

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTUDO GENÉTICO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA
PARA O GRUPO DE MATURIDADE RELATIVA EM
POPULAÇÕES DERIVADAS DE CULTIVARES COMERCIAIS**

Bruno Henrique Pedroso Val
Engenheiro Agrônomo

2018

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTUDO GENÉTICO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA
PARA O GRUPO DE MATURIDADE RELATIVA EM
POPULAÇÕES DERIVADAS DE CULTIVARES COMERCIAIS**

Bruno Henrique Pedroso Val

Orientador: Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

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

2018

V135e Val, Bruno Henrique Pedroso
Estudo genético e seleção de progênies de soja para o grupo de maturidade relativa em populações derivadas de cultivares comerciais / Bruno Henrique Pedroso Val. -- Jaboticabal, 2018
xii, 61 p. : il. ; 29 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2018

Orientador: Antonio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Banca examinadora: Gustavo Vitti Moro, Ivana Marino Bárbaro Torneli, Sally Ferreira Blat, Walter Maldonado Junior

Bibliografia

1. Melhoramento genético. 2. Ciclo de maturação. 3. Índice de seleção. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.34

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Diretoria Técnica de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO


TÍTULO DA TESE: ESTUDO GENÉTICO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA SUPERIORES PARA O CARÁTER GRUPO DE MATURIDADE RELATIVA

AUTOR: BRUNO HENRIQUE PEDROSO VAL

ORIENTADOR: ANTONIO ORLANDO DI MAURO

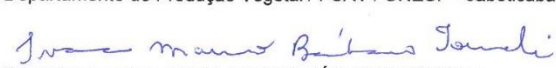
COORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Doutor em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:


Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Pesquisadora Dra SALLY FERREIRA BLAT
Departamento de Descentralização do Desenvolvimento / APTA - Ribeirão Preto, SP


Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÔRO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal


Pesquisadora Dra. IVANA MARINO BÁRBARO TORNELI
Secretaria da Agricultura e Abastecimento / APTA - Colina/SP


Pós-doutorando WALTER MALDONADO JUNIOR
Departamento de Ciências Exatas / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 20 de abril de 2018

“Rir muito e com frequência; ganhar o respeito de pessoas inteligentes e o afeto das crianças; merecer a consideração de críticos honestos e suportar a traição de falsos amigos; apreciar a beleza, encontrar o melhor nos outros; deixar o mundo um pouco melhor, seja por uma saudável criança, um canteiro de jardim ou uma redimida condição social; saber que ao menos uma vida respirou mais fácil porque você viveu. Isso é ter tido sucesso.”

Ralph Waldo Emerson

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela força espiritual para a realização desse trabalho, pela coragem para superar os meus limites e chegar ao final desta jornada.

Aos meus pais Gláucia e Laudemir, pelo apoio, compreensão, ajuda. Vocês são responsáveis por cada sucesso obtido, cada degrau avançado durante todos esses anos, me ensinando a nunca desistir diante do primeiro obstáculo, meu exemplo de vitória, meus heróis e simplesmente aqueles que mais amo. Obrigado por estarem sempre comigo. Obrigado simplesmente por participarem comigo durante esta caminhada, me ajudando a construir os alicerces de um futuro que começa agora.

Ao meu irmão Victor pelo carinho, presença e por dividir comigo muitas das vitórias que hoje comemoro.

Aos meus avós Gildomar (*in memoriam*) e Dáuria, Mário (*in memoriam*) e Geny, tios e primos pela força e por sempre me desejarem o melhor.

Quero agradecer a alguém que esteve ao meu lado contribuindo para o êxito dessa conquista, me apoiando e incentivando nos momentos difíceis e nos momentos de alegria, a você Michelle, meu muito obrigado!

A Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP e ao Departamento de Produção Vegetal.

Ao Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro, pela amizade, conhecimentos transmitidos, orientação e realização deste trabalho.

A coorientadora Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela amizade, conhecimentos transmitidos e pelos esforços dedicados a mim neste trabalho.

A todos os professores do Departamento de Produção Vegetal e também do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela bolsa de doutorado concedida e pelo recurso para execução deste trabalho.

Aos meus amigos Antonio Pizolato, Aretha, Cleber Azevedo, Diuli, Guilherme, Ivana Bárbaro, Flávia, Camila, Lucas Revolti, Luis, Paloma, Sofia, Wallace, Carlos Caprio, José Arantes, Eduardo Henrique, Rodolfo Buzinaro, Fabiana Mota, Elise Pereira, Marcela Marconato, Daniel Leite, Alysson Jalles, Andréa Bastos, Paulo

Selestrino. A todos os amigos que de alguma forma contribuíram para meu aperfeiçoamento, muito obrigado!

A toda a equipe do programa de melhoramento genético da soja da FCAV/UNESP.

Ao Técnico Agrícola Geraldo Mangela de Assis pela amizade e dedicação às atividades do programa de melhoramento genético da soja FCAV/UNESP.

Aos membros das bancas de qualificação e defesa pelas contribuições e auxílios fornecidos.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia, Rubens, Sebastião (*in memoriam*), Tito, Faco, Osmar, Mauro, Gabi e Mônica pela amizade, auxílio e os momentos de alegria.

Ao gerente da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, Marcelo e toda a sua equipe que sempre estiveram presentes nos auxiliando com empenho e dedicação.

SUMÁRIO

ESTUDO GENÉTICO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA O GRUPO DE MATURIDADE RELATIVA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE CULTIVARES COMERCIAIS.....	xi
RESUMO.....	xi
GENETIC STUDY AND SELECTION OF SOYBEAN PROGENIES FOR THE RELATIVE MATURITY GROUP IN POPULATIONS DERIVED FROM COMMERCIAL CULTIVARS	xii
ABSTRACT	xii
CAPÍTULO 1 – Considerações gerais.....	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 Aspectos fenológicos da cultura da soja	3
2.2 Grupo de maturidade relativa.....	5
2.3 Genes relacionados com o grupo de maturidade relativa	6
2.4 Ganho com a seleção	7
2.5 Índice de seleção	8
3. REFERÊNCIAS.....	10
CAPÍTULO 2 – Estudo genético do grupo de maturidade relativa em populações ...	16
derivadas de cultivares comerciais de soja	16
Genetic study of relative maturity group in populations derived from commercial soybean cultivars.....	16
RESUMO.....	16
ABSTRACT	17
1. INTRODUÇÃO	17
2. MATERIAL E MÉTODOS	19
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	21
3.1 População 1	21
3.2 População 2	23
4. CONCLUSÕES	27
5. REFERÊNCIAS.....	27
CAPÍTULO 3 – Seleção de progênies de soja contrastantes para o grupo de.....	31
maturidade relativa em população derivada de cultivares comerciais.....	31
Selection of contrasting soybean progenies for the relative maturity group in population derived from commercial cultivars	31
RESUMO.....	31

ABSTRACT	32
1. INTRODUÇÃO	32
2. MATERIAL E MÉTODOS	33
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	38
4. CONCLUSÕES	44
5. REFERÊNCIAS.....	47

ESTUDO GENÉTICO E SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA PARA O GRUPO DE MATURIDADE RELATIVA EM POPULAÇÕES DERIVADAS DE CULTIVARES COMERCIAIS

RESUMO – As pesquisas visando a adaptação da cultura da soja e o melhoramento vegetal foram fundamentais para a expansão dessa cultura no Brasil. A descoberta do gene de período juvenil longo e dos genes da série E, relacionados com a época de florescimento e maturação permitiram a expansão da cultura, que inicialmente se adaptou melhor no estado do Rio Grande do Sul para regiões de baixas latitudes, criando novas fronteiras agrícolas. Até o presente momento encontram-se descritos na literatura dez genes da série E, E₁ a E₁₀, o gene Dt1 e o gene J que condiciona o período juvenil longo, porém não se sabe ainda quanto e nem como esses genes influenciam o caráter grupo de maturidade relativa (GMR). Tanto para a cultura da soja quanto para as demais culturas o melhoramento não ocorre somente para um único caráter, pois o melhorista trabalha simultaneamente com vários caracteres e o ganho genético deve ser distribuído entre eles. Diante do exposto, os objetivos do presente trabalho consistiram em realizar o estudo genético do número de genes que estão envolvidos no caráter GMR, descobrir qual a ação gênica que controla o caráter e selecionar as melhores progênies com o uso de índices de seleção. Para o estudo genético foram feitos dois cruzamentos biparentais entre cultivares comerciais de soja, onde, para cada cruzamento foram obtidas as gerações F₁ e F₂. Os genitores e suas respectivas gerações foram conduzidos a campo para a realização da fenotipagem do GMR. Para o estudo de herança do caráter GMR, foi utilizado o teste de escala conjunta por meio dos quadrados mínimos ponderados. A metodologia permite a detecção de genes de menor efeito, ou modificadores da característica em questão, sendo possível a estimação do efeito ambiental. Foram semeadas 129 progênies F₃, onde foram avaliados seis caracteres agrônômicos: altura de inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de dias para maturidade (NDM), acamamento (AC), valor agrônômico (VA) e produção de grãos (PG). Para as duas populações estudadas, não houve efeito significativo de dominância atuando na expressão do caráter GMR. Na primeira população foi observado que dois genes atuam de maneira aditiva na expressão do caráter e a contribuição média estimada de cada alelo foi em 0,11. Na segunda população foi observado que um gene atua de maneira aditiva na expressão do caráter sendo a contribuição estimada de cada alelo em -0,515. O efeito de progênies foi significativo para o teste F a 5% de probabilidade, apenas para APM e NDM. Em relação aos ganhos genéticos totais obtidos com a aplicação dos índices, os mesmos foram: 16,19 % para soma de “ranks”, 28,68 % para o índice baseado nos ganhos desejados e 20,58 para o índice distância genótipo ideótipo. Entre as progênies selecionadas destacam-se as progênies 16, 46, 81 e 87 por apresentarem caracteres agromorfológicos mais adequados para a região de estudo.

Palavras-chave: Ciclo de maturação, *Glycine max*, Índice de seleção, Melhoramento Genético, Mulamba e Mock, Período juvenil longo

GENETIC STUDY AND SELECTION OF SOYBEAN PROGENIES FOR THE RELATIVE MATURITY GROUP IN POPULATIONS DERIVED FROM COMMERCIAL CULTIVARS

ABSTRACT – The researches aimed at adapting soybean culture and plant breeding were fundamental for the expansion of culture in Brazil. The discovery of the long-juvenile gene and the E-series genes related to the flowering and maturation time allowed for the expansion of the culture, which was initially better adapted in the state of Rio Grande do Sul to regions of low latitudes, creating new boundaries agricultural activities. Until now, ten genes from the E series, E₁ to E₁₀, the Dt1 gene and the J gene that conditions the long juvenile period were described in the literature, but it still unknown how these genes influence the relative maturity group character of (RMG). For soybean and for other crops, breeding does not only occur for a single character, since the breeder works simultaneously with several characters and the genetic gain must be distributed among them. In view of the above, the objectives of the present work were to make the genetic study of the number of genes that are involved in the RMG character, to discover which gene action controls the character and to select the best progenies with the use of selection indexes. For the genetic study two biparental crosses were made between commercial soybean cultivars, for each crossing the F₁ and F₂ generations were obtained. The parents and their respective generations were sown to the field for RMG phenotyping. For the RMG character inheritance study, was used the joint scale test methodology by means of weighted least squares. This methodology allows the detection of less effect genes or modifiers the characteristic in case, being possible the estimation of environmental effect. A hundred twenty-nine F₃ progenies derived from the crosses of commercial varieties were sown and six agronomic traits were evaluated: height of first pod insertion (HPI), plant height at maturity (PHM), number of the days for maturity (NDM), lodging (LD), agronomic value (AV) and grain yield (GY). For the two populations studied, there was no significant effect of dominance acting on RMG character expression. In the first population it was observed that two genes act in an additive way in the expression of the trait and the estimated mean contribution of each allele was 0.11. In the second population it was observed that a gene acts in an additive way in the expression of the character being the estimated contribution of each allele in -0.515. The progeny effect was significant for the 5% probability F test only for PHM and NDM. The effect of progenies was significant for the F test at 5% probability only for PHM and NDM. In relation to the total genetic gains obtained with the indexes application were: 16.19 % for the sum of ranking, 28.68 % for index based on desired gains and 20.58 % for the index based on distance genotype ideotype. Between selected progenies highlight 16, 46, 81 and 87 because they present more suitable agromorphological traits for the region of study.

Keywords: Plant Breeding, *Glycine max*, Long juvenile period, Maturation cycle, Mulamba e Mock, Selection index

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

A soja é uma leguminosa cultivada pelos chineses há cerca de cinco mil anos. Sua espécie mais antiga, a soja selvagem, crescia principalmente nas terras baixas e úmidas, junto aos juncos nas proximidades dos lagos e rios da China central (ROESSING; MENEGHELO, 2001).

Há cerca de três mil anos a soja se espalhou pela Ásia onde passou a ser utilizada como alimento, porém foi somente no século XX que passou a ser cultivada nos Estados Unidos e partir de então houve um rápido crescimento na produção, começando o desenvolvimento das primeiras cultivares comerciais (ROESSING; MENEGHELO, 2001).

No Brasil, a primeira referência encontrada na literatura sobre a soja data do dia 16 de setembro de 1882 no jornal do agricultor escrita pelo engenheiro agrônomo Gustavo D'utra (D'UTRA, 1882; BONATO; BONATO, 1987; ROESSING; MENEGHELO, 2001).

D'utra (1882) relatou os resultados dos primeiros testes feitos com algumas variedades no estado da Bahia, a partir de então foram feitas pesquisa em diferentes estados do Brasil. No estado de São Paulo os primeiros estudos foram feitos na Estação Agrônômica de Campinas (DAFFERT, 1892; BONATO; BONATO, 1987).

Desde então a soja ganhou destaque no cenário nacional, e começou a expansão gradativamente para os demais estados.

Atualmente, os Estados Unidos são o maior produtor mundial da oleaginosa, com uma área plantada na safra de 2017 de 36,21 milhões de ha, com uma produção de 119,478 milhões de toneladas de soja (NASS, 2017). O Brasil ocupa o segundo lugar no ranque, com área plantada na safra 2017/2018 de 35,089 milhões de ha, com uma produção de 114,962 milhões de toneladas de soja (CONAB, 2018).

A Figura 1 ilustra o avanço ocorrido na produtividade média em sacas de 60 quilos por ha nos Estados Unidos e no Brasil em 56 anos.

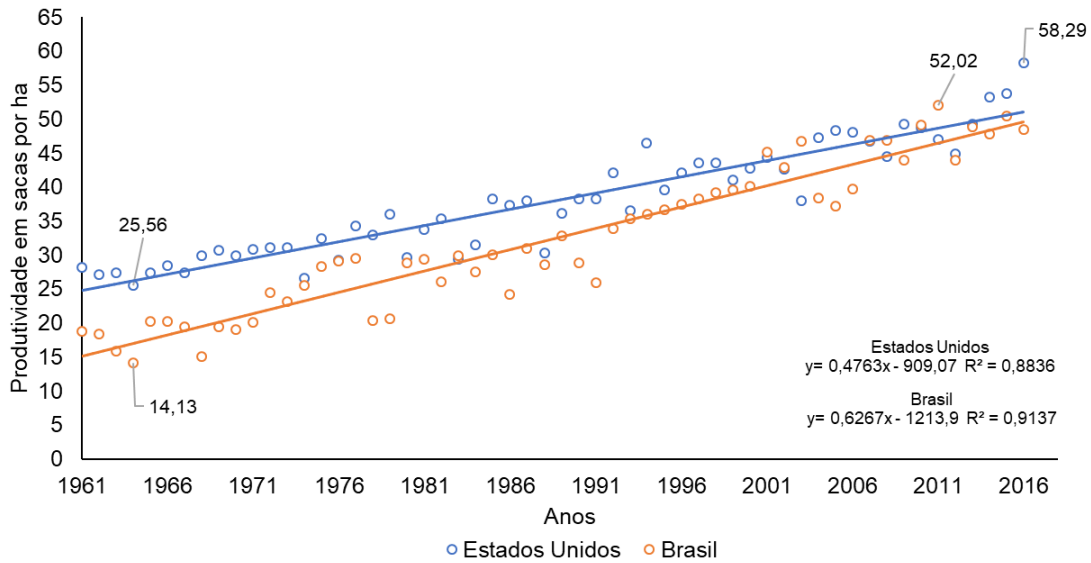


Figura 1. Série histórica da produtividade de soja no Brasil e nos Estados Unidos em sacas de 60 quilos por hectare. Fonte: FAO, 2018.

Tanto para o Brasil quanto para os Estados Unidos a produtividade média mais baixa da série histórica que analisou de 1961 à 2016 foi o ano de 1964 onde os Estados Unidos produziram 25,56 sacas por hectare e o Brasil 14,13. Em 2011 o Brasil apresentou o recorde de produtividade média, 52,02 sacas por hectare e para os Estados Unidos o recorde foi para o ano de 2016 com 58,29 sacas por hectare.

Analisando o coeficiente de regressão da equação de cada país e dividindo pela respectiva média obtemos o ganho genético e ambiental que ocorreu em cada país durante os 56 anos. Para os Estados Unidos esse valor foi de 1,25% sacas por ha por ano e para o Brasil foi de 1,94% sacas por ha por ano.

Esses valores refletem os avanços que ocorreram na cultura em cada país durante os 56 anos que foram analisados. Esses avanços foram na área de genética e melhoramento, que desenvolveram cultivares mais produtivas e adaptadas as regiões de cultivo, resistentes as principais pragas e doenças bem como as novas tecnologias que surgiram e melhoraram o manejo da cultura ao longo desses anos.

No cenário brasileiro o melhoramento vegetal foi fundamental para a expansão da cultura no país, a descoberta do gene de período juvenil longo por Ray et al. (1995), e genes da série E relacionados com a época de florescimento e maturação. Tais descobertas permitiram a expansão da cultura da soja que inicialmente se adaptou

melhor no estado do Rio Grande do Sul, para regiões de baixas latitudes criando novas fronteiras agrícolas.

Para o estado de São Paulo a soja já era cultivada pelos imigrantes japoneses, porém foi somente na safra 1944/1945 que as estatísticas oficiais começaram a apresentar a leguminosa como cultura comercial (MIYASAKA et al., 1981).

A expansão da cultura pelo estado ocorreu de maneira lenta e foi somente no ano agrícola de 1971/1972 que a leguminosa superou os 100 mil hectares (BONATO, 1987).

Atualmente o estado de São Paulo cultivou na safra 2017/18, 961 mil hectares com a leguminosa, que se apresenta principalmente como alternativa ao amendoim nas áreas de renovação dos canaviais (CONAB, 2018).

Mediante o exposto, os objetivos do presente trabalho consistiram em realizar o estudo genético do caráter grupo de maturidade relativa em soja, e selecionar as progênes de melhores desempenhos nas populações estudadas, por meio do uso de índice de seleção.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos fenológicos da cultura da soja

Quando se trata de atividade econômica com margens de lucro tão estreitas, como as da atual sojicultora brasileira, não há espaço para riscos e interpretações duvidosas, por mais insignificantes que pareçam. Para que práticas possam ser aplicadas nos momentos em que irão proporcionar máxima eficiência, é necessário bom conhecimento de como a sua lavoura de soja cresce e se desenvolve (FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007).

O sistema de classificação da soja é dividido em dois estádios, os vegetativos e os reprodutivos (FEHR; CAVINESS, 1977).

Os estádios vegetativos são descritos utilizando-se a letra V seguida de uma enumeração, exceto para o estágio de emergência (V_E) e o cotiledonar (V_C). O V_E inicia-se a partir do momento em que os cotilédones encontram-se acima da superfície do solo, já o estágio V_C é definido quando os cotilédones estão completamente abertos

e expandidos e os bordos das folhas unifoliadas não mais se tocam (NOGUEIRA et al., 2009).

Os estádios subsequentes ao V_c são caracterizados pela quantidade de nós da haste principal, considerando o último no superior com a folha completamente desenvolvida. A folha é considerada completamente desenvolvida quando os bordos da mesma não mais se tocam, desta forma temos que o estágio V_1 ocorre quando as folhas unifoliadas estão completamente desenvolvidas e os bordos da primeira folha trifoliada não mais se tocam (NOGUEIRA et al., 2009).

Os estádios reprodutivos são denominados pela letra R seguida dos números de um até nove e descrevem detalhadamente o período de florescimento e maturação da soja. O estágio R_1 denominado início do florescimento, é quando ocorre uma flor aberta em qualquer nó do caule (haste principal). O R_2 denominado florescimento pleno, é quando tem uma flor aberta em um dos dois últimos nós da haste principal com a folha completamente desenvolvida. O R_3 denominado início da formação da vagem ocorre quando a vagem está com cinco mm de comprimento em um dos quatro últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida. O R_4 denominado vagem completamente desenvolvida, ocorre quando a vagem está com dois centímetros de comprimento em um dos quatro últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida (FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007).

O R_5 é denominado início do enchimento do grão, ocorre quando o grão está com três mm de comprimento em vagem em um dos quatro últimos nós do caule, com folha completamente desenvolvida. Ritchie et al. (1977) propuseram a subdivisão do estágio R_5 , proposto por Fehr e Caviness (1977), em cinco subestádios para um maior detalhamento (NOGUEIRA et al., 2009; FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007).

O $R_{5.1}$ ocorre quando tem grãos perceptíveis ao tato (o equivalente a 10% da granação), o $R_{5.2}$ ocorre quando a granação é de 11% a 25%, o $R_{5.3}$ quando a granação é de 26% a 50%, o $R_{5.4}$ quando a granação é de 51% a 75%, o $R_{5.5}$ quando a granação é de 76% a 100% (NOGUEIRA et al., 2009; FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007).

O R_6 é denominado semente completamente desenvolvida, ocorre quando uma vagem contendo semente verde que preencha a cavidade da vagem localizada em

um dos quatro últimos nós superiores, sobre a haste principal, com folhas completamente desenvolvida (NOGUEIRA et al., 2009).

O R₇ é denominado início da maturação, ocorre quando uma vagem normal sobre a haste principal tenha atingido a cor da vagem madura. O R₈ é denominado maturação plena, ocorre quando 95% de vagens que tenham atingido a cor da vagem madura. R₉ denominado colheita, é quando apresenta a maturação de colheita geralmente são necessários cinco a dez dias de tempo seco, após o R₈, para que a soja apresente menos de 15% de umidade (NOGUEIRA et al., 2009).

2.2 Grupo de maturidade relativa

Como o melhoramento de soja desenvolvido nos Estados Unidos, Canadá e Argentina, tornou-se uma prática geral agrupar a soja de acordo com sua resposta ao fotoperíodo e área de adaptação.

A classificação quanto ao ciclo da cultura nesses países não leva em consideração somente o número de dias para a maturidade, considera-se também principalmente o fotoperíodo, a área de adaptação e a latitude. O conjunto desses fatores vão determinar o grupo de maturidade relativa da cultivar.

Nos Estados Unidos os grupos de maturidade relativa variam de 00 à IX, desde o norte de Dakota até a Flórida (PEDERSEN, 2005). Na Argentina varia de II à VIII (BOWERS, 2011).

No Brasil, Alliprandini et al. (2009), descreveram seis grupos de maturidade variando de V a X (5 a 10), conforme figura 2. EMBRAPA (2012), por meio do documento 330 Regionalização dos testes de Valor de Cultivo e Uso e da indicação de cultivares de soja - Terceira aproximação, dividiu o Brasil em cinco macrorregiões estabelecendo os grupos de maturidade para cada macrorregião de acordo com o ciclo em dias da cultivar.

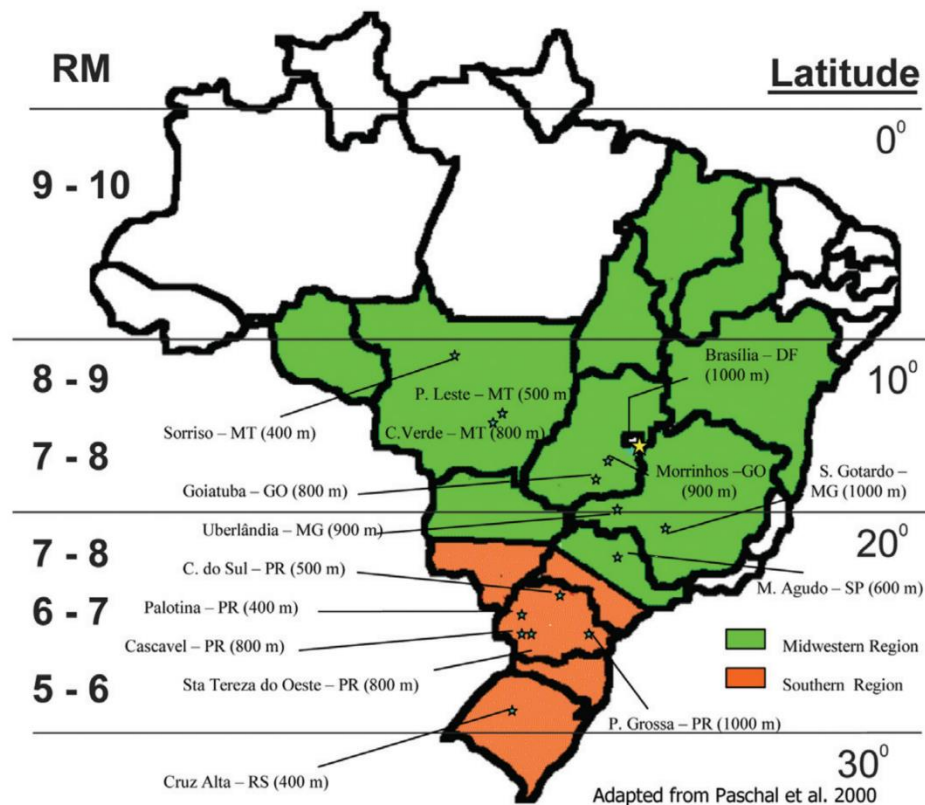


Figura 2. Distribuição dos grupos de maturidades relativas para cultivares de soja no Brasil. Fonte: Alliprandini et al., 2009.

O grupo de maturidade relativa para cada região ou país pode aumentar a medida que novos cultivares forem surgindo com novas combinações genotípicas, onde o último caso foi o surgimento do grupo de maturidade relativa 0000 para regiões de altas latitudes e baixas temperaturas conforme descrito por Jia et al. (2014).

2.3 Genes relacionados com o grupo de maturidade relativa

Em 1920 foi demonstrado por Garner e Allard (1920) que várias plantas, dentre elas a soja, alteram o início da fase reprodutiva em função do comprimento do dia, da noite e da época de semeadura. Os pesquisadores definiram esse fenômeno como fotoperiodismo.

Na soja, Owen (1927) encontrou um par de alelos que controlava a maturidade e designou E/e, Bernard (1971) concluiu que os genes eram os mesmos E₁ e e₁ que

afetaram a maturidade em seu experimento surgindo deste então com a descoberta de novos genes, a série E (Tabela 1).

Tabela 1. Genes que atuam na expressão do caráter grupo de maturidade relativa em soja

Genes	Ação Gênica	Referência
E ₁ /e ₁	Dominância aumentando o GMR	BERNARD (1971)
E ₂ /e ₂	Dominância aumentando o GMR	BERNARD (1971)
E ₃ /e ₃	Dominância aumentando o GMR	BUZZELL (1971)
E ₄ /e ₄	Dominância aumentando o GMR	BUZZELL; VOLDENG (1980)
E ₅ /e ₅	Dominância aumentando o GMR	MCBLAIN; BERNARD (1987)
E ₆ /e ₆	Dominância parcial diminuindo o GMR	BONATO; VELLO (1999)
E ₇ /e ₇	Dominância parcial aumentando o GMR	COBER; VOLDENG (2001)
E ₈ /e ₈	Dominância aumentando o GMR	COBER et al. (2010)
E ₉ /e ₉	Dominância diminuindo o GMR	KONG et al. (2014)
E ₁₀ /e ₁₀	Dominância aumentando o GMR	SAMANFAR et al. (2017)
Dt1/dt1	Dominância condiciona dias longos	LIU et al. (2010)
J/j	Recessivo condiciona dias longos	RAY et al. (1995)

2.4 Ganho com a seleção

O ganho com a seleção permite ao melhorista calcular o progresso genético de seu programa de melhoramento, comparar métodos e estratégias de seleção afim de maximizar seu ganho genético ao longo do tempo.

Existem diversos métodos e estratégias de seleção disponíveis na literatura, porém não existe o melhor método e a melhor estratégia, cada um apresenta suas vantagens e desvantagens e cabe ao melhorista optar por qual método ou combinações deles vai utilizar, de acordo com recursos disponíveis, mão de obra para execução e o objetivo do programa.

Existem duas maneiras de calcular o ganho com a seleção:

A primeira obtemos o ganho com a seleção multiplicando o diferencial de seleção pela herdabilidade da característica. O diferencial de seleção é calculado pela diferença da média da população selecionada e da média da população original.

Este método é utilizado pelos melhoristas quando deseja-se fazer a seleção direta para uma característica específica e quando o melhorista dispõe do valor do diferencial de seleção.

Uma outra maneira de calcular o ganho com a seleção quando o melhorista não dispõe do valor do diferencial de seleção é multiplicarmos a herdabilidade da característica em questão pela intensidade de seleção expressa em desvio padrão fenotípico e pelo desvio padrão da característica em questão.

A intensidade de seleção pode ser obtida em função da proporção de indivíduos que desejamos selecionar na população.

Este segundo método é mais utilizado quando se deseja comparar diferentes métodos e estratégias de seleção, com o objetivo de descobrir qual método maximiza o ganho genético, quando o melhorista não dispõe do valor do diferencial de seleção e quando o objetivo é sempre selecionar uma porcentagem fixa de indivíduos da população.

Alliprandini et al. (1993), avaliando o ganho genético para a cultura da soja no estado do Paraná durante a safra de 1985/1986 à 1989/1990 encontraram ganhos médios anuais de 0,89% kg.ha⁻¹ ano para o grupo de cultivares precoces, 0,38% kg.ha⁻¹ ano para o grupo semi-precoces e de -0,28% kg.ha⁻¹ ano para o grupo de maturidade médio.

Para a Argentina, os ganhos foram de 1,1% kg.ha⁻¹ ano, não havendo diferença entre os grupos de maturidades avaliados, foi constatado uma redução do período vegetativo para as cultivares novas dos grupos de maturidade IV e V e uma redução do teor de proteína nos grãos (DE FELIPE; GERDE; ROTUNDO, 2016).

Nos Estados Unidos, Rincker et al. (2014), avaliaram o ganho genético entre 1923 até 2008 e constataram um ganho de 29 kg.ha⁻¹ ano.

2.5 Índice de seleção

A seleção direta sobre uma determinada característica sempre irá resultar em ganhos genéticos superiores para a característica em questão, porém quando desejamos lançar uma nova cultivar, uma série de características devem ser analisadas simultaneamente para que os genótipos atendam todas as necessidades do mercado consumidor.

Quando fazemos a seleção baseada em uma única característica ou em poucas características, não temos o controle do que acontece com as demais

variáveis que podem estar geneticamente correlacionadas. Os índices de seleções permitem a seleção de múltiplas características ao mesmo tempo, resultando em maiores ganhos acumulados e permite o acompanhamento de como as demais variáveis vão se comportar.

Os índices de seleção vêm sendo largamente utilizados pelos programas de melhoramento genético em diversas culturas. Paula et al. (2002), analisando 44 famílias de meios-irmãos de *Eucalyptus camaldulensis* aplicaram a seleção direta, seleção baseada no índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943) e seleção mediante o índice dos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969). Concluíram que o índice com base nos ganhos desejados proporciona resultados semelhantes aos outros critérios de seleção adotados e que o índice de seleção clássico foi promissor para o melhoramento de múltiplas características em termos de ganhos totais, quando se estabelece como peso econômico para cada característica o equivalente ao coeficiente de variação genética entre famílias.

Ferreira et al. (2005), usaram os índices de Smith (1936) e Hazel (1943) e de Pesek e Baker (1969) ao avaliarem 14 características em 40 genótipos de *Coffea canephora* var. Conilon. Os autores concluíram que os ganhos preditos com o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) são superiores ao índice de Pesek e Baker (1969).

Granate, Cruz e Pacheco (2002), avaliaram 166 famílias de meios-irmãos do composto de milho pipoca CMS-43, os autores usaram os índices de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943), Pesek e Baker (1969), Elston (1963) e de Williams (1962), concluindo que os ganhos preditos com o índice de seleção de Smith (1936) e Hazel (1943) são superiores aos preditos com os demais índices.

Costa et al. (2004), avaliando 26 populações F₂ de soja, realizou a seleção direta e aplicação de índices de seleção, índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice baseado na soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978), índice base de Williams (1962) e índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969).

Os autores concluíram que o uso dos índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que proporcionam maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados e que o índice baseado na soma de "ranks" de Mulamba e Mock

(1978), revelou-se mais adequado nas condições deste trabalho, com progressos superiores em várias situações.

Bizari et al. (2017) avaliando sete populações F_5 de soja trabalhou com a seleção direta e a seleção indireta por meio dos índices de seleção. Os índices utilizados foram: índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice base de Williams (1962), índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) e o índice baseado na distância genótipo-ideótipo (CRUZ, 2004). Os autores concluíram que o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), usando como caracteres principais a produtividade de grãos e o valor agronômico, ambos com peso econômico um, foi o que obteve ganhos mais favoráveis em seu trabalho.

Bárbaro et al. (2007), avaliando cinco populações de soja na geração F_5 , obteve que, para o caráter produtividade de grãos, a maior expectativa de ganho foi a seleção direta entre famílias embora os valores esperados fossem bem próximos aos obtidos com o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978).

De uma maneira geral podemos observar, com base na literatura, que o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), é o que proporciona os maiores ganhos acumulados para a cultura da soja.

3. REFERÊNCIAS

ALLIPRANDINI L.F.; ABATTI C.; BERTAGNOLLI P.F.; CAVASSIM J.E.; GABE H.L.; KUREK A.; MATSUMOTO M.N.; DE OLIVEIRA M.A.R.; PITOL C.; PRADO L.C.; STECKLING C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop science**, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009.

ALLIPRANDINI, L.F.; TOLEDO, J.F.F.; JUNIOR, N.S.F.; DE SOUZA KIIHL, R.A.; DE ALMEIDA, L.A. Ganho genético em soja no Estado do Paraná, via melhoramento, no período de 1985/86 a 1989/90. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 28, n. 4, p.489-497, 1993.

BÁRBARO, I.M.; CENTURION, M.A.P.C.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F_5 de soja. **REVISTA CERES**, v. 54, n. 313, 2007.

BERNARD, R.L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, v. 11, n. 2, p.242-244, 1971.

BIZARI, E.H.; VAL, B.H.P.; PEREIRA, E.D.M.; MAURO, A.O.D.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p.110-117, 2017.

BONATO, E.R; BONATO, A.L.V. A soja no Brasil: história e estatística. **Embrapa Soja-Documentos (INFOTECA-E)**, 1987. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/446431/1/Doc21.pdf>>. Acesso em: 18 jan. 2018.

BONATO, E.R.; VELLO, N.A. E6, a dominant gene conditioning early flowering and maturity in soybeans. **Genetics and Molecular Biology**, v. 22, n. 2, p.229-232, 1999.

BOWERS, G.R. **Soybean Production Systems in Argentina and Brazil**. 2011. Disponível em: <http://soybase.org/meeting_presentations/soybean_breeders_workshop/SBW_2011/Bowers.pdf>. Acesso em: 14 out. 2017.

BUZZELL, R.I. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent-daylength conditions. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, v. 13, n. 4, p.703-707, 1971.

BUZZELL, R.I.; VOLDENG, H.D. Inheritance of insensitivity to long daylength. **Soybean Genetics Newsletter**, v. 7, n. 1, p. 26-29, 1980.

COBER, E.R.; MOLNAR, S.J.; CHARETTE, M.; VOLDENG, H.D. A new locus for early maturity in soybean. **Crop Science**, v. 50, n. 2, p. 524-527, 2010.

COBER, E.R; VOLDENG, H.D. A new soybean maturity and photoperiod-sensitivity locus linked to E1 and T. **Crop Science**, v. 41, n. 3, p. 698-701, 2001.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Levantamentos de safras. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/18_01_11_14_17_49_graos_4_o_levantamento.pdf>. Acesso em: 18 jan. 2018.

COSTA, M.M.; DI MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p.1095-1102, 2004.

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

DAFFERT, F.W. **Relatório anual do instituto Agrônomo do Estado de São Paulo**. Campinas, 1982, 26p.

DE FELIPE, M.; GERDE, J.A.; ROTUNDO, J.L. Soybean Genetic Gain in Maturity Groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, v. 56, n. 6, p.3066-3077, 2016.

D'UTRA, G. Soja. *Jornal do Agricultor*, 4(168):185-188, 1982.

ELSTON, R.C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, v. 19, n. 1, p.85-97, 1963.

EMBRAPA. **Documento 330**: Regionalização dos testes de Valor de Cultivo e Uso e da indicação de cultivares de soja - Terceira aproximação. 2012. Disponível em: <http://www.cnpsa.embrapa.br/download/Doc_330-OL.pdf>. Acesso em: 14 out. 2017.

FAO, F. Agriculture Organization of the United Nations. FAOSTAT statistics database, 2018. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em: 18 jan. 2018.

FARIAS, J.R.B.; NEPOMUCENO, A.L.; NEUMAIER, N. **Circular Técnica 48**: Ecofisiologia da Soja. 2007. Disponível em: <<http://www.cnpsa.embrapa.br/download/cirtec/cirtec48.pdf>>. Acesso em: 14 out. 2017.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. **State of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11p. (Special report 80).

FERREIRA, A.; CECON, P.R.; CRUZ, C.D.; FERRÃO, R.G.; DA SILVA, M.F.; DA FONSECA, A.F.A.; FERRÃO, M.A.G. Seleção simultânea de *Coffea canephora* por meio da combinação de análise de fatores e índices de seleção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 40, n. 12, p.1189-1195, 2005.

GARNER W.W.; ALLARD H.A. Effect of the relative length of day and night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. **Journal of Agricultural Research**. v. 18, n. 11, p. 553-606, 1920.

GRANATE, M.J.; CRUZ, C.D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 37, n. 7, p.1001-1008, 2002.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, New York, v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943.

JIA, H.; JIANG, B.; WU, C.; LU, W.; HOU, W.; SUN, S.; YAN, H.; HAN, T. Maturity Group Classification and Maturity Locus Genotyping of Early-Maturing Soybean Varieties from High-Latitude Cold Regions. **Plos one**, v. 9, n. 4, p. e94139, 2014.

KONG, F.; NAN, H.; CAO, D.; LI, Y.; WU, F.; WANG, J.; LU, S.; YUAN, X.; COBER, E.R.; ABE, J.; LIU, B. A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p.2529-2535, 2014.

LIU, B.; WATANABE, S.; UCHIYAMA, T.; KONG, F.; KANAZAWA, A.; XIA, Z.; NAGAMATSU, A.; ARAI, M.; YAMADA, T.; KITAMURA, K; MASUTA, C. The soybean stem growth habit gene Dt1 is an ortholog of Arabidopsis TERMINAL FLOWER1. **Plant Physiology**, v. 153, n. 1, p.198-210, 2010.

MCBLAIN, B.A.; BERNARD, R.L. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. **Journal of Heredity**, v. 78, n. 3, p.160-162, 1987.

MIRANDA, A.C. de; MIYASAKA, S.; MASCARENHAS, H.A.A.; ROSSETTO, C.J. Melhoramento de cultivares no Brasil: no Estado de São Paulo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). A soja no Brasil. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p.311-324.

MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p.40-57, 1978.

NASS-National Agricultural Statistics Service, Agricultural Statistics Board, United States Department of Agriculture (USDA), 2017. Disponível em: <<https://usda.mannlib.cornell.edu/usda/current/Acre/Acre-06-30-2017.pdf>>. Acesso em: 18 jan. 2018.

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

OWEN, F.V. Inheritance studies in soybeans. II. Glabrousness, color of pubescence, time of maturity, and linkage relations. **Genetics**, v. 12, n. 6, p. 519-529, 1927.

PAULA, R.C.D.; PIRES, I.E.; BORGES, R.D.C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 37, n. 2, p.159-165, 2002.

PEDERSEN, P. **Soybean Growth and Development**. 2005. Disponível em: <https://crops.extension.iastate.edu/files/article/SoybeanGrowthandDevelopment_0.pdf>. Acesso em: 14 out. 2017.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selection indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969.
RAY, J.D.; HINSON, K.; MANKONO, J.; MALO, M.F. Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. **Crop Science**, v. 35, n. 4, p.1001-1006, 1995.

RINCKER, K.; NELSON, R.; SPECHT, J.; SLEPER, D.; CARY, T.; CIANZIO, S.R.; CASTEEL, S.; CONLEY, S.; CHEN, P.; DAVIS, V.; FOX, C. Genetic improvement of US soybean in maturity groups II, III, and IV. **Crop Science**, v. 54, n. 4, p.1419-1432, 2014.

RITCHIE, S.W.; JOHN, J.J.H.; HARVEY, E.T. **How a soybean plant develops**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977.20p. (Special Report, 53).

ROESSING, A.C.; MENEGHELO, D.G. Perspectiva de crescimento da produção de soja no Mato Grosso frente a política de subsídios dos Estados Unidos. In: EMBRAPA, S., 2001. Tecnologias de produção de soja-Região Central do Brasil-2001/2002.

Embrapa Soja-Documentos (INFOTECA-E), 2001. Disponível em: <<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/450095/1/doc167.pdf>>. Acesso em: 18 jan. 2018.

SAMANFAR, B.; MOLNAR, S.J.; CHARETTE, M.; SCHOENROCK, A.; DEHNE, F.; GOLSHANI, A.; BELZILE, F.; COBER, E.R. Mapping and identification of a potential candidate gene for a novel maturity locus, E10, in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 2, p.377-390, 2017.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, Cambridge, Inglaterra, v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936.

WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v. 18, n. 3, p.375-393, 1962.

CAPÍTULO 2 – Estudo genético do grupo de maturidade relativa em populações derivadas de cultivares comerciais de soja

Genetic study of relative maturity group in populations derived from commercial soybean cultivars

RESUMO – A série de genes E condiciona resposta mediada pelo fotoperíodo para o início do florescimento e para a maturidade, portanto influenciando diretamente o caráter grupo de maturidade relativa (GMR). Até o presente momento encontram-se descritos na literatura dez genes da série E, E₁ a E₁₀, o gene Dt1 e o gene J que condiciona o período juvenil longo, porém não se sabe ainda quanto e nem como esses genes influenciam o caráter. Mediante o exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu em realizar o estudo genético do caráter GMR. Foram realizados dois cruzamentos artificiais entre as cultivares BMX Potência RR x BMX Energia RR e BRS 245 RR X BRS 278 RR contrastantes para o caráter GMR, para cada cruzamento foram obtidas as gerações F₁ e F₂. Os genitores e suas respectivas gerações foram conduzidos a campo para a realização da fenotipagem do GMR. Para o estudo de herança do caráter GMR foi utilizado o teste de escala conjunta por meio dos quadrados mínimos ponderados. A metodologia permite a detecção de genes de menor efeito, ou modificadores da característica em questão, sendo possível a estimação do efeito ambiental. Para as duas populações estudadas não houve efeito significativo de dominância atuando na expressão do caráter GMR. Na primeira população derivada dos genitores BMX Potência RR e BMX Energia RR foi estimado que dois genes atuam de maneira aditiva na expressão do caráter e a contribuição média estimada de cada alelo foi em 0,11. Na segunda população derivada dos genitores BRS 245 RR e BRS 278 RR foi estimado que um gene atua de maneira aditiva na expressão do caráter sendo a contribuição estimada de cada alelo em -0,515.

Palavras-chave: Ciclo de maturidade, *Glycine max* L., Período juvenil longo

ABSTRACT – The E gene sequence conditions response mediated by the photoperiod to the beginning of flowering and to maturity, thus directly influencing the relative maturity group (RMG) character. Ten genes from the E series, E1 to E10, Dt1 gene and the J gene that characterizes the long juvenile period have been described to date, but it is not yet known how many or how these genes act to influence the character. Based on the exposed, the objective of the present work was to carry out the genetic study of RMG character. Two artificial crosses between commercial soybean cultivars BMX Potência RR x BMX Energia RR and BRS 245 RR X BRS 278 RR contrasting RMG were performed, for each crossing the F₁ and F₂ generations were obtained. The parents and their respective generations were taken to the field to perform the RMG phenotyping. For the RMG character inheritance study, was used the joint scale test methodology by means of weighted least squares. This methodology allows the detection of less effect genes or modifiers the characteristic in case, being possible the estimation of environmental effect. For the two populations studied there was no significant effect of dominance acting on RMG character expression. In the first population derived from the BMX Potência RR and BMX Energia RR parents it was estimated that two genes act in an additive way in character expression, the estimated mean contribution of each allele is 0.11. In the second population derived from the BRS 245 RR and BRS 278 RR parents, it was estimated that one gene acts in an additive manner in the expression of the character and the estimated contribution of each allele is -0.515.

Key words: Maturation cycle, *Glycine max* L., Long juvenile period.

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é o segundo maior produtor de soja, sendo superado somente pelos Estados Unidos. O país teve um aumento de 3,48% de área cultivada no ano agrícola 2017/2018, com produção total de 114,962 milhões de toneladas, sendo 0,78% superior em relação à safra 2016/2017 (CONAB, 2018).

A soja é considerada uma planta de dias curtos, ou seja, à medida que o número de horas de luz do dia diminui, a planta recebe estímulos para entrar no estágio reprodutivo, sendo o número exato de horas particular de cada cultivar (BARROS; SEDIYAMA, 2009). Originária da China entre as latitudes 30° e 45° norte, o cultivo dessa planta sob condições de dias curtos (cultivo de inverno) ou ainda em baixas latitudes pode resultar em florescimento precoce, plantas pequenas e com baixa produtividade de grãos (CARPENTIERI-PIPOLO; ALMEIDA; KIIHL, 2002).

O ciclo da soja é definido pelo período de emergência até o período em que a soja entra no estágio de maturidade R_8 (FEHR; CAVINESS, 1977). Até alguns anos atrás, no Brasil, os genótipos de soja eram classificados em superprecoce, precoce, semiprecoce, médio, semitardio e tardio, não havendo conformidade entre as classificações para as diferentes latitudes do país (EMBRAPA, 2010).

Visando à solução desse problema, a exemplo do ocorrido nos EUA, para o Brasil foi proposta a divisão em faixas de latitudes, correspondentes a grupos de maturidade, variando de V a X. Para a obtenção de tais dados, experimentos foram conduzidos por três anos nas diversas regiões do Brasil, com o objetivo de avaliar uma coleção brasileira de cultivares comerciais de soja em diferentes locais e tentar classificar suas respostas para diferentes latitudes e altitudes assim como as interações genótipo com ambiente utilizando o grupo de maturidade relativa (GMR). Recentemente, empresas privadas e públicas de melhoramento genético têm procurado adaptar, para as condições brasileiras, essa classificação de grupos de maturidade proposta pelos autores Alliprandini *et al.* (2009) e EMBRAPA (2010). Neste estudo, Alliprandini *et al.* (2009), estimaram equações de regressão para as regiões Sul e Centro-Oeste, e por meio destas é possível estimar o grupo de maturidade da cultivar baseando-se no número de dias para a maturidade.

Sabe-se que a série de genes E condiciona resposta mediada pelo fotoperíodo para o início do florescimento e para a maturidade, portanto influenciando diretamente o caráter GMR. Até o presente momento, encontram-se descritos na literatura dez genes da série E. E_1 e E_2 (BERNARD, 1971), E_3 (BUZZELL, 1971), E_4 (BUZZELL; VOLDENG, 1980), E_5 (MCBLAIN; BERNARD, 1987), E_6 (BONATO; VELLO, 1999), E_7 (COBER; VOLDENG, 2001), E_8 (COBER *et al.*, 2010), E_9 (KONG *et al.*, 2014), E_{10} (SAMANFAR *et al.*, 2017) e

outros dois que também influenciam o caráter GMR, Dt1 (LIU *et al.*, 2010) e J (RAY *et al.*, 1995).

Apesar da influência destes genes no início no florescimento e na maturidade da soja, não se sabe ainda quanto e nem como esses genes atuam influenciando o caráter GMR.

Mediante o exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu em realizar o estudo genético do caráter grupo de maturidade relativa em populações derivadas de cultivares comerciais de soja.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Foram realizados cruzamentos artificiais entre cultivares comerciais de soja contrastantes para o caráter GMR, em casa de vegetação provida de iluminação artificial e controle de temperatura.

As cultivares utilizadas para elaboração dos cruzamentos apresentam os respectivos GMR: BMX Potência RR - GMR 6,7, BMX Energia RR - GMR 5,3, BRS 278 RR - GMR 9,4 e BRS 245 RR - GMR 7,3.

Os cruzamentos foram realizados com o intuito de estudar a herança para o caráter GMR entre cultivares de GMR precoce com intermediária e intermediária com tardia. Desta forma os cruzamentos realizados foram:

1) BMX Potência RR(♀) X BMX Energia RR(♂) e 2) BRS 245 RR(♀) X BRS 278 RR(♂).

Cada planta F₁, após ser confirmado o cruzamento com o uso de marcadores morfológicos e moleculares (microssatélites), foi conduzida dentro da casa de vegetação permitindo que a autofecundação ocorresse naturalmente, dando origem às sementes F₂.

Em novembro de 2015 foram semeadas no campo os genitores, bem como as gerações F₁ e F₂ dos cruzamentos 1 e 2.

As plantas foram fenotipadas para o número de dias para a maturidade (NDM): caráter avaliado no estágio R₈ de desenvolvimento da planta de acordo com a escala de Fehr e Caviness (1977). De posse do NDM, foi estimado o GMR por meio da equação de regressão (1) para a região sul na qual Jaboticabal está inserida.

$$1) \text{GMR} = (0,099 \times \text{NDM}) - 5,499 \quad (R^2 = 0,986)$$

onde o GMR é determinado em função do NDM, de acordo com o estudo de Alliprandini *et al.* (2009).

Para o estudo de herança do caráter GMR, foi utilizado o teste de escala conjunta por meio dos quadrados mínimos ponderados (MATHERS; JINKS, 1982). A metodologia permite a detecção de genes de menor efeito, ou modificadores da característica em questão, sendo possível a estimação do efeito ambiental.

Foram utilizados os dois genitores e as duas gerações descendentes (P₁, P₂, F₁ e F₂) para estimar três parâmetros (m, a e d). Os parâmetros foram estimados pela seguinte expressão:

$$3.0) \hat{\beta} = (C'NS^{-1}C)^{-1}(C'NS^{-1}Y)$$

Onde:

$$3.1) \hat{\beta} = \begin{bmatrix} \hat{m} \\ \hat{a} \\ \hat{d} \end{bmatrix} \quad 3.2) C = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 1 & -1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0,5 \end{bmatrix} \quad 3.3) N = \begin{bmatrix} n_{P_1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & n_{P_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & n_{F_1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & n_{F_2} \end{bmatrix}$$

$$3.4) S = \begin{bmatrix} v_{P_1} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & v_{P_2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & v_{F_1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & v_{F_2} \end{bmatrix} \quad 3.5) Y = \begin{bmatrix} \bar{P}_1 \\ \bar{P}_2 \\ \bar{F}_1 \\ \bar{F}_2 \end{bmatrix}$$

\hat{m} é o estimador da média, \hat{a} o estimador dos desvios do homozigoto em relação à média e \hat{d} o estimador do desvio do heterozigoto em relação à média. C é a matriz de parâmetros do modelo, N é a matriz associada ao número de plantas avaliadas em cada geração, S a matriz de

variâncias associadas às gerações e Y é o vetor de médias de cada geração. A estimativas dos parâmetros genéticos foram realizadas conforme descrito por Cruz, (2006).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 População 1

Conforme a Tabela 1, o efeito de média foi significativo pelo teste T a 5% de probabilidade com estimativa de 5,60, o efeito de aditividade também foi significativo com estimativa de 0,44 e o efeito de dominância não foi significativo com efeito de 0,27.

Tabela 1 - Estimativa dos componentes de média do caráter grupo de maturidade relativa (GMR), referente a população 1 BMX Potência RR x BMX Energia RR)

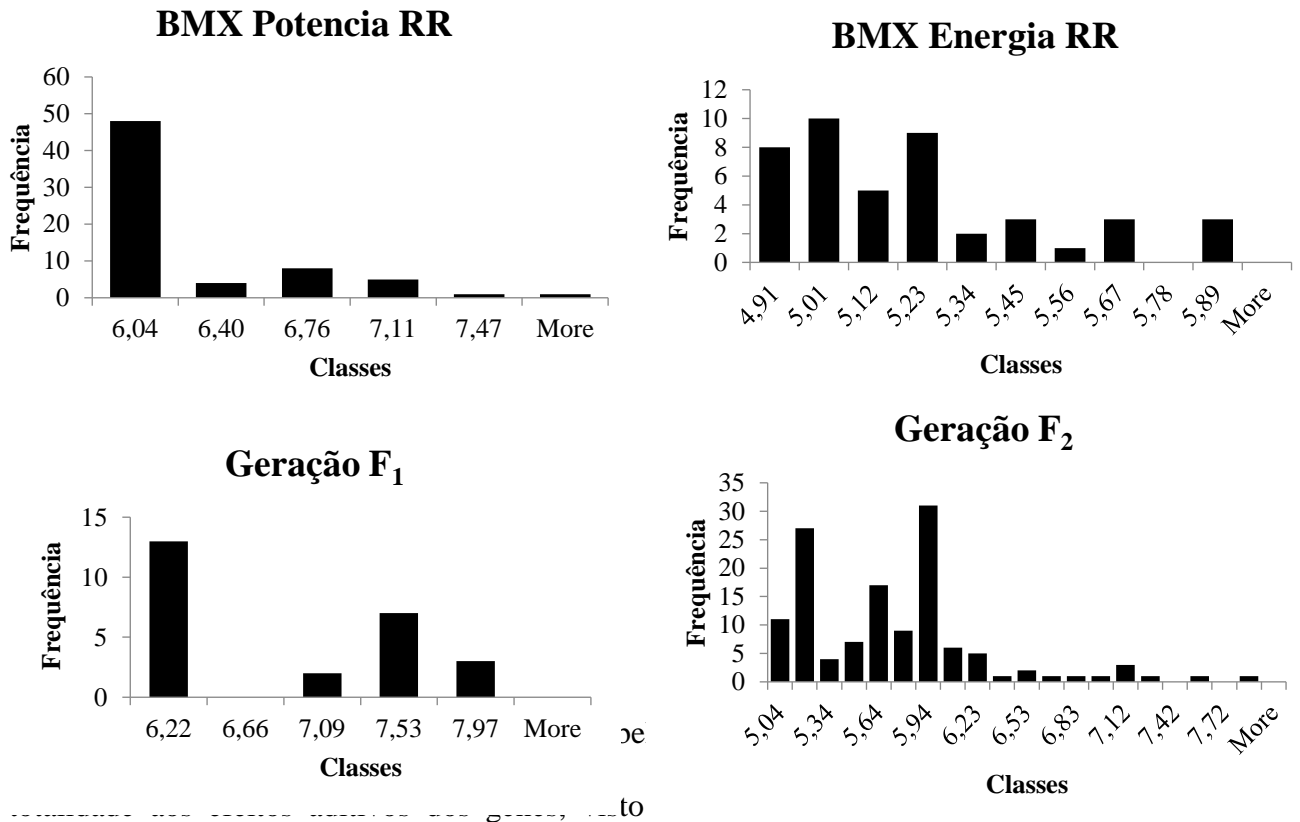
Parâmetros do Modelo	Estimativa	Variância	T	GL	P-Valor
\hat{m}^1	5,60	0,04	28,58	261	0,00
\hat{a}^2	0,44	0,00	12,79	261	0,00
\hat{d}^3	0,27	0,19	0,63	261	0,53
Gerações	Médias		Gerações	Médias	
	Observada	Estimada		Observada	Estimada
BMX Potência RR	6,08	6,05	F ₁	6,56	5,88
BMX Energia RR	5,18	5,16	F ₂	5,63	5,74
X ²					0,08
P-Valor					0,99

¹. Representa o ponto médio entre os dois genótipos homozigotos; ². Mede o afastamento de cada genótipo homozigoto em relação à média; ³. Representa o afastamento do heterozigoto em relação à média

Tais resultados inferem que o caráter GMR para a população não possui efeito de dominância e sim um efeito de complementariedade proporcionado pela ação gênica aditiva.

O modelo está adequado de acordo com a Tabela 1 onde o p-valor foi de 0,99 aceitando a hipótese de que as médias observadas para as gerações não diferem estatisticamente das médias estimadas a 5% de probabilidade. A figura 1 apresenta a distribuição de frequências para o caráter grupo de maturidade relativa referente a população 1.

Figura 1 – Histograma do caráter grupo de maturidade relativa, referente a população 1 BMX Potencia RR X BMX Energia RR



significativo e o da dominância foi estatisticamente igual a 0 (Tabela 1).

Tabela 2 - Estimativa de parâmetros genéticos para o caráter grupo de maturidade relativa (GMR) referente e população 1 (BMX Potência RR X BMX Energia RR)

Parâmetros	Estimativa
Variância fenotípica	0,30
Variância ambiental	0,14
Variância genotípica	0,16
Herdabilidade ampla	0,53
Gmd (variâncias)	0,62
Valor máximo nos genitores	7,47
Valor mínimo nos genitores	4,80
Valor máximo na F ₂	7,87
Valor mínimo na F ₂	4,90
Número de genes (variâncias)	1,98
Tamanho mínimo da população F ₂	71,36

A herdabilidade no sentido amplo para a população foi de 0,53, valor relativamente baixo isso devido ao fato da variância ambiental estar muito próxima da variância genética (Tabela

2). O grau médio de dominância foi 0,62, o que corresponderia a uma dominância parcial caso fosse significativo pelo teste T a 5% de probabilidade, sendo assim não temos efeito de dominância para a população 1 (Tabelas 1 e 2).

O valor máximo na geração F₂ foi de 7,87, superando o valor máximo dos genitores, sendo assim nesse caso existe a presença de segregante transgressivo reforçando ainda mais a hipótese do efeito aditivo dos genes (Tabela 2).

O número estimado de genes que controla o caráter GMR na população foram dois e o tamanho mínimo da população F₂ necessário para que um dos extremos do fenótipo ocorra é de 72 indivíduos (Tabela 2).

Bernardo (2010) citado por Ramalho *et al.* (2012), argumenta que, considerando um loco, o termo aditivo pode implicar que os alelos atuam de modo aditivo, ou seja, o termo aditivo implicaria que a variância aditiva existiria apenas nos locos em que não ocorre dominância. Contudo a variância aditiva indica que qualquer loco, independente de não ter dominância, com dominância parcial, completa ou até mesmo sobredominância pode contribuir para a variância aditiva. Deixando bem claro que a presença de variância aditiva na população não implica necessariamente em que todos os alelos atuem predominantemente de modo aditivo.

3.2 População 2

O teste de escala conjunta detectou somente como significativos pelo teste T a 5% de probabilidade os efeitos de média e de aditividade. O efeito de média foi estimado em 7,46 o de aditividade em -1,03 e o de dominância em 0,02 (Tabela 3).

Tabela 3 - Estimativa dos componentes de média do caráter grupo de maturidade relativa (GMR), referente a população 2 (BRS 245 RR X BRS 278 RR)

Parâmetros do Modelo	Estimativa	Variância	T	GL	Probabilidade
\hat{m}^1	7,46	0,037	38,36	389	0,00
\hat{a}^2	-1,03	0,002	25,06	389	0,00
\hat{a}^3	0,02	0,166	0,06	389	0,95
Gerações	Médias		Gerações	Médias	
	Observada	Estimada		Observada	Estimada
BRS 245 RR	6,55	6,43	F ₁	7,81	7,48
BRS 278 RR	8,53	8,48	F ₂	7,24	7,47
X ²			0,02		
P-Valor			0,99		

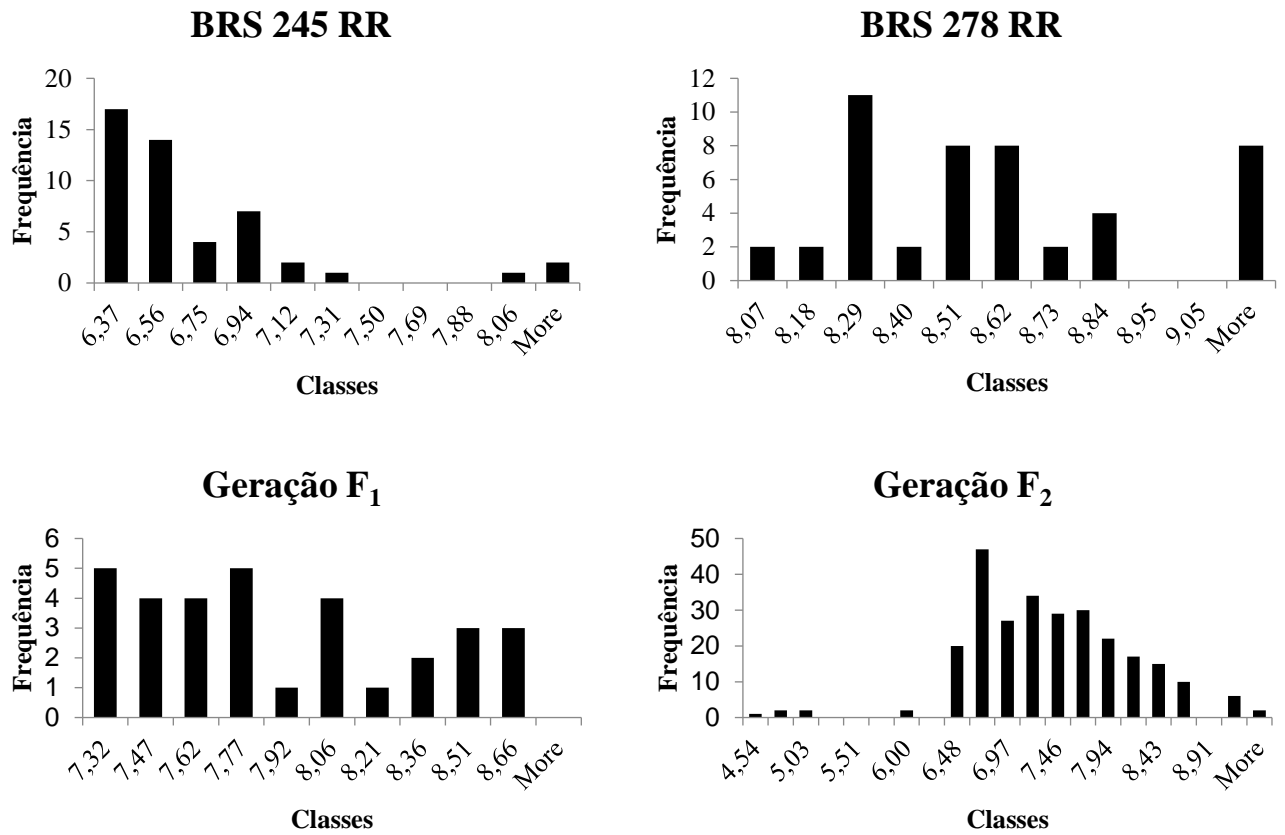
¹. Representa o ponto médio entre os dois genótipos homozigotos; ². Mede o afastamento de cada genótipo homozigoto em relação à média; ³. Representa o afastamento do heterozigoto em relação à média

Embora na literatura existam trabalhos como o de Bonato e Vello (1999) descrevendo o gene E6 como dominante para o florescimento e maturidade precoce em soja e o trabalho de Ray *et al.* (1995) descrevendo o gene J também com efeito de dominância no sentido de precocidade para o florescimento e maturidade, nas duas populações estudadas não foi possível detectar esse efeito, isso provavelmente ocorreu porque os genitores em ambas as populações eram homozigotos para os genes citados acima.

De acordo com o trabalho de Cavassim *et al.* (2013) a cultivar BRS 245 RR possui o período juvenil longo condicionado pelo gene J, sabe que a cultivar BRS 278 RR também possui período juvenil longo, assim não sendo possível detectar o efeito do gene, uma vez que não ocorre variação nas gerações descendentes.

O modelo foi considerado adequado de acordo com a Tabela 3, onde o p-valor foi de 0,99 aceitando a hipótese de que as médias observadas para as gerações não diferem estatisticamente das médias estimadas a 5% de probabilidade. A figura 2 apresenta a distribuição de frequências para o caráter grupo de maturidade relativa referente a população 2.

Figura 2 – Histograma do caráter grupo de maturidade relativa, referente a população 2 BRS 245 RR X BRS 278 RR



A variância genotípica da população (Tabela 4) é atribuída totalmente ao efeito do componente aditivo, uma vez que o efeito da aditividade foi significativo e o de dominância não, pelo teste T a 5% de probabilidade (Tabela 3).

Tabela 4 - Estimativa de parâmetros genéticos para o caráter grupo de maturidade relativa (GMR) referente a população 2 (BRS 245 RR X BRS 278 RR)

Parâmetros	Estimativa
Variância fenotípica	0,60
Variância ambiental	0,16
Variância genotípica	0,44
Herdabilidade ampla	0,73
Gmd (variâncias)	-0,02
Valor máximo nos genitores	9,05
Valor mínimo nos genitores	6,18
Valor máximo na F ₂	9,15
Valor mínimo na F ₂	4,30
Número de genes (variâncias)	1,16
Tamanho mínimo da população F ₂	16

A herdabilidade calculada no sentido amplo para a população 2 (Tabela 4) foi de 0,73, sendo esse valor considerado médio. Quando comparado com a população 1 (Tabela 2) esse valor foi 38% superior, isso aconteceu devido a maior variância genotípica da população 2, embora o número de genes responsáveis pela variação da característica foi apenas um, enquanto que a para a população 1, foram dois genes (Tabelas 2 e 4).

O grau médio de dominância para a população 2 foi -0,02, além de ser um valor extremamente baixo, foi não significativo pelo teste T a 5% de probabilidade, ou seja, não existe o efeito de dominância para a população (Tabelas 3 e 4).

Na população o valor máximo na geração F₂ foi de 9,15 e o mínimo de 4,30 superando os valores máximo e mínimo dos genitores, ocorrendo assim, segregante transgressivo em relação a ambos genitores (Tabela 4).

O número estimado de genes que controla o caráter GMR foi um e o tamanho mínimo necessário da população F₂ para que um dos extremos do fenótipo ocorra é de 16 indivíduos (Tabela 4).

4. CONCLUSÕES

1. Para as duas populações estudadas não houve efeito significativo de dominância atuando na expressão do caráter grupo de maturidade relativa.
2. Na população 1 foi estimado que dois genes atuam de maneira aditiva na expressão do caráter grupo de maturidade relativa.
3. Na população 2 foi estimado que um gene atua de maneira aditiva na expressão do caráter grupo de maturidade relativa.

5. REFERÊNCIAS

- ALLIPRANDINI, L. F. *et al.* Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop science**, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009.
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T. Luz, Umidade e Temperatura. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009. Cap. 3. p. 17-27
- BERNARD, R. L. Two major genes for time of flowering and maturity in soybeans. **Crop Science**, v. 11, n. 2, p. 242-244, 1971.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2. ed. Woodbury: Stemma Press, 2010. 400 p.
- BONATO, E. R.; VELLO, N. A. Genetic aspects of the time to flowering in natural variants of soybean. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 34, n. 6, p. 988-993, 1999.

BUZZELL, R. I. Inheritance of a soybean flowering response to fluorescent-daylength conditions. **Canadian Journal of Genetics and Cytology**, v. 13, n. 4, p. 703-707, 1971.

BUZZELL, R. I.; VOLDENG, H. D. Research Notes: Inheritance of insensitivity to long daylength. **Soybean Genetics Newsletter**, v. 7, n. 1, p. 13, 1980.

CARPENTIERI-PIPOLO, V.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Inheritance of a long juvenile period under short-day conditions in soybean. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 4, p. 463-469, 2002.

CAVASSIM, J. *et al.* Stability of soybean genotypes and their classification into relative maturity groups in Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 4, n. 11, p. 2060-2069, 2013.

COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. A New Soybean Maturity and Photoperiod-Sensitivity Locus Linked to and. **Crop Science**, v. 41, n. 3, p. 698-701, 2001.

COBER, E. R. *et al.* A new locus for early maturity in soybean. **Crop Science**, v. 50, n. 2, p. 524-527, 2010.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). **Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos: sétimo levantamento**. V.5, N.7, 2018 Disponível em: <
https://www.conab.gov.br/index.php/component/k2/item/download/16780_e7a4a52ee1db76ad1a8cfda9b2343c48>. Acesso em: 3 mai. 2018.

CRUZ, C.D. Programa Genes: Biometria. Editora UFV. Viçosa (MG). 382p. 2006

EMBRAPA. **Cultivares de Soja: Regiões Sul e Central do Brasil 2010/2011**. 2010. Disponível em: <<http://www.cnpso.embrapa.br/download/FolhetoSoja.pdf>>. Acesso em: 09 abr. 2017.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **State of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11p. (Special report 80).

KONG, F. *et al.* A new dominant gene conditions early flowering and maturity in soybean. **Crop Science**, v. 54, n. 6, p. 2529-2535, 2014.

LIU, B. *et al.* The soybean stem growth habit gene Dt1 is an ortholog of Arabidopsis TERMINAL FLOWER 1. **Plant Physiology**, v. 153, n. 1, p. 198-210, 2010.

MATHER, K.; JINKS, J. L. **Biometrical genetics: the study of continuous variation**. Springer, 2013. 376 p.

MCBLAIN, B. A.; BERNARD, R. L. A new gene affecting the time of flowering and maturity in soybeans. **Journal of Heredity**, v. 78, n. 3, p. 160-162, 1987.

PESTANA, K.N. **Caracterização fenotípica e molecular da resistência do cafeeiro Híbrido de Timor a *Hemileia vastatrix***. 2010. 72 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2010.

RAMALHO, M. A. P. *et al.* Obtendo informações dos caracteres quantitativos - Componentes genéticos de variância. In: RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da Genética Quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ufla, 2012. Cap. 6, p. 83-121.

RAY, J. D. *et al.* Genetic control of a long-juvenile trait in soybean. **Crop Science**, v. 35, n. 4, p. 1001-1006, 1995.

SAMANFAR, B. *et al.* Mapping and identification of a potential candidate gene for a novel maturity locus, E10, in soybean. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 130, n. 2, p. 377-390, 2017.

CAPÍTULO 3 – Seleção de progênies oriundas de genitores contrastantes para o caráter grupo de maturidade relativa em soja

Selection of progenies from contrasting parents for the relative maturity group trait in soybean

RESUMO – Tanto para a cultura da soja quanto para as demais culturas, o melhoramento não ocorre somente para um único caráter, sendo que o melhorista trabalha concomitantemente com vários caracteres e o ganho genético deve ser distribuído entre eles. Para auxiliar no processo de seleção de vários caracteres ao mesmo tempo, os melhoristas dispõem de ferramentas conhecidas como índices de seleção, que lhes permitem obtenção de ganhos balanceados. Dentre os diversos índices de seleção que existem, destacam-se o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock, o índice baseado nos ganhos desejados e o índice baseado na distância genótipo-ideótipo. Visando obter ganhos balanceados para os caracteres avaliados, o objetivo do presente trabalho consistiu em selecionar progênies F₃ de soja usando os referidos índices. Foram semeadas 129 progênies F₃ derivadas do cruzamento de variedades comerciais, sendo avaliados seis caracteres agronômicos: altura de inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de dias para maturidade (NDM), acamamento (AC), valor agronômico (VA) e produção de grãos (PG). O efeito de progênies foi significativo para o teste F a 5% de probabilidade apenas para APM e NDM. Em relação aos ganhos genéticos totais obtidos com a aplicação dos índices foram: 16,19 % para soma de “ranks”, 28,68 % para o índice baseado nos ganhos desejados e 20,58 para o índice distância genótipo ideótipo. Entre as progênies selecionadas destacam-se as progênies 16, 46, 81 e 87 por apresentarem caracteres agromorfológicos mais adequados para a região de Jaboticabal.

Palavras-chave: *Glycine max* L., Ganho com a seleção, Índice de seleção

ABSTRACT – For soybean as well for other crops, breeding does not occur only for a single character, the breeder works concurrently with several characters and the genetic gain must be distributed among them. To aid in the process of selecting multiple characters at the same time, breeders have tools know as selection indexes that allow them to achieve balanced gains. Among the various selection indexes that exist, we highlight the index based on the sum of ranks proposed by Mulamba and Mock, the index based on desired gains and the index based on distance genotype ideotype. In order to obtain balanced gains for the evaluated characters, the objective of the present work was to select soybean F₃ progenies using the referred indexes. A hundred twenty-nine F₃ progenies derived from the crosses of commercial varieties were sown and six agronomic characters were evaluated: height of first pod insertion (HPI), plant height at maturity (PHM), number of the days for maturity (NDM), lodging (LD), agronomic value (AV) and grain yield (GY). The effect of progenies was significant for the F test at 5% probability only for PHM and NDM. In relation to the total genetic gains obtained with the indexes application were: 16.19 % for the sum of ranking, 28.68 % for index based on desired gains and 20.58 % for the index based on distance genotype ideotype. Between selected progenies highlight 16, 46, 81 and 87 because they present more suitable agromorphological characters for the region of Jaboticabal.

Keywords: *Glycine max* L., Gain with the selection, Selection index

1. INTRODUÇÃO

Desde 1947 quando se iniciaram as primeiras hibridações com soja no Brasil até os dias de hoje, é evidente a importância que o melhoramento genético vem trazendo para a cultura. Tais práticas permitiram sua expansão da região sul aonde foi plantada inicialmente para regiões de baixas latitudes, melhorou a mecanização e obteve ganhos significativos em produtividade.

Tanto para a cultura da soja quanto para as demais culturas, o melhoramento não ocorre somente para um único caráter, o melhorista trabalha concomitantemente com vários caracteres e o ganho genético deve ser distribuído entre eles.

Para auxiliar no processo de seleção de vários caracteres ao mesmo tempo, os melhoristas dispõem de ferramentas conhecidas como índices de seleção, que lhes permitem obterem ganhos balanceados.

Dentre os diversos índices de seleção que existem, destacam-se o índice baseado na soma de “ranks” proposto por Mulamba e Mock (1978), o índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969) e o índice baseado na distância genótipo-ideótipo.

Na região de Jaboticabal, bem como na grande maioria do estado de São Paulo, ocorre uma forte demanda por parte dos agricultores por soja de ciclo precoce, uma vez que seria uma opção ao amendoim na renovação dos canaviais. A soja precoce poderia ser cultivada e colhida e a cana implantada ainda estaria dentro do período chuvoso da região.

Diante do exposto visando obter ganhos balanceados para os caracteres avaliados, o objetivo do presente trabalho consistiu em selecionar progênies de soja usando os referidos índices.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no ano agrícola 2016/2017 na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Câmpus de Jaboticabal - SP.

Foram semeadas 129 progênies F₃ derivadas do cruzamento das variedades comerciais BMX Potência RR com BMX Energia RR e como testemunhas foram utilizadas as variedades BMX Potência RR, BMX Energia RR, TMG 7262 RR e TMG 1179 RR.

O experimento foi conduzido no delineamento de blocos aumentados de Federer (1956), sendo fenotipadas cinco plantas dentro de cada família e testemunhas. Posteriormente foi realizado a média para cada família e testemunhas.

A caracterização fenotípica foi realizada por meio da avaliação dos seguintes caracteres agromorfológicos: altura de inserção da primeira vagem (AIV): obtido pela medida, do colo da planta até a altura da inserção da primeira vagem (cm), altura da planta na maturidade (APM): obtido pela medida, da altura do colo da planta até o ápice da haste principal (cm),

número de dias para maturidade (NDM): caráter avaliado no estágio R₈ de desenvolvimento da planta de acordo com a escala de Fehr e Caviness (1977). De posse do NDM foi estimado o caráter grupo de maturidade relativa (GMR) por meio da equação de regressão (1) para a região sul na qual Jaboticabal está inserida.

$$1) \text{ GMR} = (0,099 \times \text{NDM}) - 5,499 \quad (R^2 = 0,986)$$

onde o GMR é determinado em função do NDM, de acordo com o trabalho de Alliprandini *et al.* (2009).

Ainda foram avaliados os caracteres acamamento (AC): caráter avaliado no estágio R₈ de desenvolvimento da planta de acordo com a escala de Fehr e Caviness (1977) variando de um (todas as plantas eretas) e cinco (todas as plantas acamadas); valor agrônômico (VA): caráter avaliado no estágio R₈ de desenvolvimento da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de um (plantas com caracteres agrônômicos ruins) a cinco (plantas com ótimos caracteres agrônômicos), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais (arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade) além do caráter produção de grãos (PG): obtida a partir da trilhagem das plantas individuais e pesagem em uma balança de precisão.

Foram aplicados os índices de seleção baseado em soma de “ranks”, baseado nos ganhos desejados e na distância genótipo-ideótipo. O índice baseado na soma de “ranks” (equação 2) proposto por Mulamba e Mock (1978), é definido por:

$$2) I = (p_1 \times r_1 + p_2 \times r_2 + p_n \times r_n)$$

Onde:

I = valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_n = classificação (ou “rank”) de um indivíduo em relação ao n-ésimo caráter;

n = número de caracteres considerado no índice;

p = peso econômico atribuído pelo melhorista para cada caráter (n).

A pressão de seleção foi de 25% e foi realizada com base nos caracteres PG com peso econômico quatro no sentido superior, NDM com peso econômico dois no sentido inferior e APM com peso econômico um no sentido inferior.

O índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker, (1969), os coeficientes b 's são calculados de acordo com a importância estabelecida pelo melhorista em sua especificação dos ganhos desejados em cada característica. A construção desse índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres, que é definido por:

$$3) \Delta g = \frac{G\hat{b}i}{\hat{S}I}$$

Δg é o ganho estimado pelo índice;

G é a matriz de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres;

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

i é o diferencial de seleção, em unidades de desvio padrão;

$\hat{S}I$ é o desvio padrão do índice I ;

Substituindo-se Δg por $\Delta g d$, que é o vetor dos ganhos desejados, eliminando-se $\frac{i}{\hat{S}I}$ que não afeta a proporcionalidade dos coeficientes b 's, estima-se b pela expressão $\hat{b} = G^{-1} \Delta g d$.

Os coeficientes $\hat{b}'is$ propiciarão a maximização dos ganhos em cada caráter.

A pressão de seleção adota no índice também foi de 25%, adotando como caráter principal PG com peso econômico quatro.

O índice baseado na distância genótipo-ideótipo, permite o melhorista atribuir pesos econômicos e definir os valores ótimos para cada variável, bem como seu intervalo.

Considera-se X_{ij} o valor fenotípico médio do i -ésimo genótipo em relação à j -ésima característica. Também se considera o valor Y_{ij} que representa o valor fenotípico médio transformado, e C_j uma constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista. Assim, têm-se: LI_j : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica j , conforme o padrão desejado pelo melhorista; LS_j : limite superior a ser apresentado pelo genótipo e VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

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

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

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

No procedimento é considerado $C_j = LS_j - LI_j$. O valor C_j garante que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do ótimo resultará num valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j), ao contrário dos valores de X_{ij} fora desse intervalo.

Assim, a transformação X_{ij} é realizada para garantir a depreciação dos valores fenotípicos fora do intervalo considerado ótimo do padrão a ser apresentado pelo genótipo a ser selecionado.

Os valores Y_{ij} obtidos por transformação são posteriormente padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada característica pelo melhorista, obtendo os valores y_{ij} , conforme especificado a seguir (equação 4):

$$4) Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Onde $S(Y_j)$ é o desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação apresentada; e a_j é o peso ou valor econômico da característica. Para cálculo, também são necessárias a padronização e a ponderação de VO_j , conforme especificado (equação 5):

$$5) VO_j = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

Calcula-se então os valores do índice (DGI) expressos pelas distâncias entre os genótipos e o ideótipo, conforme ilustrado (equação 6).

$$6) I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (y_{ij} - VO_j)^2}$$

Com base neste índice, são identificados os melhores genótipos e calculados os ganhos por seleção. A partir dos valores de Y_{ij} , é feita a análise dos componentes principais, obtendo-se os autovalores e autovetores associados à matriz de correlação entre as variáveis analisadas.

A pressão de seleção adotada no índice foi de 25%, como caráter principal foi utilizado somente PG, adotando peso econômico quatro, como valor ótimo foi utilizado a média como referência, limite superior o valor máximo e como limite inferior foi utilizado a média mais um desvio padrão genético.

As análises estatísticas foram realizadas por meio do software SAS utilizando-se o procedimento “mixed” e por meio do software Genes (SAS, 2012; CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A Tabela 1 apresenta os quadrados médios para os seis caracteres avaliados, onde o efeito de progênes foi significativo para o teste F a 5% de probabilidade apenas para APM e NDM.

Tabela 1 - Quadrados médios e parâmetros genéticos obtidos na análise de variância para seis caracteres em 129 progênes F₃ de soja. Safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Fontes de variação	PG	APM	AIV	NDM	AC	VA
Bloco	163,71*	57,24	18,41*	3,21	0,12*	0,31
Progênes ou testemunhas	302,66	3,83	7,64	156,62	0,16	0,61
Testemunhas	234,76**	1065,03**	121,26**	521,91**	0,29**	0,31
Progênes	85,11	89,53**	6,7	30,33**	0,05	0,16
Resíduo	45,61	30,91	6,35	2,87	0,05	0,13
Coeficiente de variação ambiental (CVA %)	24,53	5,33	20,19	1,56	18,42	10,18
Média geral	27,53	104,30	12,48	108,85	1,16	3,56
Variância genética	47,20	62,30	0,00	28,29	0,00	0,03
Variância ambiental	40,34	29,67	6,65	2,71	0,05	0,13
Coeficiente de variação genética (CVG %)	24,95	7,57	0,00	4,89	0,00	4,90
Razão CVG/CVA	1,02	1,42	0,00	3,14	0,00	0,48
Herdabilidade (%)	53,92	67,74	0,00	91,26	0,00	18,75

*Significativos a 5% de probabilidade pelo teste F; **Significativos a 1% de probabilidade pelo teste F; PG: média do peso dos grãos de cinco plantas em gramas; APM: média da altura de cinco plantas na maturidade em cm; AIV: média da altura de inserção da primeira vagem de cinco plantas em cm; NDM: média do número de dias para a maturidade de cinco plantas; AC: média do acamamento de cinco plantas; VA: média do valor agrônomo de cinco plantas

O coeficiente de variação ambiental (CVA) variou de 1,56 % a 24,53 % sendo esses valores dentro dos limites aceitáveis para a experimentação agrícola. Com relação a variância genética os caracteres AIV e AC apresentaram variância genética nula sendo impraticável a seleção para ambos (Tabela 1).

O caráter PG apresentou uma razão CVG/CVA de 1,02 e uma herdabilidade de 53,92 %, indicando situação favorável ao processo seletivo (Tabela 1).

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) quando a relação CVG/CVA for igual ou superior a um o caráter está em condição favorável à seleção. Costa *et al.* (2004), obtiveram herdabilidade de 80,74 % para produtividade de grãos em progênes F₂ de soja e relação

CVG/CVA de 2,05. Barbaro *et al.* (2007), obtiveram valores de herdabilidade, variando de 8,48 % a 62,92 % para a produtividade de grãos em populações F₅ de soja.

O caráter APM apresentou herdabilidade de 67,74 %, valor considerado médio, razão CVG/CVA de 1,42, tal circunstância o torna apto ao processo de seleção com perspectivas de ganhos significativos (Tabela 1). Bizari *et al.* (2017), encontraram valores semelhantes, 65,73 % de herdabilidade para APM e 1,38 para a razão CVG/CVA. Leite *et al.* (2016), avaliando um conjunto de linhagens de soja encontraram herdabilidade de 85% para APM e razão CVG/CVA de 1,40.

O caráter NDM apresentou herdabilidade de 91,26 %, valor considerado alto, razão CVG/CVA de 3,14, o que o torna favorável ao processo seletivo com perspectivas de ganhos significativos com a seleção (Tabela 1). Barbaro *et al.* (2007), obtiveram valores de herdabilidade, variando de 61,71 % a 94,66 % para o caráter NDM, Bizari *et al.* (2017) e Teixeira *et al.* (2017), encontraram valores bem próximos ao encontrado neste trabalho, 91,70 % e 3,32, 90,78 % e 1,81 respectivamente para herdabilidade e razão CVG/CVA.

Para o caráter VA a herdabilidade foi de 18,75%, valor considerado baixo, razão CVG/CVA de 0,48, tornando inapto para o processo de seleção e o ganho com a seleção sobre o mesmo ineficiente (Tabela 1).

Com relação aos ganhos genéticos obtidos com a aplicação do índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), o ganho total foi de 16,19 % distribuído entre os seis caracteres. O maior ganho ocorreu para o caráter PG 10,26 %, seguido do APM de -3,83 % (Tabela 2).

Tabela 2 - Estimativas das médias da população original (X_o), da população selecionada (X_s), diferencial de seleção (D_s), herdabilidade (h^2 %), ganho com a seleção (GS) e ganho com a seleção em porcentagem (GS %), aplicando o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), em 129 progênies F_3 de soja, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Caracteres	X_o	X_s	D_s	h^2 %	GS	GS %
APM	104,12	98,24	-5,88	67,74	-3,98	-3,83
AIV	12,56	10,62	-1,94	0,00	0,00	0,00
NDM	108,35	109,41	1,06	91,26	0,97	0,89
AC	1,15	1,22	0,07	0,00	0,00	0,00
VA	3,59	3,82	0,23	18,75	0,04	1,21
PG	28,21	33,58	5,37	53,92	2,89	10,26
Ganho Total						16,19

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; AC: acamamento; VA: valor agrônomico; PG: produção de grãos em gramas

Não foi possível observar ganhos genéticos para os caracteres AC e AIV pois ambos apresentaram herdabilidade nula. O caráter NDM apresentou ganho relativamente baixo, de 0,89, pois, apesar de ter a maior herdabilidade, apresenta o diferencial de seleção muito pequeno o que contribuiu para um ganho reduzido (Tabela 2).

Bizari *et al.* (2017), avaliando índices de seleção para características agrônomicas em populações segregantes de soja com o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), usando todos os caracteres como principais e adotando como peso econômico o CVG, obteve o maior ganho em seu estudo, sendo de 45,46% distribuído para oito caracteres.

Teixeira *et al.* (2017), avaliando parâmetros genéticos e seleção de linhagens de soja baseado em índices de seleção, obtiveram ganho total de 49,56 % com o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), distribuído entre dez caracteres avaliados, adotando peso econômico dois somente para o caráter produtividade de grãos.

A Tabela 3 apresenta as médias ajustadas para os demais efeitos do modelo para cada uma das 32 progênies selecionadas. Para as progênies destacadas com asterisco os blups foram significativos de acordo com o teste t a 5% de probabilidade.

Tabela 3 – Média de seis caracteres para progênes de soja F₃ selecionadas com base no índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), utilizando os pesos econômicos dois para NDM no sentido inferior, um para APM no sentido inferior e quatro para PG no sentido superior, pressão de seleção de 25%, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Progenies	APM	APM*	AIV	NDM	NDM*	GMR	AC	VA	VA*	PG	PG*
1	106,23	107,23	9,27	110,76	1,74	5,47	1,16	4,15	3,62	40,78	34,29
3	98,38	99,3	13,4	103,76	1,74*	4,77	1,53	4,17	3,65	31,15	29,50
5	87,78	92,54*	11,57	104,46	1,74	4,84	0,71	4,05	3,63	34,11	31,59
7	97,03	101,00	12,27	110,56	1,74	5,45	0,96	4,25	3,64	34,72	31,02
8	100,28	100,27	6,17	101,01	1,74*	4,50	1,08	3,87	3,60	27,66	25,97
12	94,58	99,54	8,97	111,26	1,74	5,52	1,18	3,35	3,52	33,10	29,02
15	91,58	97,51	6,17	112,06	1,74	5,59	1,68	3,35	3,52	54,60*	40,62*
16	83,98	92,36*	9,77	105,86	1,74	4,98	1,08	4,25	3,69	55,18*	40,93*
17	99,03	101,06	11,87	112,81	1,74*	5,67	1,21	2,97	3,47	39,87	34,86
25	102,93	102,64	17,57	104,16	1,74*	4,81	1,33	3,55	3,60	38,13	33,16
31	90,13	93,97*	10,17	99,56	1,74*	4,36	1,53	3,95	3,67	34,65	31,28
36	92,38	98,05	6,97	101,26	1,74*	4,53	0,88	3,85	3,62	30,80	27,78
38	100,23	103,17	10,87	104,16	1,74*	4,81	0,96	4,65	3,71	28,82	27,84
40	99,23	102,49	10,87	110,76	1,74	5,47	1,16	3,85	3,56	34,86	31,09
46	95,68	97,15	8,37	113,41	1,74*	5,73	1,38	3,47	3,52	49,02	37,49
49	87,03	92,93*	13,47	112,41	1,74	5,63	1,01	2,97	3,47	37,49	33,57
50	85,58	93,44*	6,57	102,06	1,74*	4,60	0,88	3,95	3,64	33,14	29,05
52	95,03	99,65	13,27	110,16	1,74	5,41	1,06	3,95	3,58	33,72	30,48
54	103,13	102,77	18,37	100,56	1,74*	4,46	1,23	3,95	3,67	29,69	28,61
58	103,83	105,61	13,27	109,76	1,74	5,37	1,16	4,05	3,60	31,60	29,34
60	88,28	92,14*	8,77	103,01	1,74*	4,70	1,18	3,97	3,62	32,18	28,41
67	103,78	102,96	12,00	101,76	1,74*	4,58	1,23	3,97	3,61	30,97	29,41
68	100,03	103,03	12,87	111,76	1,74	5,57	1,16	4,05	3,60	35,80	31,60
74	111,58	108,66	11,37	104,26	1,74	4,82	2,01	3,95	3,62	31,93	30,42
81	91,73	95,05	10,97	111,36	1,74	5,53	1,83	3,85	3,65	55,45*	42,49*
87	93,23	97,13	10,47	115,61	1,74*	5,95	1,41	3,07	3,48	45,41*	37,84*
90	91,98	94,97	7,40	100,76	1,74*	4,48	1,23	4,47	3,70	49,57*	39,43*
99	89,08	92,68*	8,17	103,01	1,74*	4,70	1,08	3,57	3,54	39,60	32,41
111	105,58	104,18	9,40	99,76	1,74*	4,38	1,23	3,87	3,59	27,89	27,75
114	91,78	94,83	9,00	98,76	1,74*	4,28	1,23	3,37	3,50	25,61	26,52
117	97,03	101,00	14,47	100,76	1,74*	4,48	1,16	3,75	3,54	26,96	26,83
129	89,78	96,29	5,77	106,26	1,74	5,02	0,98	3,85	3,62	32,28	28,58

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; GMR: grupo de maturidade relativa estimado por meio da equação $1) GMR = (0,099 \times NDM) - 5,499$ ($R^2 = 0,986$) de acordo com o trabalho de Alliprandini *et al.* (2009); AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PG: peso de grãos em gramas; * Progênes com blups significativos pelo teste t a 5% de probabilidade

Das progênes selecionadas na Tabela 3 as que apresentaram os melhores valores para os caracteres agrônômicos avaliados foram: 16, 46, 81 e 87 por apresentarem APM entre 80 e 100

cm, AIV entre oito a dez centímetros, grupo de maturidade relativa menor que 6,0 o que caracteriza materiais precoces para a região, nota de acamamento menor que dois, nota de valor agrônômico maior que três, e peso de grãos por planta superior a 45 gramas.

De acordo com Sedyama *et al.* (2005), é desejável AIV de pelo menos dez centímetros para evitar perdas na colheita com a barra de corte da colheitadeira e APM de no mínimo 50 a 60 cm e máximo de 80 cm para tornar a operação de colheita mais eficiente e reduzir o risco de acamamento, uma vez que plantas mais altas tendem a acamar mais.

A precocidade de materiais caracterizada pelo grupo de maturidade igual ou menor que seis é desejável para Jaboticabal e região, uma vez que a soja é utilizada na renovação dos canaviais, por ser de ciclo curto permite o replantio da cana-de-açúcar ainda no período chuvoso.

A tabela 4 apresenta os ganhos genéticos utilizando-se o índice dos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969), o índice obteve um ganho total de 28,68% distribuído entre os seis caracteres. Os maiores ganhos foram para PG, seguido de APM.

Tabela 4 - Estimativas das médias da população original (X_o), da população selecionada (X_s), diferencial de seleção (D_s), herdabilidade (h^2 %), ganho com a seleção (GS) e ganho com a seleção em porcentagem (GS %), aplicando o índice de Pesek e Baker (1969), em 129 progênies F_3 de soja, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Caracteres	X_o	X_s	D_s	h^2 %	GS	GS %
APM	104,12	99,79	-4,34	67,74	-2,94	-2,82
AIV	12,56	10,97	-1,59	0,00	0,00	0,00
NDM	108,35	110,44	2,09	91,26	1,91	1,76
AC	1,15	1,20	0,05	0,00	0,00	0,00
VA	3,59	3,73	0,14	18,75	0,03	0,72
PG	28,21	40,44	12,23	53,92	6,59	23,38
Ganho Total						28,68

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PG: produção de grãos em gramas

Os menores ganhos foram para AIV e AC por apresentarem herdabilidade nula e para o valor agrônômico que foi de 0,72%.

Comparando com o índice de soma de “ranks”, o índice com base nos ganhos desejados obteve progresso genético superior. Como inconveniente o índice não apresenta a possibilidade de selecionar os caracteres no sentido inferior como apresenta o índice de soma de “ranks”.

Bizari *et al.* (2017), avaliando diferentes índices de seleção em soja encontraram que o índice baseado nos ganhos desejados foi de uma forma geral ineficiente nas situações de seu estudo.

Silveira (2007), avaliou o progresso genético de cinco populações F₅ de soja, e em todas o índice baseado na soma de “ranks” apresentou progresso genético superior quando comparado ao índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker (1969).

Das progênies selecionadas na Tabela 5, as que apresentaram os melhores fenótipos para os caracteres avaliados foram as progênies 16, 46, 81 e 87, corroborando com o índice baseado na soma de “ranks” (Tabela 3).

Tabela 5 – Média de seis caracteres para progênes de soja F₃ selecionadas com base no índice de Pesek e Baker (1969), utilizando o peso quatro para PG, pressão de seleção de 25%, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Progênes	APM	APM*	AIV	NDM	NDM*	GMR	AC	VA	VA*	PG	PG*
1	106,23	107,23	9,27	110,76	111,18	5,51	1,16	4,15	3,62	40,78	34,29
4	120,08	113,68	12,97	112,81	112,53*	5,64	1,18	3,17	3,47	41,32	33,34
5	87,78	92,54*	11,57	104,46	105,51	4,95	0,71	4,05	3,63	34,11	31,59
6	111,28	107,72	10,77	113,01	112,71*	5,66	1,18	3,87	3,60	40,84	33,08
7	97,03	101,00	12,27	110,56	110,99	5,49	0,96	4,25	3,64	34,72	31,02
12	94,58	99,54	8,97	111,26	111,60	5,55	1,18	3,35	3,52	33,10	29,02
15	91,58	97,51	6,17	112,06	112,33	5,62	1,68	3,35	3,52	54,60	40,62*
16	83,98	92,36*	9,77	105,86	106,67	5,06	1,08	4,25	3,69	55,18	40,93*
17	99,03	101,06	11,87	112,81	112,54*	5,64	1,21	2,97	3,47	39,87	34,86
19	99,88	100,00	9,77	113,01	112,71*	5,66	1,08	3,27	3,49	35,10	29,98
25	102,93	102,64	17,57	104,16	105,11*	4,91	1,33	3,55	3,60	38,13	33,16
29	101,88	101,35	8,57	112,41	112,17	5,61	1,18	3,87	3,60	35,98	30,46
31	90,13	93,97*	10,17	99,56	100,91*	4,49	1,53	3,95	3,67	34,65	31,28
40	99,23	102,49	10,87	110,76	111,18	5,51	1,16	3,85	3,56	34,86	31,09
46	95,68	97,15	8,37	113,41	113,08*	5,70	1,38	3,47	3,52	49,02	37,49
49	87,03	92,93*	13,47	112,41	112,17	5,61	1,01	2,97	3,47	37,49	33,57
50	85,58	93,44*	6,57	102,06	103,20*	4,72	0,88	3,95	3,64	33,14	29,05
51	126,33	118,49*	18,37	113,76	113,87*	5,77	1,43	3,55	3,60	33,21	30,50
52	95,03	99,65	13,27	110,16	110,63	5,45	1,06	3,95	3,58	33,72	30,48
56	113,03	111,84	9,87	111,76	112,09	5,60	0,96	4,45	3,67	35,14	31,25
61	112,03	109,86	14,07	116,81	116,19*	6,00	1,11	3,97	3,65	56,35	43,74*
68	100,03	103,03	12,87	111,76	112,09	5,60	1,16	4,05	3,60	35,80	31,60
70	112,08	108,26	15,17	113,01	112,71*	5,66	1,08	4,37	3,69	32,24	28,44
76	113,23	110,68	12,87	112,81	112,54*	5,64	1,01	3,67	3,60	34,69	32,06
81	91,73	95,05	10,97	111,36	111,68	5,56	1,83	3,85	3,65	55,45	42,49*
87	93,23	97,13	10,47	115,61	115,09*	5,89	1,41	3,07	3,48	45,41	37,84*
90	91,98	94,97	7,40	100,76	101,88*	4,59	1,23	4,47	3,70	49,57	39,43*
95	106,78	107,80	11,17	115,06	115,07*	5,89	1,58	4,05	3,65	48,84	37,51
99	89,08	92,68*	8,17	103,01	103,59*	4,76	1,08	3,57	3,54	39,60	32,41
121	92,83	96,86	12,47	114,41	114,00*	5,79	1,21	2,87	3,45	32,31	30,78
126	112,18	111,46	9,17	116,26	116,16*	6,00	1,28	3,35	3,52	56,46	41,62*
129	89,78	96,29	5,77	106,26	107,04	5,10	0,98	3,85	3,62	32,28	28,58

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; GMR: grupo de maturidade relativa estimado por meio da equação $1) GMR = (0,099 \times NDM) - 5,499$ ($R^2 = 0,986$) de acordo com o trabalho de Alliprandini *et al.* (2009); AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PG: peso de grãos em gramas; * Progênes com blups significativos pelo teste t a 5% de probabilidade

O índice baseado na distância genótipo-ideótipo (Tabela 6) apresentou ganho total de 20,58 % sendo este ganho intermediário entre o índice baseado na soma de “ranks” que foi de 16,19 % (Tabela 2), e o índice de Pesek e Baker (1969) que foi de 28,68 % (Tabela 4).

O maior ganho ocorreu para o caráter PG seguido do APM que teve um ganho negativo.

Tabela 6 - Estimativas das médias da população original (Xo), da população selecionada (Xs), diferencial de seleção (Ds), herdabilidade (h^2 %), ganho com a seleção (GS) e ganho com a seleção em porcentagem (GS %), aplicando o índice da distância genótipo-ideótipo, em 129 progênies F₃ de soja, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Caracteres	Xo	Xs	Ds	h^2 %	GS	GS %
APM	104,12	100,37	-3,76	67,74	-2,54	-2,44
AIV	12,56	11,32	-1,23	0,00	0,00	0,00
NDM	108,35	109,50	1,15	91,26	1,05	0,97
AC	1,15	1,19	0,05	0,00	0,00	0,00
VA	3,59	3,77	0,18	18,75	0,03	0,94
PG	28,21	36,70	8,49	53,92	4,58	16,23
Ganho Total						20,58

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; AC: acamamento; VA: valor agrônomo; PG: produção de grãos em gramas

Em seu estudo, Bizari *et al.* (2017), relatam que o índice baseado na distância genótipo-ideótipo proporcionou bons ganhos para a produtividade de grãos quando comparado com outros índices analisados pelos autores, além de diminuir os caracteres NDM, APM e AIV.

Vasconcelos *et al.* (2010), avaliaram diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa, sendo que os maiores ganhos totais para os índices de seleção ocorreram para o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice de Pesek e Backer (1969) e distância genótipo ideótipo na respectiva ordem.

Os autores ainda encontraram concordância em torno de 70 % para os índices de Mulamba e Mock (1978), Distância genótipo ideótipo e Elston (1963) ocorrendo apenas mudanças no ranqueamento dos genótipos entre os índices aplicados. O mesmo pode ser observado no presente trabalho onde das 32 progênies selecionadas, houve concordância de 53% entre os 3 índices utilizados e de 71% para os índices de Mulamba e Mock (1978) e Distância genótipo ideótipo (Tabelas 3 e 7).

Apesar da concordância entre os índices utilizados não ser de 100%, todos eles selecionaram as progênies 16, 46, 81 e 87, que dentre as 32 selecionadas, foram as que apresentaram melhores atributos agrônômicos.

Tabela 7 – Média de seis caracteres para progênes de soja F₃ selecionadas com base no índice da distância genótipo-ideótipo, utilizando o peso quatro para PG, pressão de seleção de 25%, safra 2016/2017, UNESP – Jaboticabal - SP

Progênes	APM	APM*	AIV	NDM	NDM*	GMR	AC	VA	VA*	PG	PG*
1	106,23	107,23	9,27	110,76	111,18	5,47	1,16	4,15	3,62	40,78	34,29
3	98,38	99,30	13,40	103,76	104,62*	4,77	1,53	4,17	3,65	31,15	29,50
4	120,08	113,68	12,97	112,81	112,53*	5,67	1,18	3,17	3,47	41,32	33,34
5	87,78	92,54*	11,57	104,46	105,51	4,84	0,71	4,05	3,63	34,11	31,59
6	111,28	107,72	10,77	113,01	112,71*	5,69	1,18	3,87	3,60	40,84	33,08
7	97,03	101,00	12,27	110,56	110,99	5,45	0,96	4,25	3,64	34,72	31,02
12	94,58	99,54	8,97	111,26	111,60	5,52	1,18	3,35	3,52	33,10	29,02
17	99,03	101,06	11,87	112,81	112,54*	5,67	1,21	2,97	3,47	39,87	34,86
19	99,88	100,00	9,77	113,01	112,71*	5,69	1,08	3,27	3,49	35,10	29,98
25	102,93	102,64	17,57	104,16	105,11*	4,81	1,33	3,55	3,60	38,13	33,16
29	101,88	101,35	8,57	112,41	112,17	5,63	1,18	3,87	3,60	35,98	30,46
31	90,13	93,97*	10,17	99,56	100,91*	4,36	1,53	3,95	3,67	34,65	31,28
40	99,23	102,49	10,87	110,76	111,18	5,47	1,16	3,85	3,56	34,86	31,09
43	107,98	106,22	14,57	111,26	111,71	5,52	0,91	3,95	3,62	31,47	30,17
46	95,68	97,15	8,37	113,41	113,08*	5,73	1,38	3,47	3,52	49,02	37,49
49	87,03	92,93*	13,47	112,41	112,17	5,63	1,01	2,97	3,47	37,49	33,57
50	85,58	93,44*	6,57	102,06	103,20*	4,60	0,88	3,95	3,64	33,14	29,05
51	126,33	118,49*	18,37	113,76	113,87*	5,76	1,43	3,55	3,60	33,21	30,50
52	95,03	99,65	13,27	110,16	110,63	5,41	1,06	3,95	3,58	33,72	30,48
56	113,03	111,84	9,87	111,76	112,09	5,57	0,96	4,45	3,67	35,14	31,25
58	103,83	105,61	13,27	109,76	110,26	5,37	1,16	4,05	3,60	31,60	29,34
60	88,28	92,14*	8,77	103,01	103,59*	4,70	1,18	3,97	3,62	32,18	28,41
68	100,03	103,03	12,87	111,76	112,09	5,57	1,16	4,05	3,60	35,80	31,60
70	112,08	108,26	15,17	113,01	112,71*	5,69	1,08	4,37	3,69	32,24	28,44
74	111,58	108,66	11,37	104,26	105,33	4,82	2,01	3,95	3,62	31,93	30,42
76	113,23	110,68	12,87	112,81	112,54*	5,67	1,01	3,67	3,60	34,69	32,06
87	93,23	97,13	10,47	115,61	115,09*	5,95	1,41	3,07	3,48	45,41	37,84*
90	91,98	94,97	7,40	100,76	101,88*	4,48	1,23	4,47	3,70	49,57	39,43*
95	106,78	107,80	11,17	115,06	115,07*	5,89	1,58	4,05	3,65	48,84	37,51
99	89,08	92,68*	8,17	103,01	103,59*	4,70	1,08	3,57	3,54	39,60	32,41
121	92,83	96,86	12,47	114,41	114,00*	5,83	1,21	2,87	3,45	32,31	30,78
129	89,78	96,29	5,77	106,26	107,04	5,02	0,98	3,85	3,62	32,28	28,58

APM: altura da planta na maturidade em cm; AIV: altura de inserção da primeira vagem em cm; NDM: número de dias para a maturidade; GMR: grupo de maturidade relativa estimado por meio da equação 1) $GMR = (0,099 \times NDM) - 5,499$ ($R^2 = 0,986$) de acordo com o trabalho de Alliprandini *et al.* (2009); AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PG: peso de grãos em gramas; * Progênes com blups significativos pelo teste t a 5% de probabilidade

4. CONCLUSÕES

1. O índice baseado nos ganhos desejados foi o que apresentou maior ganho total na seleção de progênies F₃ de soja, sendo o ganho de 28,68 % distribuído para os seis caracteres avaliados.
2. Das 32 progênies selecionadas pelos índices estudados, destacam-se as progênies 16, 46, 81 e 87 por apresentarem caracteres agromorfológicos mais adequados para a região de estudo.

5. REFERÊNCIAS

ALLIPRANDINI, L. F. *et al.* Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop science**, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009.

BÁRBARO, I.M. *et al.* Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 251-262, 2007.

BIZARI, E.H. *et al.* Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p.110-117, 2017.

COSTA, M.M. *et al.* Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p.1095-1102, 2004.

CRUZ, C.D. GENES - A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n. 3, p. 271-276, 2013

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

ELSTON, R.C. A weight free index for the purpose of ranking of selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**. v. 19, n. 1, p. 85-97, 1963.

FEDERER, W.T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v. 55, p. 191-208, 1956.

FEHR, W. R.; CAVINESS, J. A. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977, 11 p. (Special Report, 80).

LEITE, W.S. *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae** v. 7, n. 3, 2016.

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

SAS Institute Inc. 2012. SAS/STAT user's guide, Vers. 9.4 SAS Institute Inc., Cary, NC.

SEDIYAMA, T; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M.S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de Espécies Cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. cap. 14, p. 562-572.

SILVEIRA, G.D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. 2007. 56 f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2007.

TEIXEIRA, F. G. *et al.* Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research** v. 16, n. 3, 2017.

VASCONCELOS, E.S. *et al.* Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, v. 57, n. 2, 2010.