologias ao setor produtivo. Estima-se que metade do incremento da produtividade das principais espécies agronômicas nos últimos cinquenta anos seja atribuída ao melhoramento genético de plantas (BORÉM e MIRANDA, 2005).

O melhoramento genético da soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares. Os programas de melhoramento são assentados em objetivos gerais e específicos e visam a solução das limitações reais ou potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da soja. As hibridações são realizadas para desenvolver germoplasma com variabilidade genética e as populações segregantes são conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, para permitir a seleção e a avaliação de genótipos com as características agronômicas desejadas nas novas cultivares (ALMEIDA et al., 1999).

O desenvolvimento de novas cultivares tem sido uma das tecnologias que mais têm contribuído para os aumentos de produtividade e estabilidade de produção, sem custos adicionais ao agricultor. Uma cultivar de soja deve ter alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes

existentes na região onde é recomendada. A resistência genética às principais doenças e pragas e a tolerância aos fatores limitantes edafo-climáticos são garantias de estabilidade de produção e de retorno econômico que podem ser ofertadas com o uso de semente de cultivares melhoradas (ALMEIDA et al., 1999).

Dentro de um programa de melhoramento é de suma importância o conhecimento da variabilidade, especialmente do quanto esta variabilidade é devido à diferença genética ou ambiental, pois permite conhecer o potencial da população para a seleção (RAMALHO et al., 2004). De acordo com os mesmos autores, alguns parâmetros genéticos têm maior utilidade para os melhoristas destacando-se a herdabilidade e o ganho genético. A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, e o ganho genético torna possível prever o sucesso do esquema de seleção adotado e determina de forma científica quais as técnicas que podem ser mais eficazes.

Existem várias maneiras para se estimar o coeficiente de herdabilidade de uma determinada população, dentre eles o método de componentes de variância. Este método permite ao melhorista a utilização dos dados normalmente disponíveis em um programa de melhoramento, como os dados das progênies de um cruzamento, que se encontram em avanços de geração, para a estimação dos componentes de variância (BORÉM e MIRANDA, 2005).

O conhecimento do grau dessa associação, por meio de estudos de correlações, possibilita identificar caracteres que podem ser usados como critérios de seleção indireta para produtividade. Os coeficientes de correlação são muito úteis para quantificar o tamanho e direção de caráter associativo, porém pode ser enganoso, se a elevada correlação entre duas características for consequência do efeito indireto de outras características (DEWEY & LU, 1959).

Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram:

- A seleção posterior de genótipos com atributos agronômicos desejáveis;

- Estimativa dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, com posterior obtenção dos valores para os ganhos de seleção esperados.
- Desdobrar as correlações genóticas em efeitos diretos e indiretos dos caracteres sobre a produção de grãos através da análise de trilha nos cinco cruzamentos.
- Comparar os resultados encontrados nas diferentes avaliações para cinco cruzamentos, na análise de trilha.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Importância econômica da soja**

A soja é uma das principais espécies graníferas e a mais importante oleaginosa cultivada em escala mundial. No Brasil é a cultura agrícola com maior extensão de área plantada, sendo que na safra 2008/09, foram cultivados 21,25 milhões hectares (CONAB, 2009).

Sendo o principal produto agrícola do Brasil em área plantada, a soja é cultivada em 20 estados na região Centro-Oeste, liderada por Mato Grosso, o maior produtor nacional, é responsável por quase metade da colheita do grão. Em seguida vem a região sul, que teve sua participação no total nacional reduzida de 90%, há 30 anos, para 34%, atualmente. O nordeste começa também a se destacar na cultura e já representa 7% da produção brasileira (ANUÁRIO EXAME, 2008).

Um fato notável é que os índices de produtividade vêm crescendo a um ritmo mais acelerado do que o aumento da área plantada. Em 1990, os produtores brasileiros colhiam em média 1700 quilos de soja por hectare, em 2006 a média atingiu 2400 quilos por hectare, 40% a mais (ANUÁRIO EXAME, 2008).

Atualmente, o país se destaca no cenário mundial como o segundo maior produtor e exportador de soja, sendo responsável por 38% do comércio global, sendo superado apenas pelos Estados Unidos (UNFRIED, 2007).

A produção nacional de soja na safra 2008/09 foi estimada em 57,8 milhões de toneladas, inferior à safra anterior em 3,8%. Tal fato se deve às estiagens ocorridas na Região Sul, sobretudo no Paraná e Rio Grande do Sul, e na Região Centro Oeste, principalmente no Estado do Mato Grosso do Sul, que contribuíram para a redução da produtividade média do país, afetando, sobremaneira, a produção nacional (CONAB, 2009).

Além da sua importância em valores econômicos, a soja apresenta-se como um grão com valiosas características nutricionais para humanos e animais. Devido a sua composição, a soja pode ser utilizada em vários produtos industriais e como matéria-prima para agroindústrias. Os grãos de soja podem ser processados, gerando inicialmente o óleo, o farelo e a farinha (CONAB, 2009).

O farelo é o principal subproduto da soja, considerando-se que o resultado do processamento gera cerca de 78% de farelo protéico e 20% de óleo. Na safra 2007/08 foram industrializados 31,5 milhões de toneladas de soja. Sendo que o montante resultou em 24,1 milhões de toneladas de farelo e 6 milhões de toneladas de óleo (ANUÁRIO BRASILEIRO DE SOJA, 2008).

Os benefícios da produção de soja para a economia brasileira são indiscutíveis. A cultura deve ser encarada como uma cadeia que movimenta a indústria, o comércio e vários serviços. Restringir as análises somente ao campo é ignorar a importância social da cultura. O complexo soja representa 12% do Produto Interno Bruto (PIB). Em 2008, U\$11,5 milhões foram exportados (ANUÁRIO BRASILEIRO DE SOJA, 2008).

## **2.2. Nematóide de cisto da soja**

O nematóide de cisto (*Heterodera glycines* Ichinohe) é atualmente, um dos principais patógenos da soja. Este nematóide pode ser encontrado em todo o mundo, provocando grandes perdas econômicas (DIAS et al., 2007).

Foi constatado nos Estados Unidos em 1954, segundo RIGGS & WRATHER (1992), e, mesmo com as medidas sanitárias rigorosas, disseminou-se pelas principais regiões produtoras do país.

No Brasil sua presença se deu pela primeira vez na safra 1991/92 nos municípios de Nova Ponte – MG, Campo Verde – MT e Chapadão do Sul – MS (LIMA et al., 1992; LORDELLO et al., 1992; MONTEIRO & MORAIS, 1992), e desde então vem se expandindo muito rapidamente por todo o território. Sua disseminação ocorre através da intensa movimentação de máquinas, implementos agrícolas e veículos que carregam solo contaminado; além do vento, enxurrada, animais e sementes mal beneficiadas, com vestígios de partículas de solo (SILVA et al., 1998).

O *H. glycines* é um parasita muito pequeno que penetra nas raízes da soja e dificulta a absorção de água e nutrientes, conseqüentemente, surgem reboleiras na lavoura de plantas cloróticas, com redução do porte e número de vagens, ocasionando produção não satisfatória e em muitos casos as plantas acabam morrendo (EMBRAPA, 1999).

O sistema radicular fica reduzido e infestado por minúsculas fêmeas do nematóide em formato de limão ligeiramente alongado. Inicialmente de coloração branca, a fêmea posteriormente adquire a coloração amarela. Após ser fertilizada pelo macho, cada fêmea produz de 100 a 250 ovos armazenando a maior parte deles em seu corpo. Quando a fêmea morre seu corpo se transforma em uma estrutura dura denominada cisto, de coloração marrom escura, cheia de ovos, altamente resistentes à deterioração e à dessecação e muito leve que se desprende da raiz e fica no solo (EMBRAPA, 2006)

As espécies desse gênero se caracterizam pela formação de cistos, nos quais encerram seus ovos. Esses cistos são altamente resistentes às condições adversas, permitindo sua dispersão com facilidade (ALMEIDA et al., 1997). O cisto pode sobreviver no solo, na ausência de planta hospedeira, por mais de oito anos, assim, é praticamente impossível eliminar o nematóide nas áreas onde ele ocorre (EMBRAPA, 1999).

O número de hospedeiros é limitado, destacando-se a soja, o feijão, a ervilha e o tremoço. A maioria das espécies cultivadas como o milho, algodão, girassol, arroz, cana-de-açúcar e trigo são resistentes. E ainda, o patógeno não se reproduz nas plantas daninhas mais comuns nas lavouras de soja do Brasil (EMBRAPA, 1999).

O ciclo de vida é muito influenciado pela temperatura, sendo que entre 23 e 25°C, o ciclo varia de 21 a 25 dias (RIGGS & WRATHER, 1992; TIHOHOD, 1993), o que possibilita até seis gerações num ciclo de cultivares tardias, aumentando consideravelmente a população.

A fecundação cruzada desta espécie é a razão da sua elevada variabilidade genética, determinando a existência de raças (RIGGS & WRATHER, 1992; TIHOHOD, 1993). No Brasil, a raça 3 é predominante, embora já tenham sido identificadas as raças 1, 2, 4, 5, 6, 9, 10 e 14 (NOEL et al., 1994; WAIN & SILVA, 1996); além das raças 4<sup>+</sup>, 9<sup>+</sup> e 14<sup>+</sup> capazes de quebrar a resistência da cultivar Hartwig, até então resistente a todas as raças (EMBRAPA, 1999; ALBDELNOOR et al., 2001).

O nematóide de cisto tem alta capacidade de sobrevivência e é facilmente disseminado, tornando difícil seu controle. A rotação de culturas e o uso de variedades resistentes são os principais métodos de controle, embora este último não pode ser utilizado por longos períodos devido à alta variabilidade genética do nematóide (DIAS et al., 2007).

O planejamento da rotação de culturas é relativamente simples pelo fato do número de hospedeiros ser limitado. A presença de plantas não hospedeiras evita a multiplicação do patógeno permitindo a queda da densidade populacional pela degradação dos cistos e ovos do nematóide, por organismos do solo (SILVA et al., 1998). Recomenda-se também a semeadura direta que dificulta a dispersão dos cistos, em função da redução da movimentação de máquinas e, principalmente, de solo, além de diminuir a dispersão pelo vento (ALMEIDA et al., 1997).

Estima-se que mais de dois milhões de hectares estão infestados, ocasionando perdas de produção anual estimada de cerca de 70 milhões de dólares (SILVA & GARCIA, 2004). Entretanto, existem muitas propriedades que ainda estão isentas do patógeno, mesmo em regiões consideradas infestadas, portanto a principal estratégia de controle é a prevenção aliada ao uso de cultivares resistentes. Sendo assim, muitos melhoristas vêm se dedicando à obtenção de cultivares resistentes para as áreas infestadas, de modo que os primeiros resultados práticos no Brasil foram os

lançamentos das cultivares Renascença e Liderança, resistentes à raça 3 (EMBRAPA, 2005).

### **2.3. Melhoramento genético vegetal**

O progresso no melhoramento de plantas é dependente da habilidade em selecionar genótipos superiores, dentro de progênies homozigotas e heterozigotas oriundas de cruzamentos entre parentais divergentes. As populações de melhoramento são de tamanho finito e diferentes processos seletivos são adotados para que o genótipo superior seja obtido (FEHR, 1993).

Uma vez lançado no mercado como cultivar, este genótipo, devido à sua alta concentração de alelos favoráveis pode ser utilizado como parental em programa de melhoramento. Esta prática tem influência direta na estrutura genética das populações em melhoramento, pois, aumenta o coeficiente de endogamia e reduz a base genética dos programas de melhoramento. Diante disso, aumenta-se a probabilidade de se atingir platôs de produtividade e vulnerabilidade genética a estresses bióticos e abióticos (HOISINGTON et al., 1999).

Contribuem para alta estabilidade de uma cultivar, a introdução de resistência a doenças, nematóides e insetos, assim como o conhecimento e a seleção de genótipos com características agronômicas desejáveis (KIIHL & ALMEIDA, 2000).

Grande parte dos programas de melhoramento envolvem cinco etapas principais: escolha dos parentais, cruzamentos entre os mesmos e obtenção de genótipos segregantes, avanço das gerações iniciais através de autofecundações, teste de desempenho agrônômico e seleção das linhagens experimentais (MUNIZ, 2007).

#### **2.3.1. Melhoramento genético da soja**

A cultura da soja tem alcançado a cada ano, índices de produção cada vez mais elevados, decorrentes da inserção constante de tecnologia que ignora as questões de

solo e climas. Atualmente a soja é cultivada em praticamente todo o território nacional, sendo o principal produto agrícola do país (MORCELI et al., 2008).

Grande parte deste sucesso deve-se à pesquisa com melhoramento genético. Estimativas de ganho genético de produtividade indicam que até a década de 90 o ganho genético médio para produtividade da soja no Brasil foi algo próximo de 0,9% ao ano. Sem dúvida, além de melhorar o potencial genético produtivo per se, outras duas grandes contribuições do melhoramento genético da soja no Brasil podem ser destacadas. A primeira foi a adaptação da soja às baixas latitudes através da introdução de genes para “período juvenil longo” no germoplasma brasileiro. A segunda, dando sustentação à primeira, foram os diversos trabalhos em melhoramento para resistência genética às doenças mais expressivas da cultura (KIIHL & CALVO, 2006).

As estratégias de melhoramento, entretanto, não foram acompanhadas de avaliações sobre aumento ou da redução da diversidade genética da soja cultivada. Estimativas sobre a variabilidade genética da cultura têm destacado que o germoplasma brasileiro provém de base genética restrita, tendo se originado de poucas linhagens ancestrais (PRIOLLI et al., 2004).

No Brasil, BONETTI (1983) estimou que cerca de 70% das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, na década de 60, descendiam das cultivares americanas Hill, Hood ou ambas. HIROMOTO & VELLO (1986), utilizando coeficiente de parentesco de Malécot, determinaram a base genética do germoplasma da soja e relataram que 100% do conjunto gênico de soja existente no Brasil na época eram originários de apenas 26 ancestrais, tendo 11 linhagens asiáticas ancestrais, contribuindo com mais de 90%. Quatro ancestrais com maior contribuição para o germoplasma brasileiro são os mesmos que dão maior contribuição para o germoplasma do sul dos Estados Unidos, evidenciando que, possivelmente, as cultivares brasileiras foram desenvolvidas com a utilização de genótipos oriundos daquela região.

Dessa maneira, há a necessidade de aumentar a base genética dos cultivares brasileiros, para evitar o perigo da vulnerabilidade do germoplasma e o estabelecimento de patamares baixos na produção de grãos (MORCELI et al., 2008).

Algumas estratégias são particularmente importantes para maximizar a variabilidade genética, especialmente em culturas com base genética estreita.

## **2.4. Variabilidade genética**

Diversos programas de melhoramento genético de plantas têm contribuído para o desenvolvimento de cultivares de alto rendimento e adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do País. A importância do conhecimento da variabilidade genética nos programas de melhoramento permite expressar o potencial da população, para a seleção (RAMALHO et al., 2004).

Para os melhoristas, interessa a obtenção de grande variabilidade genética nas plantas para a imposição de processos seletivos que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos (BERNARDO, 2002), suas técnicas devem ser direcionadas para o desenvolvimento de materiais genéticos superiores (CRUZ, 2005).

No melhoramento existem várias técnicas para direcionar a obtenção de linhagens com caracteres agrônômicos superiores, mais adaptadas e com resistências às principais pragas e doenças da cultura. Dentre estas, os métodos de melhoramento empregados na formação, condução e seleção dos materiais são de suma importância para o sucesso do programa.

## **2.5. Métodos de melhoramento**

### **2.5.1. Hibridação**

No melhoramento genético da soja normalmente estão envolvidas várias fases, desde o desenvolvimento das populações, processos de seleção e avaliações das linhagens (ALMEIDA & KIIHL, 1998).

Em uma primeira fase, são desenvolvidas as populações segregantes, através de hibridação artificial, para atender aos objetivos gerais e específicos dos programas de melhoramento. Em seguida, essas populações são conduzidas por várias gerações

até que se obtenha um certo grau de homozigose genética (uniformidade). Em outra fase, a partir de populações em gerações mais avançadas, são selecionadas plantas para o estabelecimento de testes de progênies e seleção de linhagens possuindo características agronômicas desejáveis (ALMEIDA et al., 1999).

A hibridação é um dos métodos de melhoramento genético mais importantes para o desenvolvimento de novas variedades, uma vez que de cruzamentos de parentais geneticamente distintos são desenvolvidas populações com variabilidade genética, para aplicação de métodos apropriados de avaliação e seleção de características superiores (BORÉM, et al., 1999).

Na cultura de soja, a hibridação é feita manualmente, usando uma pinça para emasculiar a flor que será polinizada (feminina) e depositar o pólen no estigma dessa flor. Embora seja um procedimento simples, requer habilidade no manuseio para evitar danos as pequenas e frágeis estruturas florais. As principais causas de insucesso da hibridação são o uso de botões florais muito imaturos, danos ao aparelho reprodutor feminino e polinização inadequada. Os materiais utilizados para executar a hibridização são: um par de pinças (de relógio), etiquetas plásticas para identificação, frascos para armazenar as flores e uma lupa (10x) (BORÉM et al., 1999).

A hibridação deve ser utilizada quando o objetivo do programa de melhoramento é reunir em um único indivíduo (linhagem) os alelos desejáveis que se encontram em linhagens distintas (FEHR, 1987; RAMALHO et al., 2004).

Para a aplicação deste método existem três etapas fundamentais: a escolha dos genitores a serem cruzados; a obtenção da população segregante; e a escolha do método da população segregante (NASS et al., 2001).

## **2.6. Método de condução da população segregante**

### **2.6.1. Método genealógico**

Os métodos de melhoramento mais utilizados no avanço de gerações das populações segregantes são: genealógico (pedigree), população (bulk), genealógico

modificado (SSD - single seed descent) e retrocruzamento simples (ALMEIDA et al, 1999).

Inicialmente proposto por Hjalman Nilsson o método genealógico, também descrito como método pedigree, foi descrito por ALLARD (1971), como a seleção individual de plantas com teste de progênie. Metodologia que deu origem ao método genealógico convencional.

Este método tem sido utilizado com êxito para melhorar a produção de grãos e outras características agrônômicas. No entanto, é um método muito trabalhoso por requerer o controle genealógico das progênies dentro de famílias em cada avanço de geração. Consiste na seleção de plantas na geração F<sub>2</sub>, nas melhores progênies F<sub>3</sub> e nas melhores progênies das famílias selecionadas a partir da geração F<sub>4</sub>. Ao se atingir uniformidade genética (homozigose) para as características desejadas, que ocorre geralmente a partir da geração F<sub>5</sub>, são extraídas linhagens (ALMEIDA et al, 1999).

Uma das principais características, segundo BORÉM (1997), é o registro da genealogia de cada linha, que permite estabelecer o grau parentesco entre as linhas selecionadas. O registro inicia-se com a numeração de cada planta F<sub>2</sub> selecionada. Cada seleção individual dentro de uma progênie F<sub>2-3</sub> recebe um número que é condicionado à designação daquela progênie. Este procedimento é repetido durante as gerações seguintes até a geração anterior à do ensaio preliminar de rendimento (EPL).

Este método consiste na seleção de plantas promissoras nas gerações segregantes a partir da geração F<sub>2</sub>, mantendo-se anotações minuciosas da genealogia das progênies de cada planta selecionada até atingir a uniformidade genética expressada fenotipicamente. É um método que exige maior cuidado com anotações e maior área de cultivo, mas é muito eficiente nas seleções de genótipos superiores para os caracteres de alta herdabilidade ou altas correlações e também para estudos científicos (BORÉM, 1998).

O planejamento de um programa genealógico consiste em considerar a variedade a ser produzida como substituta de alguma variedade que já vem sendo cultivada. A nova variedade não pode ser muito inferior em produtividade, adaptação ou

aceitabilidade em relação à variedade a ser substituída. Por esta razão, quase que sem exceção, um dos pais é escolhido em função do seu comportamento comprovado nas áreas onde se pretende usar a nova variedade. O outro progenitor é, geralmente, escolhido porque complementa deficiências específicas do primeiro progenitor (ALLARD, 1971).

De acordo com o mesmo autor, o método genealógico possui vantagens e desvantagens. Sendo a principal vantagem, permitir ao melhorista exercitar a sua habilidade na seleção, em um grau mais elevado do que seria possível em quaisquer dos demais métodos usuais em espécies autógamas; portanto, dentre os vários procedimentos possíveis que o melhorista pode seguir após a hibridação, é esse o que traz mais satisfação. A principal desvantagem do método está na limitação imposta com relação à quantidade do material genético que um melhorista pode conduzir. Essas limitações podem ser reduzidas até certo ponto, iniciando-se diferentes cruzamentos em anos diferentes, escalonando-se, assim, os períodos em que ocorre o máximo de trabalho.

### 3. REFERÊNCIAS

ALBDENOR, R. V.; DIAS, W. P.; SILVA, J. F. V.; MARIN, S. R. R.; KIIHL, R. A. S. Caracterização molecular de populações do nematóide de cisto da soja com diferentes índices de parasitismo na cultivar Hartwig. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.36, n.2, p.331-337, 2001.

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo, Edgar Blücher, 1971. p. 381.

ALMEIDA, A. M. R.; FERREIRA, L. P.; YORINORI, J. T.; SILVA, J. F. V.; HENNING, A. A. Doenças da Soja. In: Kimati, H.; Amorim, L.; Bergamin Filho, A.; Camargo, L. E. A.; Rezende, J. A. M. **Manual de Fitopatologia: Doenças das plantas cultivadas**, 3. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 1997. v. 2, p. 642-664.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. **Melhoramento da soja no Brasil - desafios e perspectivas**. In: Soja: Tecnologia da Produção. Gil. M. S. Câmara (ed.). Piracicaba, SP, USP-ESALQ, 1998. p.40-54.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, J. G. A. Melhoramento da soja para regiões de baixa latitudes. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**, 1999.

ANUÁRIO BRASILEIRO DE SOJA 2007. Disponível em: <http://www.anuarios.com.br/upload/publicacaoCapitulo/pdfpt/pdf294.pdf> Acessado em 23 de junho de 2009.

ANUÁRIO EXAME **Agronegócio 2008-2009**, junho 2008. Editora Abril, 170f. 2008.

BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. Woodbury: **Stemma Press**, 2002, 360p.

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: Fundação Cargill. **Soja e melhoramento**, v.2, p. 741-800, 1983.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Editora UFV - Universidade Federal de Viçosa 1997. p. 547.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa, MG: Editora UFV – Universidade Federal de Viçosa. 2 ed., 1998. p. 453.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. **Hibridação em soja**. In: BORÉM, A. **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. p. 443 – 462.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005, p. 525.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, sétimo levantamento**. Conab, Brasília, 2009. 39p.

CRUZ, C. D. **Principios de genetica quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005, 394 p.

DEWEY, D.R.; LU, K.H. A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. **Agronomy Journal**, v. 51, n. 9, p. 515-518, 1959.

DIAS W. P.; SILVA J. F. V.; GARCIA A.P.; CARNEIRO G. E. S. Nematóides de importância para a cultura da soja no Brasil. In: **Boletim de Pesquisa da Soja** 2007, Rondonópolis. Fundação MT (Org.), 2007, p. 173-183.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Recomendações técnicas para a cultura da soja na região central do Brasil 1999/2000**. Londrina, PR: EMBRAPA-CNPSo, 1999. 226 p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja. **Tecnologia de produção de soja região central do Brasil**. Londrina, PR: EMBRAPA-CNPSo, 2005. 239 p.

FEHR, W.R. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. 536p.

FEHR, W. R. **Principles of Cultivar Development**. 3<sup>a</sup> ed. v.1 Ames: Macmillan Publishing Company, 1993. 527p.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean (*Glycine Max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v. 9, p. 295-306, 1986.

HOISINGTON, D.; KHAIRALLAH, M.; REEVES, T.; RIBAUT, J. M.; SKOVMAND, B.; TABA, S.; WARBURTON, M. Plant genetic resources: What can they contribute toward increased crop productivity? **Proc. Natl. Acad. Sci.**, vol.96, p.5937-5943, 1999.

KIIHL, R. A. S., & ALMEIDA, L. A. O futuro do melhoramento genético como agregador de tecnologia via semente. In: **TECNOLOGIA E COMPETITIVIDADE DA SOJA NO MERCADO GLOBAL**, 2000, Cuiabá. **Anais...** Cuiabá: Fundação Mato Grosso, p. 45 – 47. 2000.

KIIHL, R. A. S.; CALVO, E. S. A epopéia da soja no Brasil. In: **International Workshop on Tropical Agriculture Development**, 2006, Brasília. **Anais...**

LIMA, R. D.; FERRAZ, S.; SANTOS, J. M. Ocorrência de *Heterodera* sp. no triângulo mineiro. In: Congresso Brasileiro de Nematologia, 1992, Lavras. **Resumos...** Lavras - ESAL, 1992, não paginada.

LORDELLO, A. I.; LORDELLO, R. R. A.; QUAGGIO, J. A. *Heterodera* sp. reduz produção de soja no Brasil. In: Congresso Brasileiro de Nematologia, 1992, Lavras. **Resumos...** Lavras - ESAL, 1992, não paginada.

MARTINS, J. A. S. **Caracteres epidemiológicos e uso da análise de agrupamento para a resistência parcial à ferrugem da soja**. 2006. 53p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.

MONTEIRO, A. R.; MORAIS, S. R. A. C. Ocorrência do nematóide do cisto da soja, *Heterodera glycines Ichinohe* 1952, prejudicando a cultura da soja no Mato Grosso do Sul. In: Congresso Brasileiro de Nematologia, 1992, Lavras. **Resumos...** Lavras - ESAL, 1992. não paginada.

MORCELI JUNIOR, A. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide do cisto. **Revista Ceres**, v.55, n.3, p. 153-159, 2008.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007. 86p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, UNESP-FCAV, Jaboticabal.

NASS, L. L., VALOIS, A. C. C., MELO, I. S., VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis, MT: Fundação de apoio à pesquisa do Mato Grosso – Fundação MT, 2001.1183p.

NOEL, G.; MENDES, M.L.; MACHADO, C.C. Distribution of *Heterodera glycines* races in Brazil. **Nematropica**, v. 24, n. 1, p. 63-68,1994.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JÚNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. Editora UFLA, Lavras, 2004. 472p.

RIGGS, R.D.; WRATHER, J.A. **Biology and Management of the soybean cyst nematode**. St. Paul: APS Press, 1992.

SILVA, J. F. V.; GARCIA, A.; DIAS, W. P.; SILVA, E. A. Nematóides da cultura da soja. In: CÂMARA, G. M. S. **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba, SP: Publique, 1998. p. 193-202.

SILVA, J. F. V.; GARCIA, A. (2004) Nematóide de cisto da soja: Situação atual e perspectivas. In: **I Encontro Regional sobre nematóide de Cisto da Soja 2004**, Dourados MS. EMBRAPA-CPAO/SEIVA, 2004, p. 13-18.

TIHOHOD, D. **Nematologia Agrícola Aplicada**. Jaboticabal: FUNEP, 1993. 372p.

UNFRIED, J. R. **Estratégias para a seleção de linhagens experimentais de soja para a tolerância à ferrugem asiática e associações com outras doenças**. 2007. 220p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba.

WAIN, A.; SILVA, J.F. Survey of *Heterodera glycines* races in Brazil. In: International Nematology Congress, Gosier-Guadalupe, 1996. **Trabalhos apresentados...** Gosier, Guadalupe, 1996. p. 150.

## CAPÍTULO 2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS VISANDO SELEÇÃO EM GENÓTIPOS DE SOJA COM PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DE CISTO RAÇA 3

### RESUMO

A estimativa de parâmetros genéticos é importante para que se possa direcionar o programa de melhoramento em relação ao processo de seleção dos genótipos mais promissores. O objetivo deste trabalho foi estimar os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito entre e dentro de famílias segregantes, herdabilidade restrita total e ganhos esperados com a seleção. As famílias são oriundas de populações  $F_6$  com fonte de resistência ao nematóide de cisto (raça 3). O experimento foi conduzido no esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo que foram avaliadas características primárias e secundárias da produção. As estimativas de ganho genético foram maiores na seleção entre e dentro de famílias em comparação com a seleção massal. De maneira geral, os coeficientes de herdabilidade foram maiores na seleção entre famílias que dentro de famílias, indicando seleção mais efetiva nessa situação.

**Palavras-chave:** *Glycine max* (L.) Merrill, *Heterodera glycines*, herdabilidade, melhoramento genético vegetal.

### ABSTRACT

The estimation of genetic parameters is important to direct the breeding program in the selection of the most promising genotypes. The aim of this work was to estimate the heritabilities in broad sense, narrow sense and among and within segregant families and gains expected from selection. The soybean populations evaluated were in  $F_6$  generation carrying resistance to cyst nematode (race 3). The experiment was conducted using the family design with intercalated checks, which were evaluated primary and secondary characteristics of production. Estimates of genetic gain were

larger in the selection between and within families compared with mass selection. The herdability coefficients were highest for selections among families than selection within families, indicating effective selection in this situation.

**Key words:** *Glycine max* (L.) Merrill, *Heterodera glycines*, herdability, crop breeding.

## 1. INTRODUÇÃO

A soja é uma espécie originária da Ásia, e vem sendo cultivada há centenas de anos. Graças as suas características nutritivas e industriais e à sua adaptabilidade a diferentes latitudes, solos e condições climáticas, o cultivo se expandiu por todo o mundo, constituindo-se na principal leguminosa cultivada atualmente (MARTINS, 2006).

A produção mundial de soja prevista para o ano agrícola 2008/09 é de cerca de 224,1 milhões de toneladas, sendo que os Estados Unidos deve produzir 80,5 milhões de toneladas segundo o relatório do Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA), mantendo-se como o maior produtor mundial, seguido do Brasil com uma produção estimada em 58,1 milhões de toneladas (CONAB, 2009).

O crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira, sempre estiveram associados aos avanços científicos e à disponibilização de tecnologias ao setor produtivo. Estima-se que metade do incremento da produtividade das principais espécies agrônômicas nos últimos cinquenta anos seja atribuída ao melhoramento genético de plantas (BORÉM & MIRANDA, 2009).

O desenvolvimento de novas cultivares de soja tem sido uma das tecnologias que mais têm contribuído para os aumentos de produtividade e estabilidade de produção, sem custos adicionais ao agricultor. Uma cultivar de soja deve ter alta produtividade, estabilidade de produção e ampla adaptabilidade aos mais variados ambientes existentes na região onde é recomendada (PEREIRA et al. 2009). A resistência genética às principais doenças e pragas e a tolerância aos fatores limitantes edafo-climáticos são garantias de estabilidade de produção e de retorno econômico que podem ser ofertadas com o uso de semente de cultivares melhoradas.

Dentro de um programa de melhoramento é de suma importância o conhecimento da variabilidade, especialmente do quanto esta variabilidade é devido à diferença genética ou ambiental, pois permite conhecer o potencial da população para a seleção (RAMALHO et al. 2005). Alguns parâmetros genéticos têm maior utilidade para os melhoristas destacando-se a herdabilidade e o ganho genético. A herdabilidade permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada e o ganho genético torna possível prever o sucesso do esquema de seleção adotado e determinar, de forma científica, quais as técnicas que podem ser mais eficazes (RAMALHO et al. 2005, FARIA et al., 2007).

Existem várias maneiras para se estimar o coeficiente de herdabilidade de uma determinada população, dentre eles o método de componentes de variância. Este método permite ao melhorista a utilização dos dados normalmente disponíveis em um programa de melhoramento, como os dados das progênes de um cruzamento, que se encontram em avanços de geração, para a estimação dos componentes de variância (BORÉM & MIRANDA, 2009).

Neste contexto, os objetivos deste trabalho foram: a seleção de genótipos com atributos agronômicos desejáveis, estimativa dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, herdabilidade restrita total e obtenção dos valores para os ganhos de seleção esperados.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1. Instalação e condução do experimento**

O trabalho foi conduzido na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal, SP. Foram avaliadas 86 famílias de populações  $F_6$  oriundas de cinco cruzamentos biparentais, em que os pais eram contrastantes para reação de resistência ao nematóide de cisto - raça 3 (NCS) (Tabela 1). Na geração  $F_2$ , as melhores plantas

foram selecionadas e estas, foram avaliadas quanto à resistência ao NCS através da seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM) utilizando-se o marcador microssatélite Sat\_162.

**Tabela 1.** Relação dos cruzamentos contrastantes para reação de resistência ao nematóide de cisto (raça 3), com as respectivas genealogias e número de famílias (NF) na geração F<sub>6</sub>.

Cruzamentos	Genealogia (R x S)*	NF
1	MGBR 95-20937 x IAC Foscarin 31	11
2	MGBR 95-20937 x IAC-17	10
3	BRSMG Renascença x IAC-17	29
4	Liderança x BRS 137	15
5	Liderança x IAC Foscarin 31	21

\* R= resistente e S= suscetível.

Deste modo, somente as sementes F<sub>3</sub> colhidas das plantas F<sub>2</sub> resistentes foram semeadas no campo. As gerações posteriores também foram avaliadas por MORCELI et al., 2008, e conduzidas pelo método genealógico.

Na geração F<sub>5</sub> foi feita seleção simultânea para os caracteres: altura de planta na maturação (acima de 50 cm), valor agrônômico (nota acima de 3,0) e produtividade de grãos (valores acima da média populacional). As sementes F<sub>6</sub> obtidas dessas plantas F<sub>5</sub> selecionadas foram semeadas no campo na safra seguinte para serem estudadas no presente trabalho.

A distribuição do material experimental no campo seguiu o esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo que cada parcela foi constituída por uma linha com cinco metros de comprimento representada por uma família da população em estudo ou cultivar-padrão (testemunha), com espaçamento entrelinhas de 0,5 metros e

com densidade média de 20 a 25 plantas/m. Iniciando e terminando cada população foram distribuídos os cultivares-padrão, MGBR-46 (Conquista) e CD 216, também intercalados a cada dez linhas experimentais.

O delineamento utilizado foi o de famílias distribuídas ao acaso com testemunhas intercalares, este delineamento foi utilizado devido a pouca quantidade de semente e a falta de homogeneidade genética nas primeiras gerações de auto-fecundação, inviabilizando o uso de delineamentos estatísticos com repetições. Portanto, este sistema, é, na verdade, uma derivação do delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1956) onde as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns, e as famílias, aos tratamentos regulares.

## **2.2. Caracteres avaliados**

Foram selecionadas as plantas fenotipicamente superiores, avaliando-se os seguintes caracteres no estágio R8 de desenvolvimento da cultura: altura da planta na maturidade (APM), os valores utilizados como critério são: altura mínima de 50 cm e máxima em torno de 110 cm dependendo da nota de acamamento; altura de inserção da primeira vagem (AIV) foi adotada como altura mínima desejável 15 cm do solo a inserção da primeira vagem; número de vagens por planta (NVP), contagem de número de vagens no estágio R8 de desenvolvimento; número de sementes por planta (NSP), contagem de número de sementes no estágio R8 de desenvolvimento; número de nós (NN), contagem de número de nós produtivos no estágio R8 de desenvolvimento; acamamento (AC), neste caráter foram avaliadas as populações com notas de 1 a 5 sendo 1 para plantas totalmente eretas e 5 para plantas totalmente acamadas; valor agrônômico (VA), notas de 1 a 5, onde 1 plantas com avaliação fenotípica ruim e 5 valor agrônômico muito bom; produtividade de grãos (PG), pesagem total das sementes por planta em gramas.

## **2.3. Análises estatísticas**

O modelo estatístico considerado para a realização das análises de variância de cada caráter para cada progenitor (testemunha) e para a geração segregante foi:  $Y_{ij} = \mu + f_i + e_i + p_{ij} + \delta_{ij}$  em que:  $Y_{ij}$  = observação relativa à j-ésima planta da i-ésima família;  $\mu$  = média geral da geração (genitor ou família);  $f_i$  = efeito genético atribuído à i-ésima família (inexistente para os genitores), com  $i = 1, 2, \dots, F$ ;  $e_i$  = efeito ambiental entre fileiras (de um genitor ou de famílias);  $p_{ij}$  = efeito genético atribuído à j-ésima planta da i-ésima família (inexistente para os genitores), com  $i = 1, 2, \dots, F$  e  $j = 1, 2, \dots, P$ ; e  $\delta_{ij}$  : efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de um genitor ou de famílias).

A variância ambiental foi estimada com base na variação fenotípica entre repetições dos cultivares-padrão intercalados entre as famílias. Deste modo, a variação ambiental entre ( $\sigma_{Ee}^2$ ) e dentro ( $\sigma_{Ed}^2$ ) de famílias foi estimada respectivamente por:

$$\sigma_{Ee}^2 = \frac{(r_1 - 1)QMEp_1 + (r_2 - 2)QMEp_2}{r_1 + r_2 - 2}$$

$$\sigma_{Ed}^2 = \frac{(r_1 p - r_1)QMDp_1 + (r_2 p - r_2)QMDp_2}{p(r_1 + r_2) - r_1 - r_2}$$

As variâncias genotípicas entre ( $\sigma_{Ge}^2$ ) e dentro ( $\sigma_{Gd}^2$ ) de famílias foram estimadas por diferença, respectivamente, da seguinte forma:  $\sigma_{Ge}^2 = \sigma_{Fe}^2 - \sigma_{Ee}^2$  e  $\sigma_{Gd}^2 = \sigma_{Fd}^2 - \sigma_{Ed}^2$ .

A variância genotípica foi decomposta em variância aditiva ( $\sigma_A^2$ ) e variância de dominância ( $\sigma_D^2$ ), por intermédio das expressões de distribuição desta entre e dentro de famílias autofecundadas, citadas por FALCONER (1987):

$$\sigma_{Ge}^2 = 2Fn \sigma_A^2 + Fn(1 - Fn) \sigma_D^2 \text{ e } \sigma_{Gd}^2 = (1 - Fn) \sigma_A^2 + (1 - Fn) \sigma_D^2.$$

Conhecendo-se que o coeficiente de endogamia (Fn) na geração  $F_6$  é 93,75, conforme RAMALHO & VENCOSKY (1978) foi possível estimar a variância aditiva nestas populações e conseqüentemente as herdabilidades no sentido restrito.

Na Tabela 2 é apresentado o esquema das análises de variância realizadas, bem como os estimadores das variâncias relativas às fontes de variação de famílias

segregantes, sendo o estimador da variância fenotípica entre famílias ( $\sigma^2_{Fe}$ ), o QMEf, e o estimador da variância fenotípica dentro ( $\sigma^2_{Fd}$ ), o QMDf.

**Tabela 2.** Esquema de análise de variância para a população segregante ( $F_{t+1} = F_6$ ) e para os genitores 1 e 2.

Fontes de Variação	GL*	QM	E(QM)
Para famílias $F_{t+1}$			
Entre parcelas	f-1	QMEf	$\hat{\sigma}_{FDf}^2 + k_f \hat{\sigma}_{FEf}^2$
Dentro de parcelas	N-f	QMDf	$\hat{\sigma}_{FDf}^2$
-----			
Para o genitor 1			
Entre parcelas	$p_1-1$	QMEp1	$\hat{\sigma}_{FDp1}^2 + k_1 \hat{\sigma}_{FEp1}^2$
Dentro de parcelas	$N_1-p_1$	QMDp1	$\hat{\sigma}_{FDp1}^2$
-----			
Para o genitor 2			
Entre parcelas	$p_2-1$	QMEp2	$\hat{\sigma}_{FDp2}^2 + k_2 \hat{\sigma}_{FEp2}^2$
Dentro de parcelas	$N_2-p_2$	QMDp2	$\hat{\sigma}_{FDp2}^2$

## 2.4. Herdabilidade

As estimativas dos coeficientes de herdabilidade foram calculadas a partir do seguinte modelo:

Herdabilidade no sentido amplo:

- Entre famílias: 
$$h_{AE}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_{fe}^2}$$

- Dentro de famílias: 
$$h_{AD}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2}$$

Herdabilidade no sentido restrito:

$$\text{- Entre famílias: } h_{RE}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ae}^2}{\hat{\sigma}_{fe}^2} = \frac{2F\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{fe}^2}$$

$$\text{- Dentro de famílias: } h_{RD}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ad}^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2} = \frac{(1-F)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{fd}^2}$$

$$\text{- Total: } h_{Rt}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{at}^2}{\hat{\sigma}_{ft}^2} = \frac{(1+F)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{ft}^2}$$

Sendo, F = coeficiente de endogamia.

Para as estimativas dos coeficientes de herdabilidade, os dados originais das características VA e Ac foram transformados para  $\sqrt{x+0,5}$ , e para NVP, NSP e PG a transformação foi realizada para  $\sqrt{x}$ , para melhor adequação à curva de distribuição normal.

## 2.5. Ganho esperado com a seleção

Para as estimativas do ganho esperado com a seleção foram utilizados os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias e seleção massal.

Na seleção entre e dentro de famílias, espera-se obter ganhos em um único caráter, podendo ocorrer respostas em outros de importância secundária, os ganhos esperados com a seleção direta no caráter i podem ser estimados por:

$$GS_i = h_{REi}^2 DS_{Ei} + h_{RD_i}^2 DS_{Di}, \text{ em que:}$$

$GS_i$  = ganho esperado pela seleção direta no caráter i;

$h_{REi}^2$  = herdabilidade restrita entre famílias;

$DS_{Ei}$  = diferencial de seleção entre famílias, calculado pela diferença entre a média das famílias selecionadas e a média da população original;

$h_{RD_i}^2$  = herdabilidade restrita dentro de famílias; e

$DS_{Di}$  = diferencial de seleção dentro de famílias, calculado pela diferença entre a média das progênes selecionadas dentro de cada família selecionada e a média original da família.

O ganho indireto no caráter  $j$ , pela seleção no caráter  $i$   $GS_{j(i)}$ , é dado por:

$$GS_{j(i)} = h^2_{REj} DS_{Ej(i)} + h^2_{RDj} DS_{Dj(i)}, \text{ em que:}$$

$h^2_{REj}$  = herdabilidade restrita entre famílias para o caráter  $j$ ;

$h^2_{RDj}$  = herdabilidade restrita dentro de famílias para o caráter  $j$ ; e

$DS_{j(i)}$  = diferencial de seleção indireto, obtido em função da média do caráter  $j$  daquelas progênes cuja superioridade ficou evidenciada com base no caráter  $(i)$ , sobre o qual se praticou a seleção direta, tanto entre  $DS_{Ej(i)}$ , quanto dentro de  $DS_{Dj(i)}$  de famílias.

Para a seleção massal, o cálculo para o ganho esperado é baseado nas melhores progênes da população, independentemente da família a que elas pertencem, dado por:

$$GS = h^2_{RT} DS, \text{ em que:}$$

$GS$  = ganho esperado pela seleção massal;

$h^2_{RT}$  = herdabilidade restrita total; e

$DS$  = diferencial de seleção, calculado pela diferença entre a média das progênes selecionadas, independentemente da família a que pertence e a média original da população.

Nesse tipo de seleção, também são obtidos ganhos diretos e indiretos, pois a seleção das melhores progênes para cada caráter também leva a ganhos indiretos nos outros caracteres não considerados na seleção.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional em Genética e Estatística GENES (CRUZ, 2006).

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 3 são apresentadas as estimativas dos coeficientes de herdabilidade ( $h^2$ ) no sentido amplo entre famílias ( $h^2_{AE}$ ) e dentro de famílias ( $h^2_{AD}$ ), no sentido restrito

entre famílias ( $h^2_{RE}$ ) e dentro de famílias ( $h^2_{RD}$ ) e restrito total ( $h^2_{RT}$ ) para os oito caracteres nas cinco populações de soja avaliadas na geração  $F_6$ .

Para critério de avaliação foram considerados como caracteres secundários, as características que estão envolvidas com o crescimento vegetativo da planta (APM, AIV, NN), e como primários os caracteres envolvidos diretamente na produção (NVP, NSP, PG).

De maneira geral, para os caracteres avaliados os maiores coeficientes estão nas herdabilidades entre famílias em comparação com os valores dentro de famílias, isso ocorre pela alta porcentagem de homozigose das populações avaliadas, indicando que a seleção será mais efetiva se realizada entre famílias e não dentro de famílias.

No cruzamento 4 foram obtidos as maiores estimativas de herdabilidade, ampla e restrita, tanto para os caracteres primários (0,73 a 0,85) quanto para os secundários Tabela 3 (0,5 a 0,88).

As estimativas de herdabilidade ampla entre famílias variaram de 0,34 a 0,85 assemelhando-se aos dados obtidos por BACKES et al. (2002), REIS et al. (2002), OLIVEIRA et al. (2000) e COSTA et al. (2008). Resultados inferiores foram obtidos por MUNIZ (2007) para todos os caracteres avaliados. A herdabilidade ampla dentro de famílias apresentou variação de 0,13 a 0,75 resultados estes que se assemelham aos obtidos por BACKES et al. (2002) e COSTA et al. (2008).

A herdabilidade restrita entre famílias variou de 0,07 a 0,96, cujos resultados assemelham-se aos obtidos por COSTA et al. (2008) e REIS et al. (2002). Os coeficientes de herdabilidade restrita dentro de famílias tiveram uma variação de 0,01 a 0,24, discordando dos resultados de COSTA et al. (2008) e BACKES et al. (2002).

As herdabilidades ampla e restrita entre famílias, principalmente nos caracteres primários da produção (APM, AIV e NN) apresentaram valores com magnitudes próximas (Tabela 3). Tal fato evidencia a pouca contribuição dos desvios causados pela dominância, contribuindo para o valor genotípico, indicando que provavelmente a maior parte da variância genética é de natureza aditiva. O valor genético aditivo é um indicador do número de alelos favoráveis da unidade de seleção.

**Tabela 3.** Estimativas dos coeficientes de herdabilidade ( $h^2$ ) no sentido amplo entre famílias ( $h^2_{AE}$ ) e dentro de famílias ( $h^2_{AD}$ ) e no sentido restrito entre famílias ( $h^2_{RE}$ ) e dentro de famílias ( $h^2_{RD}$ ), e restrita total ( $h^2_{RT}$ ) para os oito caracteres avaliados nos cinco cruzamentos na geração  $F_6$  de soja, em Jaboticabal, SP.

Cruzamento	Caracteres								
	$h^2$	APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
<b>1</b>	$h^2_{AE}$	0,72	0,81	0,35	0,84	0,48	0,98	0,56	0,55
	$h^2_{AD}$	0,25	0,70	0,13	0,49	0,75	0,58	0,56	0,67
	$h^2_{RE}$	0,69	0,43	0,34	0,38	0,07	0,96	0,07	0,04
	$h^2_{RD}$	0,06	0,01	0,03	0,01	0,01	0,24	0,01	0,01
	$h^2_{RT}$	0,60	0,28	0,30	0,19	0,05	0,92	0,04	0,02
<b>2</b>	$h^2_{AE}$	0,77	0,81	0,68	0,16	0,69	0,50	0,74	0,31
	$h^2_{AD}$	0,60	0,66	0,19	0,02	0,81	0,97	0,76	0,93
	$h^2_{RE}$	0,58	0,66	0,57	0,15	0,50	0,06	0,45	0,03
	$h^2_{RD}$	0,02	0,04	0,01	0,01	0,03	0,01	0,02	0,01
	$h^2_{RT}$	0,43	0,54	0,36	0,10	0,40	0,04	0,33	0,03
<b>3</b>	$h^2_{AE}$	0,73	0,57	0,44	0,55	0,58	0,54	0,65	0,76
	$h^2_{AD}$	0,13	0,58	0,21	0,42	0,07	0,27	0,48	0,22
	$h^2_{RE}$	0,72	0,49	0,37	0,35	0,55	0,50	0,43	0,67
	$h^2_{RD}$	0,05	0,05	0,02	0,01	0,02	0,04	0,01	0,02
	$h^2_{RT}$	0,60	0,43	0,28	0,23	0,38	0,43	0,30	0,46
<b>4</b>	$h^2_{AE}$	0,78	0,85	0,79	0,75	0,72	0,80	0,25	0,88
	$h^2_{AD}$	0,28	0,48	0,16	0,25	0,56	0,23	0,25	0,48
	$h^2_{RE}$	0,73	0,80	0,77	0,61	0,50	0,70	0,20	0,65
	$h^2_{RD}$	0,05	0,09	0,06	0,02	0,02	0,02	0,01	0,02
	$h^2_{RT}$	0,62	0,71	0,66	0,38	0,35	0,47	0,17	0,43
<b>5</b>	$h^2_{AE}$	0,41	0,78	0,59	0,80	0,67	0,52	0,67	0,83
	$h^2_{AD}$	0,15	0,25	0,15	0,53	0,74	0,09	0,57	0,81
	$h^2_{RE}$	0,39	0,75	0,49	0,53	0,36	0,48	0,51	0,50
	$h^2_{RD}$	0,03	0,05	0,01	0,02	0,01	0,02	0,03	0,02
	$h^2_{RT}$	0,32	0,62	0,29	0,35	0,26	0,33	0,40	0,35

**Tabela 4.** Estimativas de ganhos por seleção (GS) na geração F<sub>6</sub>, utilizando os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias, e massal para o cruzamento 1 (MGBR 95-20937 x IAC Foscarin 31) de soja.

Caráter	Método	GS							
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
APM	ED	<b>13,01</b>	-2,31	5,20	7,81	1,34	27,86	-0,35	1,81
	M	<b>15,52</b>	-8,97	5,62	2,75	0,37	36,58	-0,41	0,09
AIV	ED	7,91	<b>17,33</b>	2,77	-0,20	-0,07	4,56	0,55	0,21
	M	5,76	<b>14,95</b>	2,42	-0,66	-0,13	-7,98	0,30	-0,40
NN	ED	9,87	0,00	<b>8,85</b>	4,83	0,74	14,96	-0,35	1,16
	M	14,17	-10,47	<b>8,81</b>	4,74	1,00	36,58	-0,67	1,25
NVP	ED	7,12	-6,93	5,20	<b>9,95</b>	1,74	14,96	0,38	2,57
	M	6,10	-4,49	4,55	<b>5,08</b>	1,13	14,30	0,20	1,47
NSP	ED	7,12	-6,93	5,20	9,95	<b>1,74</b>	14,96	0,38	2,57
	M	6,10	-4,49	4,55	5,08	<b>1,13</b>	14,30	0,20	1,47
AC	ED	3,59	-4,62	0,33	-0,77	-0,12	<b>-8,34</b>	-0,35	-1,01
	M	3,07	2,99	-0,77	-2,05	-0,12	<b>-7,98</b>	-0,67	-1,06
VA	ED	-7,80	-5,78	1,55	4,28	-0,38	-8,34	<b>2,32</b>	2,57
	M	-6,68	-3,74	1,36	2,19	-0,25	-7,98	<b>1,25</b>	1,47
PG	ED	2,02	6,93	0,33	4,85	1,09	4,56	1,60	<b>2,15</b>
	M	1,73	-9,72	5,62	3,48	-0,06	14,30	0,20	<b>1,53</b>

\*Valores em negrito indicam os ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão, sendo os outros relativos aos ganhos indiretos.

\*\*ED: seleção entre e dentro de famílias; M: seleção massal.

\*\*\*APM: altura da planta; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NN: número de nós; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; AC acamamento; VA: valor agrônômico; PG: produção de grãos.

**Tabela 5.** Estimativas de ganhos por seleção (GS) na geração F<sub>6</sub>, utilizando os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias, e massal para o cruzamento 2 (MGBR 95-20937 x IAC-17) de soja.

Caráter	Método	GS							
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
APM	ED	<b>7,24</b>	-11,38	1,95	3,21	11,15	0,62	-0,50	0,77
	M	<b>5,68</b>	-3,85	1,22	-2,18	-7,61	-0,02	-2,32	-0,99
AIV	ED	-3,72	<b>41,77</b>	-2,15	-2,49	-8,46	0,62	-0,22	-0,67
	M	-2,79	<b>33,96</b>	-1,35	-1,58	-6,87	0,43	-0,16	-0,52
NN	ED	1,93	-21,34	<b>12,19</b>	2,26	6,36	-0,83	1,91	0,49
	M	1,94	-11,95	<b>7,65</b>	-0,08	-2,98	0,43	-0,26	-0,26
NVP	ED	-2,06	-14,70	1,95	<b>6,89</b>	18,90	0,62	9,85	1,34
	M	-1,54	-11,95	1,22	<b>4,36</b>	15,34	0,43	7,15	1,04
NSP	ED	1,59	-8,06	3,99	2,73	<b>26,19</b>	0,84	3,89	0,47
	M	2,44	-11,95	2,51	3,53	<b>21,45</b>	1,43	7,15	1,09
AC	ED	1,26	-13,04	3,99	0,36	-2,07	<b>-0,83</b>	-1,21	-0,69
	M	-2,79	-6,55	1,22	2,56	15,16	<b>-0,42</b>	2,83	0,31
VA	ED	-4,05	-8,06	-0,10	4,27	20,26	0,62	<b>11,69</b>	1,73
	M	-3,04	-6,55	-0,06	2,71	16,45	0,43	<b>8,49</b>	1,34
PG	ED	-4,05	-8,06	-0,10	4,27	20,26	0,62	11,69	<b>1,73</b>
	M	-3,04	-6,55	-0,06	2,71	16,45	0,43	8,49	<b>1,34</b>

\*Valores em negrito indicam os ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão, sendo os outros relativos aos ganhos indiretos.

\*\*ED: seleção entre e dentro de famílias; M: seleção massal.

\*\*\*APM: altura da planta; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NN: número de nós; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; AC acamamento; VA: valor agrônomo; PG: produção de grãos.

**Tabela 6.** Estimativas de ganhos por seleção (GS) na geração F<sub>6</sub>, utilizando os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias, e massal para o cruzamento 3 (BRSMG Renascença x IAC-17) de soja.

Caráter	Método	GS							
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
APM	ED	<b>16,23</b>	-9,91	15,34	5,92	7,31	9,74	1,75	18,70
	M	<b>13,47</b>	-8,68	11,49	3,95	5,06	8,41	1,21	12,80
AIV	ED	0,30	<b>23,52</b>	-1,69	1,28	1,10	-6,43	-4,87	6,86
	M	-59,72	<b>-42,61</b>	-27,78	-23,17	-38,41	-43,38	-30,06	-45,58
NN	ED	16,23	-9,91	<b>15,34</b>	5,92	7,31	9,74	1,75	18,70
	M	-59,72	-42,61	<b>-27,78</b>	-23,17	-38,41	-43,38	-30,06	-45,58
NVP	ED	8,06	8,81	3,55	<b>12,13</b>	20,04	-6,43	9,89	42,63
	M	6,69	7,71	2,66	<b>8,10</b>	13,89	-5,55	6,84	29,17
NSP	ED	8,06	8,81	3,55	12,13	<b>20,04</b>	-6,43	9,89	42,63
	M	6,69	7,71	2,66	8,10	<b>13,89</b>	-5,55	6,84	29,17
AC	ED	-2,96	2,12	0,93	-2,61	-0,43	<b>-6,43</b>	-2,25	2,75
	M	-2,46	1,86	0,69	-1,74	-0,30	<b>-5,55</b>	-1,56	1,88
VA	ED	8,88	-0,55	4,86	9,21	12,60	5,25	<b>9,89</b>	21,85
	M	7,37	-0,48	3,64	6,15	8,73	4,53	<b>6,84</b>	14,95
PG	ED	8,06	8,81	3,55	12,13	20,04	-6,43	9,89	<b>42,63</b>
	M	6,69	7,71	2,66	8,10	13,89	-5,55	6,84	<b>29,17</b>

\*Valores em negrito indicam os ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão, sendo os outros relativos aos ganhos indiretos.

\*\*ED: seleção entre e dentro de famílias; M: seleção massal.

\*\*\*APM: altura da planta; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NN: número de nós; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; AC acamamento; VA: valor agrônômico; PG: produção de grãos.

**Tabela 7.** Estimativas de ganhos por seleção (GS) na geração F<sub>6</sub>, utilizando os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias, e massal para o cruzamento 4 (Liderança x BRS 137) de soja.

Caráter	Método	GS							
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
APM	ED	<b>20,59</b>	-30,37	19,24	-0,76	-0,83	21,23	-3,34	-5,32
	M	<b>17,56</b>	-24,48	14,99	0,05	0,30	12,86	-2,81	-4,26
AIV	ED	-3,36	<b>33,80</b>	1,43	-3,61	-2,80	-7,13	1,65	-0,29
	M	-5,12	<b>35,55</b>	-0,31	-3,89	-2,96	-2,92	-0,27	-4,26
NN	ED	17,87	-36,33	<b>26,37</b>	4,02	2,88	13,20	-2,69	1,96
	M	14,58	-31,14	<b>28,76</b>	-3,65	-2,59	16,06	-4,11	-10,08
NVP	ED	-2,27	12,91	-2,14	<b>19,08</b>	12,93	1,23	2,09	34,27
	M	-0,54	0,87	-0,31	<b>15,10</b>	11,31	-4,80	3,81	27,98
NSP	ED	4,53	-2,01	3,21	20,10	<b>14,55</b>	1,23	2,73	39,84
	M	-0,54	0,87	-0,31	15,10	<b>11,31</b>	-4,80	3,81	27,98
AC	ED	-3,63	-7,98	-12,83	-2,88	-2,45	<b>-10,25</b>	0,02	-4,93
	M	1,98	-23,14	-4,90	-7,10	-6,53	<b>-6,90</b>	-3,42	-8,50
VA	ED	-5,27	20,37	-3,92	13,48	9,30	-7,13	<b>5,14</b>	30,17
	M	-7,64	16,87	-6,42	14,77	10,95	-4,80	<b>4,79</b>	26,47
PG	ED	2,35	5,45	1,43	20,35	14,37	-7,13	4,54	<b>43,15</b>
	M	1,98	4,87	1,22	12,88	10,18	-4,80	3,81	<b>28,77</b>

\*Valores em negrito indicam os ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão, sendo os outros relativos aos ganhos indiretos.

\*\*ED: seleção entre e dentro de famílias; M: seleção massal.

\*\*\*APM: altura da planta; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NN: número de nós; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; AC acamamento; VA: valor agrônômico; PG: produção de grãos.

**Tabela 8.** Estimativas de ganhos por seleção (GS) na geração F<sub>6</sub>, utilizando os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias, e massal para o cruzamento 5 (Liderança x IAC Foscarin 31) de soja.

Caráter	Método	GS							
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	AC	VA	PG
APM	ED	<b>5,71</b>	-16,07	-0,75	3,59	1,20	1,22	-1,69	6,26
	M	<b>4,92</b>	-14,15	0,39	2,10	0,89	-0,90	-1,32	2,98
AIV	ED	-2,55	<b>35,57</b>	-1,45	-2,93	-3,78	3,27	-1,24	-7,46
	M	-1,98	<b>30,44</b>	-1,27	-5,33	-4,58	5,31	-3,63	-7,95
NN	ED	1,32	0,56	<b>7,71</b>	6,19	2,51	-1,34	3,01	-0,04
	M	0,66	-2,45	<b>4,97</b>	5,24	3,81	-0,09	2,20	7,50
NVP	ED	1,05	3,19	2,78	<b>14,39</b>	9,45	-0,63	7,51	21,29
	M	-0,07	-2,45	0,81	<b>7,80</b>	6,92	0,48	7,97	17,77
NSP	ED	-0,26	-4,69	2,07	12,41	<b>11,51</b>	0,72	11,04	31,14
	M	0,15	-0,26	1,22	10,41	<b>7,67</b>	1,39	8,62	20,11
AC	ED	0,00	-18,69	1,37	4,81	3,95	<b>-5,24</b>	2,49	3,77
	M	0,95	-11,23	-0,02	0,39	-0,16	<b>-3,53</b>	0,74	1,70
VA	ED	-0,26	-4,69	2,07	12,41	11,51	0,72	<b>11,04</b>	31,14
	M	-1,84	-7,57	0,39	5,94	5,59	-1,71	<b>9,98</b>	17,06
PG	ED	-0,62	-6,44	1,37	10,22	9,94	0,72	9,31	<b>32,45</b>
	M	0,22	-6,11	0,39	6,88	7,18	0,48	7,97	<b>25,02</b>

\*Valores em negrito indicam os ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão, sendo os outros relativos aos ganhos indiretos.

\*\*ED: seleção entre e dentro de famílias; M: seleção massal.

\*\*\*APM: altura da planta; AIV: altura de inserção da primeira vagem; NN: número de nós; NVP: número de vagens por planta; NSP: número de sementes por planta; AC acamamento; VA: valor agrônômico; PG: produção de grãos.

Com relação às estimativas de ganho genético, foram observados os maiores resultados na seleção entre e dentro de famílias (ED) em comparação com a seleção massal (M) (Tabela 4, 5, 6, 7 e 8).

Na seleção ED os maiores ganhos para os caracteres primários foram observados nos cruzamentos 3 (BRSMG Renascença x IAC-17) e 4 (Liderança x BRS 137). Os ganhos genéticos para os caracteres secundários, em especial o caráter (PG) foram expressivamente maiores nos cruzamentos 3 (BRSMG Renascença x IAC-17), 4 (Liderança x BRS 137) e 5 (Liderança x IAC Foscarin 31), os baixos valores observados nos cruzamentos 1 (MGBR 95-20937 x IAC Foscarin 31) e 2 (MGBR 95-20937 x IAC-17) podem ser devido a baixa divergência genética entre os progenitores (RAMALHO et al., 2004).

No caráter acamamento de plantas (AC), pode-se observar ganhos genéticos negativos, por esta ser uma característica indesejável nas linhagens de soja selecionadas (Tabelas 4, 5, 6, 7 e 8).

#### 4. REFERÊNCIAS

- BACKES, R. L.; REIS, M. S.; SEDYIAMA, T.; CRUZ, C. D.; TEIXEIRA, R. C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F<sub>5</sub> e F<sub>6</sub> de soja. **Revista Ceres**, v. 49, n. 2, p. 201-216, 2002.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 4. ed. Viçosa: UFV, 2005, p. 525.
- CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento **Acompanhamento de safra brasileira: grãos, sétimo levantamento**. Conab, Brasília, 2009. 39p.
- COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, v. 67, n. 1, p. 101-108, 2008.
- CRUZ, C. D. **Programa GENES: Biometria**. Editora UFV, Viçosa, 2006. 382p.
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Editora UFV, Viçosa, 1987. 279p.
- FARIA, A. P.; FONSECA, N. S. J.; DESTRO, D.; FARIA, R. T. Ganho genético na cultura da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 28, n. 1, p. 71-78, 2007.
- FEDERER, W. T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**, v. 55, p. 191-208, 1956.
- MARTINS, J. A. S. **Caracteres epidemiológicos e uso da análise de agrupamento para a resistência parcial à ferrugem da soja**. 2006. 53p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia.

MORCELI JUNIOR, A. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide do cisto. **Revista Ceres**, v.55, n.3, p. 153-159, 2008.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007. 86p. Tese (Doutorado) – Universidade Estadual Paulista, UNESP-FCAV, Jaboticabal.

OLIVEIRA, A. C. B.; VIANA, J. M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, C. S. Herdabilidade e correlações em plantas F<sub>2</sub> de soja cultivadas em diferentes condições ambientais. **Acta Scientiarum**, v. 22, n. 4, p. 889-893, 2000.

PEREIRA, G. D.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; GOMES, J. L. L.; TEIXEIRA, R. C.; NOGUREIRA, A. P. O. Adaptabilidade e estabilidade de reação de genótipos de soja ao oídio em casa de vegetação. **Biosci. J.**, v. 25, n. 1, p. 42-52, 2009.

RAMALHO, M. A. P.; FERREIRA, D. F.; OLIVEIRA, A. C. **Experimentação em genética e melhoramento de plantas**. Editora UFLA, Lavras, 2005. 322p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P. **Genética na agropecuária**. Editora UFLA, Lavras, 2004. 472p.

RAMALHO M. A. P.; VENCOVSKY, R. Estimção dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, v. 2, n. 2, p. 117-140, 1978.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, v. 26, n. 4, p. 749-761, 2002.

### **CAPÍTULO 3. CORRELAÇÕES E ANÁLISE DE TRILHA EM POPULAÇÕES DE SOJA COM PARENTAIS RESISTENTES AO NEMATÓIDE DO CISTO RAÇA 3.**

#### **RESUMO**

A correlação por ser apenas uma medida de associação, não permite conclusões sobre causa e efeito, não possibilitando inferências sobre o tipo de associação que governa um par de caracteres. Neste experimento foram avaliadas 86 famílias em geração F<sub>6</sub>, para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de nós por planta (NN), número de vagens (NV), números de sementes por planta (NSP) acamamento (AC), valor agrônômico (VA), e produção de grãos (PG). A decomposição das correlações na análise de trilha mostrou que houve diferenças entre os cruzamentos para a escolha de características a serem utilizadas na seleção indireta. Os caracteres NVP e NSP como componentes primários da produção e NN e VA, como componentes secundários, figuram como os mais importantes no processo de seleção indireta para aumento da produtividade de grãos nas populações derivadas dos cinco cruzamentos avaliados.

**Palavras-chave:** *Glycine max.* L, diagramas de trilha, seleção indireta.

#### **ABSTRACT**

The correlation to be only a measure of association does not allow conclusions about cause and effect, not allowing inferences about the type of association that governs a pair of characters. The experiment was evaluated 86 families in F<sub>6</sub> generation, for the characters: plant height at maturity (APM), height of insertion of first pod (AIV), number of nodes per plant (NN), number of pods (NV), numbers of seeds per plant (NSP) lodging (AC), agronomic value (AV), and grain yield (PG). The decomposition of the correlation analysis in path analysis showed that there were differences among the crosses for the choice of characteristics to be used in the indirect selection. The

characters NVP and NSP, as a primary component of the production and NN and VAs, as secondary components, appear as the most important variables in the process of indirect selection for increase of the productivity of grains in the populations derived from the five crosses evaluated.

**Key words:** *Glycine max.* L, path diagrams, indirect selection.

## 1. INTRODUÇÃO

O programa de melhoramento de plantas, de maneira geral, tem como objetivo principal a obtenção de genótipos mais adaptados e conseqüentemente mais produtivos. Durante o progresso do programa de melhoramento são utilizados vários métodos de seleção, sendo que estes, podem ser mais ou menos efetivos, dependendo dos métodos empregados, os quais podem apresentar certas dificuldades, ocasionadas pela baixa herdabilidade e herança complexa de alguns caracteres ou por problemas de medição durante as avaliações.

Segundo FALCONER (1987), as correlações entre caracteres têm basicamente duas origens: genética e ambiental. A correlação genética é ocasionada por dois motivos principais, o pleitropismo, que é a propriedade pela qual um gene condiciona mais de um caráter simultaneamente, e pelo desequilíbrio da ligação, que é a associação não aleatória entre alelos de diferentes locos. A correlação fenotípica é definida como a associação entre duas variáveis que pode ser observada diretamente.

Na cultura da soja, o conhecimento das correlações entre os caracteres e a produção de grãos e o seu desdobramento nos efeitos diretos e indiretos pela análise de trilha pode facilitar o processo de seleção indireta para a produção. A produtividade de grãos é uma característica extremamente complexa, de herança quantitativa governada por muitos genes, bastante influenciada pelo ambiente e resultante da expressão e associação de diferentes componentes (BÁRBARO et al., 2006 ).

Com o interesse de entender melhor as causas envolvidas na associação entre caracteres, WRIGHT (1921) propôs um método denominado análise de trilha que consiste na partição das estimativas de correlação em efeitos diretos e indiretos dos caracteres sobre um caráter principal (CRUZ et al., 2004). Este método vem sendo estudado atualmente em algumas culturas por BÁRBARO et al. (2006), COIMBRA et al. (2005) e outros. Contudo, a estimação dos coeficientes de trilha podem ser afetados pela presença da multicolinearidade entre os caracteres ou combinações lineares, que ocorre quando as observações amostrais das variáveis explicativas são correlacionadas, podendo levar a estimativas pouco confiáveis (FERRARI, 1989).

Os problemas causados pela multicolinearidade não são devidos simplesmente a sua presença, mas sim ao grau que manifesta. Ocorrendo multicolinearidade, em níveis moderados a severos, entre um conjunto de variáveis explicativas, a dificuldade na avaliação da influencia destas sobre a resposta na variável principal torna-se grande, sendo que a ignorância de seus efeitos pode possibilitar resultados indesejáveis (CRUZ et al. 2004).

Como solução pra o problema deve-se fazer o diagnóstico da multicolinearidade dos dados antes de se realizar o processamento, sendo eficiente o critério que ale de informar a existência da multicolinearidade, apresente o grau de severidade e identifica as variáveis envolvidas no problema (MONTGOMERY & PECK, 1981). Com o intuito de contornar estes efeitos, podem-se identificar as variáveis que estão provocando os problemas e eliminá-las, realizando-se a análise com o grupo menor ou empregar uma metodologia alternativa preconizada por CARVALHO (1995) denominada de análise de regressão em crista ou em cumeeira, usada quando as exclusões de variáveis são de interesse do melhorista.

Assim, o objetivo desse trabalho foi desdobrar as correlações fenotípicas em efeitos diretos e indiretos de caracteres agronômicos sobre a produção de grãos através da análise de trilha, podendo ou não sugerir alguma característica de mais fácil mensuração para a seleção indireta para o caráter produtividade, nos cinco cruzamentos avaliados.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1. Instalação e condução do experimento

O trabalho foi conduzido na safra 2006/07, na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal, SP. Foram avaliadas 86 famílias de populações F<sub>6</sub> oriundas de cinco cruzamentos biparentais, em que os pais eram contrastantes para reação de resistência ao nematóide de cisto - raça 3 (NCS) (Tabela 1). Na geração F<sub>2</sub>, as melhores plantas foram selecionadas e estas, foram avaliadas quanto à resistência ao NCS através da seleção assistida por marcadores moleculares (SAMM) utilizando-se o marcador microssatélite Sat\_162.

Deste modo, somente as sementes F<sub>3</sub> colhidas das plantas F<sub>2</sub> resistentes foram semeadas no campo. As gerações posteriores também foram avaliadas (MORCELLI et al., 2008) e conduzidas pelo método genealógico modificado.

**Tabela 1.** Relação dos cruzamentos contrastantes para reação de resistência ao nematóide do cisto (raça 3), com as respectivas genealogias e número de famílias (NF) na geração F<sub>6</sub>.

Cruzamentos	Genealogia (R x S)*	NF
1	MGBR 95-20937 x IAC Foscarin 31	11
2	MGBR 95-20937 x IAC-17	10
3	BRSMG Renascença x IAC-17	29
4	Liderança x BRS 137	15
5	Liderança x IAC Foscarin 31	21

\* R= resistente e S= suscetível.

Na geração F<sub>5</sub> foi feita seleção simultânea para os caracteres: altura de planta na maturação (acima de 50 cm), valor agrônomo (nota acima de 3,0) e produtividade de grãos (valores acima da média populacional). As sementes F<sub>6</sub> obtidas dessas plantas F<sub>5</sub> selecionadas foram semeadas no campo na safra seguinte para serem estudadas no presente trabalho.

A distribuição do material experimental no campo seguiu o esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo que cada parcela foi constituída por uma linha com cinco metros de comprimento representada por uma família da população em estudo ou cultivar-padrão (testemunha), com espaçamento entrelinhas de 0,5 metros e com densidade média de 20 a 25 plantas/m. Iniciando e terminando cada população foram distribuídos as cultivares-padrão, MGBR-46 (Conquista) e CD 216, também intercaladas a cada dez linhas experimentais.

O delineamento utilizado foi o de famílias distribuídas ao acaso com testemunhas intercalares, este delineamento foi utilizado devido a pouca quantidade de semente e a falta de homogeneidade genética nas primeiras gerações de auto-fecundação, inviabilizando o uso de delineamentos estatísticos com repetições. Portanto, este sistema é uma derivação do delineamento de blocos aumentados (Federer, 1956), onde as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns, e as famílias, aos tratamentos regulares.

Após a emergência das plantas foi realizado, o desbaste, com o objetivo de ajustar a população inicial, o controle das plantas daninhas foi realizado através de capinas manuais, evitando-se a competição entre as plantas. O ensaio foi conduzido até as plantas atingirem o estágio de desenvolvimento R8 (FEHR E CAVINESS, 1977), em que efetuou-se a colheita manualmente.

## **2.2. Caracteres avaliados**

Para cada família semeada selecionaram-se quatro plantas fenotipicamente superiores para a avaliação dos seguintes caracteres agrônômicos altura da planta na maturidade (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de vagens por

planta (NVP), número de sementes por planta (NSP), número de nós (NN), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), produtividade de grãos (PG).

### **2.3. Análises estatísticas**

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica foram obtidas conforme VENCOVSKY & BARRIGA (1992), utilizando-se a análise de trilha proposta por WRIGHT (1921) foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos dos caracteres de importância (variáveis independentes do modelo de regressão) sobre a produção de grãos (variável principal).

O grau de multicolinearidade da matriz ( $X'X$ ) de correlações entre as variáveis independentes foi estabelecido com base no seu número de condição (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz, sendo multicolinearidade fraca, quando  $NC < 100$  (não constitui problema na análise); moderada a forte, quando  $100 \leq NC < 1000$ ; e severa, quando  $NC \geq 1000$  (MONTGOMERY & PECK, 1981). Somente quando o grau de multicolinearidade é considerado fraco, não constitui problema sério para a análise (CARVALHO et al., 1999).

Não foram adicionados níveis de significância estatística às estimativas de correlações fenotípicas, pois existe uma tendência dos melhoristas de plantas valorizarem mais o sinal (positivo ou negativo) e a magnitude dos valores encontrados na interpretação das mesmas. Desta forma, um critério utilizado consiste na valorização das estimativas de abaixo - 0,5 e acima de 0,5 (LOPES et al., 2002).

Todas as análises estatísticas foram efetuadas com o auxílio do aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2006), sendo a matriz de correlação fenotípica obtida na análise de variância utilizada no diagnóstico de multicolinearidade e posteriormente na análise de trilha. A análise de trilha foi realizada sem correção da multicolinearidade presente na matriz de correlação fenotípica, sendo a multicolinearidade fraca para os dados analisados, não havendo necessidade do uso da constante (k) para adequação dos valores.

### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No experimento, houve diferenças significativas entre as famílias para todos os caracteres avaliados, de acordo com os resultados da análise de variância indicando uma boa precisão experimental. Os valores observados na razão CVg/CVe, foram acima da unidade, isto indica uma situação favorável ao melhoramento.

Assim, foram utilizadas as estimativas de correlação fenotípica, que foram significativas pelo teste t para todos os caracteres em relação a PG.

Para melhor entendimento das associações entre os caracteres, foi realizada a análise de trilha, considerando-se PG como variável principal, e os outros sete caracteres (APM, AIV, NN, NVP, NSP, AC, VA, e PG) como variáveis explicativas, para decompor as estimativas das correlações genotípicas em efeitos diretos e indiretos.

Os resultados das análises de trilha podem ser observados nas Tabelas 2 e 3. Na Tabela 2 são apresentados os resultados para os cruzamentos 1 (MGBR 95-20937 x IAC Foscarin 31), 2 (MGBR 95-20937 x IAC-17) e 3 (BRSMG Renascença x IAC-17), e na Tabela 3 os resultados dos cruzamentos 4 (Liderança x BRS 137) e 5 (Liderança x IAC Foscarin 31).

Para critério de discussão, a princípio serão avaliadas os resultados por cruzamento e posteriormente serão avaliadas as diferenças existentes entre os cruzamentos na conclusão, serão consideradas como características secundárias APM, AIV NN, AC e VA, e como características primárias NVP NSP.

No cruzamento 1 os resultados para as características consideradas secundárias NN e VA, tiveram maior efeito sobre a variável principal PG. As características APM, AIV e AC tiveram um menor efeito sobre PG (Tabela 2).

Para NN os valores do efeito indireto sobre PG indicaram que esta característica é pouco influenciada indiretamente por outras, o valor para a correlação total foi considerável, o que sinaliza esta característica como promissora para ser utilizada em seleção indireta para PG (Tabela 2).

**Tabela 2.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes da produção sobre o caráter principal PG através da análise de trilha sob multicolinearidade fraca, portanto, sem correção pela constante k, nos cruzamentos 1, 2 e 3 em uma população F<sub>6</sub> de soja.

COMPONENTES			ESTIMATIVAS	ESTIMATIVAS	ESTIMATIVAS
			CRUZAMENTO 1	CRUZAMENTO 2	CRUZAMENTO 3
VARIÁVEL APM	EFEITO DIRETO SOBRE PG		-0,132	0,963	0,128
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		0,020	-0,098	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,221	0,392	0,056
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		-0,080	-0,029	0,015
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		0,116	0,045	0,221
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		0,099	-0,773	-0,022
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		0,038	-0,731	0,022
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,282</b>	<b>-0,232</b>	<b>0,420</b>
VARIÁVEL AIV	EFEITO DIRETO SOBRE PG		0,264	0,243	0,004
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		-0,062	-0,702	0,001
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,043	0,666	-0,003
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		0,011	-1,145	0,005
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		0,043	1,221	0,080
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		-0,314	0,007	0,013
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		0,224	-0,467	0,006
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,209</b>	<b>-0,177</b>	<b>0,106</b>
VARIÁVEL NN	EFEITO DIRETO SOBRE PG		0,550	-0,850	0,085
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		0,101	0,805	0,085
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		0,013	-0,190	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		-0,079	0,834	0,005
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		0,056	-0,688	0,061
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		0,036	-0,249	-0,022
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		0,142	0,385	0,001
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,819</b>	<b>0,046</b>	<b>0,215</b>
VARIÁVEL NVP	EFEITO DIRETO SOBRE PG		0,351	1,071	0,046
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		-0,207	-0,019	0,043
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		-0,025	-0,104	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,234	-0,265	0,009
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		0,164	-0,025	0,618
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		0,045	-0,859	-0,002
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		0,047	0,624	0,086
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,609</b>	<b>0,423</b>	<b>0,800</b>
VARIÁVEL NSP	EFEITO DIRETO SOBRE PG		0,289	-0,981	0,712
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		0,131	-0,034	0,040
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		0,039	-0,127	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,242	-0,249	0,007
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		0,211	0,843	0,040
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		0,081	-0,586	0,006
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		-0,165	0,578	0,124
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,828</b>	<b>-0,556</b>	<b>0,930</b>
VARIÁVEL AC	EFEITO DIRETO SOBRE PG		-0,196	-0,871	-0,045
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		0,231	0,845	0,064
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		-0,104	-0,001	-0,001
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,321	-0,132	0,041
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		-0,090	0,645	0,002
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		0,071	-0,860	-0,104
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA		-0,458	0,684	-0,025
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>-0,225</b>	<b>0,309</b>	<b>-0,067</b>
VARIÁVEL VA	EFEITO DIRETO SOBRE PG		0,234	0,975	0,179
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM		0,166	-0,646	0,016
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV		0,123	-0,657	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN		0,253	-0,166	0,000
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP		-0,012	1,022	0,022
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP		-0,036	0,954	0,492
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC		-0,096	-0,553	0,006
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>		<b>0,632</b>	<b>0,928</b>	<b>0,716</b>

**Tabela 3.** Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes da produção sobre o caráter principal PG através da análise de trilha sob multicolinearidade fraca, portanto, sem correção pela constante k, nos cruzamentos 3 e 4 em uma população F<sub>6</sub> de soja.

COMPONENTES		ESTIMATIVAS	ESTIMATIVAS
		CRUZAMENTO 4	CRUZAMENTO 5
VARIÁVEL APM	EFEITO DIRETO SOBRE PG	0,292	-0,044
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	-0,053	0,013
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	-0,029	-0,034
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	-0,102	-0,078
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	0,015	0,234
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	-0,170	0,025
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	-0,127	-0,059
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>-0,175</b>	<b>0,057</b>
VARIÁVEL AIV	EFEITO DIRETO SOBRE PG	0,075	-0,035
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	-0,206	0,017
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	0,017	0,012
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	0,243	0,031
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	-0,063	-0,232
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	0,139	0,072
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	0,126	-0,045
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>0,331</b>	<b>-0,181</b>
VARIÁVEL NN	EFEITO DIRETO SOBRE PG	-0,037	-0,137
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	0,227	-0,011
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	-0,034	0,003
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	0,017	-0,123
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	-0,005	0,567
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	-0,196	-0,033
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	-0,091	0,141
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>-0,120</b>	<b>0,407</b>
VARIÁVEL NVP	EFEITO DIRETO SOBRE PG	0,937	-0,180
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	-0,032	-0,019
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	0,019	0,006
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	-0,001	-0,093
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	-0,247	0,779
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	0,067	-0,036
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	0,149	0,324
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>0,893</b>	<b>0,781</b>
VARIÁVEL NSP	EFEITO DIRETO SOBRE PG	-0,253	0,829
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	-0,017	-0,012
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	0,019	0,010
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	-0,001	-0,094
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	0,915	-0,169
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	0,075	-0,045
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	0,142	0,324
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>0,880</b>	<b>0,844</b>
VARIÁVEL AC	EFEITO DIRETO SOBRE PG	-0,268	0,189
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	0,185	-0,006
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	-0,039	-0,014
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	-0,027	0,024
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	-0,233	0,035
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	0,071	-0,195
	EFEITO INDIRETO SOBRE VA	-0,144	-0,208
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>-0,456</b>	<b>-0,175</b>
VARIÁVEL VA	EFEITO DIRETO SOBRE PG	0,214	0,496
	EFEITO INDIRETO SOBRE APM	-0,174	0,005
	EFEITO INDIRETO SOBRE AIV	0,044	0,003
	EFEITO INDIRETO SOBRE NN	0,016	-0,039
	EFEITO INDIRETO SOBRE NVP	0,655	-0,117
	EFEITO INDIRETO SOBRE NSP	-0,169	0,542
	EFEITO INDIRETO SOBRE AC	0,181	-0,079
	<b>CORRELAÇÃO FENOTÍPICA</b>	<b>0,767</b>	<b>0,811</b>

As características consideradas primárias NVP e NSP, mostraram-se promissoras para a seleção indireta, com valores de correlação com PG acima de 0,5, sendo ambas, indiretamente, influenciadas por APM negativamente e por NN positivamente, o caráter NSP, também foi indiretamente influenciado por NVP, assim como NVP teve influencia indireta de NSP (Tabela 2).

De maneira geral, entre todos os caracteres avaliados os que mais promissores, para a seleção indireta no cruzamento 1 são NN, NVP e NSP.

No cruzamento 2, dentre os caracteres secundários, APM teve alta influência sobre a característica principal. Porém, foi fortemente influenciado indiretamente por NN positivamente e negativamente, por AC e VA, o valor de correlação total foi negativo não se mostrando um bom caráter para seleção indireta. Para o caráter AC o valor para efeito direto foi de grande magnitude e negativo, sendo influenciado indiretamente de forma positiva por APM, NVP e VA, e negativamente por NSP. Para a característica VA o efeito direto sobre a característica principal foi de grande magnitude e fortemente influenciado direta e positivamente por NVP e NSP, e negativamente por APM e AIV, mostrando-se, para este cruzamento, uma boa característica a ser utilizada em seleção indireta para PG (Tabela 2).

Os resultados encontrados para os caracteres primários NSP e NVP no cruzamento 2, foram contrastantes. Para NVP, o efeito direto sobre PG foi de grande magnitude, e fortemente influenciado por VA positivamente e de forma negativa por AC, se mostrando um bom caráter para seleção indireta para PG. Por outro lado, o caráter NSP teve um efeito direto de grande magnitude de forma negativa sobre PG, sendo influenciado de maneira indireta por NVP e VA positivamente e por AC de forma negativa, não sendo, assim, um bom caráter para a seleção indireta. Portanto, no cruzamento 2 as características com maior potencial em caso de seleção indireta para PG, foram VA e NVP (Tabela 2).

No cruzamento 3 somente VA, dentre os caracteres secundários, apresentou potencial para ser utilizado em seleção indireta para PG, mesmo com baixa magnitude para o efeito direto sobre PG, influenciado indiretamente por NSP, teve um bom valor de correlação total (Tabela 2).

As características consideradas primárias no cruzamento 3, apresentaram valores de correlação total consideráveis. O caráter NVP foi altamente influenciado por NSP, não tendo grande efeito direto sobre PG. O caráter NSP indicou uma alta influência direta sobre PG, sendo um bom caráter a ser utilizado em seleção indireta nesta população. Sendo assim, os caracteres mais promissores em caso de seleção indireta para o cruzamento 3 foram VA e NSP (Tabela 2).

No cruzamento 4, somente VA, dentre as características secundárias indicou potencial para seleção indireta, seu efeito direto sobre PG foi de magnitude baixa, e fortemente influenciada por NVP, sendo esta característica primária a mais indicada para seleção indireta para PG. Os caracteres primários NVP e NSP, tiveram valores de correlação total altos, embora, NSP tenha sido fortemente influenciado por NVP, sendo este o mais promissor com alta influência direta e indireta sobre outras características a serem consideradas na seleção indireta. Os resultados do cruzamento 4 indicaram como mais promissores duas características, uma secundária e uma primária, VA e NVP, respectivamente (Tabela 3).

Dentre os caracteres secundários, para o cruzamento 5, VA é o mais promissor com influência direta sobre PG, influenciada indiretamente por NSP de forma positiva (Tabela 3).

Dentre as características consideradas primárias o caráter NVP, apresentou resultados de correlação total acima de 0,5, sendo influenciada indiretamente por NSP, indicando ser esta a característica mais promissora para a seleção indireta para PG, neste cruzamento, pois NSP apresentou altos valores de correlação total e pouca influência das outras características avaliadas. De maneira geral, os resultados para este cruzamento indicaram duas características com maior potencial para a seleção indireta VA e NSP (Tabela 3).

Contudo é importante lembrar que em caso de seleção indireta utilizando estas características as outras características com efeito indireto podem ser potencializadas, observa-se na Tabela 4, um resumo dos resultados deste trabalho.

Assim como no presente trabalho, outros autores utilizaram a análise de trilha para decompor as correlações e indicar características para seleção indireta. BIZETI et

al. (2004), observaram que a correção da multicolinearidade propiciou efeito direto alto sobre PG para o caráter número de nós na maturação. Enquanto para CARVALHO et al. (2002), apesar do enfoque para semeadura em diferentes épocas, foram mais indicados: dias para maturação, altura da planta no florescimento e número de nós na haste principal.

BÁRBARO et al. (2006) analisando populações de soja para reforma de canavial, concluiu que para a seleção indireta para PG, os caracteres com maior potencial foram, número de nós na maturação e número de vagens por planta. Alguns trabalhos também foram desenvolvidos para rendimento de grãos em outras culturas como COIMBRA et al. (1999), que trabalhando com feijão observou que o caráter número de vagens por planta também foi promissor para utilização em seleção indireta para PG.

**Tabela 4.** Resumo geral das características que foram selecionadas como mais promissoras para utilização em seleção indireta nos cinco cruzamentos avaliados, na geração F<sub>6</sub> de soja.

Cruzamento	Caracteres Selecionados	
	Primários*	Secundários**
1	NVP e NSP	NN
2	NVP	VA
3	NSP	VA
4	NVP	VA
5	NSP	VA

\* Caracteres primários – relacionados diretamente com a produção de grãos;

\*\* Caracteres secundários – relacionados com o desenvolvimento vegetativo da planta.

#### 4. CONCLUSÕES

Com os resultados dos coeficientes de correlação e da análise de trilha, observados pode-se concluir que existem diferenças entre os cruzamentos avaliados. De maneira geral, os caracteres primários foram promissores em todos os cruzamentos, com exceção do cruzamento 1. Em todos os outros quatro cruzamentos o caráter VA foi promissor para a seleção indireta, evidenciando ter om potencial, e no cruzamento 1, o caráter NN também se mostrou promissor para a seleção indireta para PG.

#### 5. REFERÊNCIAS

BIZETI, H. S.; CARVALHO, C. G. P.; SOUZA, J. R. P.; DESTRO, D. Path analysis under multicollinearity in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 47, n. 5, p. 669-676, 2004.

BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A. P. C.; DI MAURO, A. O.; BÁRBARO JÚNIOR, L. S.; TICELLI, M.; MIGUEL, F. B.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; SARTI, D. G. P. Estimativas de correlações e análise de trilha em populações de soja com aptidão para cultivo em áreas de reforma de canavial, **Ciência e Cultura**, v.1, n.1, p. 19-24, 2006.

CARVALHO, S. P. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Editora UFV, Viçosa, 1995. 163p.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; VELLO, N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 3, p. 311-320, 2002.

COIMBRA, J. L. M.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; OLIVEIRA, A. C.; CARVALHO, F. I. F.; GUIDOLIN, A. F.; SOARES, A. P. Consequências da multicolinearidade sobre a análise em canola. **Ciência Rural**, v.35, n.2, p.347-352, 2005.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Editora UFV, Viçosa, 2004. 480p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: Biometria**. Editora UFV, Viçosa, 2006. 382p.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; MOURA, R. M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

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

MORCELI JUNIOR, A. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MUNIZ, F. R. S.; COSTA, M. M.; MORCELI, T. G. S. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide do cisto. **Revista Ceres**, v.55, n.3, p. 153-159, 2008.

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

FERRARI, F. **Estimadores viesados para modelos de regressão em presença de multicolinearidade**. Piracicaba: USP-ESALQ, 1989. 127p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Editora SBG, Ribeirão Preto, 1992. 469p.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v. 20, p. 557-585, 1921.