

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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS VISANDO
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA**

Gustavo Dias da Silveira

Engenheiro Agrônomo

JABOTICABAL – SÃO PAULO - BRASIL

2007

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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS VISANDO
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA**

Gustavo Dias da Silveira

Orientadora: Profa. Dra. Maria Aparecida Pessôa da Cruz Centurion

Co-orientador: Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro

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).

JABOTICABAL - SÃO PAULO – BRASIL

Maio de 2007

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

GUSTAVO DIAS DA SILVEIRA - nascido em 25 de dezembro de 1979, em São Joaquim da Barra, estado de São Paulo. Em 1998 ingressou no curso de Agronomia na Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP, obtendo o título de Engenheiro Agrônomo em dezembro de 2002. Em março de 2003 ingressou no curso de Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP, obtendo o título de Mestre (Genética e Melhoramento de Plantas) em julho de 2004. Em agosto de 2004 ingressou no curso de Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas pela Universidade Estadual Paulista – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias (FCAV/UNESP), Jaboticabal – SP. No período de junho a novembro de 2006 participou de um programa de intercâmbio internacional, permanecendo nesse período na University of Kentucky nos Estados Unidos. Obteve o título de Doutor (Genética e Melhoramento de Plantas) em maio de 2007. Em dezembro de 2006 ingressou como melhorista responsável pelo programa Bt/RR2 na Monsanto do Brasil, sediado na Estação de Pesquisa de Sorriso, onde atualmente desenvolve pesquisas na área de melhoramento genético da cultura da soja.

"Se o dinheiro for a sua esperança de independência, você jamais a terá.

**A única segurança verdadeira consiste numa reserva de sabedoria, de
experiência e de competência."**

(Henry Ford)

Aos meus pais Valentim e Vera Lúcia pelo incentivo e
confiança depositada.

OFEREÇO

A minha namorada Michele
Pelo companheirismo
Pelo apoio nos momentos difíceis
Pela dedicação
Por fazer parte da minha vida

DEDICO

AGRADECIMENTOS

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

A CAPES, pelo aporte financeiro.

A Monsanto do Brasil, pela possibilidade de desempenhar tudo aquilo que aprendi na Universidade

A Profa. Dra. Maria Aparecida Pessôa da Cruz Centurion, pela confiança, incentivo, amizade e pela convivência que com certeza foi fundamental na minha formação acadêmica e pessoal.

Ao Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro, pelos conhecimentos transmitidos e pela amizade nesse longo período de convivência na Universidade

A minha família, Valentim, Vera, Luciana, Eduardo, Mariana e Dudu pelo apoio, incentivo e confiança.

A minha namorada Michele, pelo amor, carinho, atenção e pela ajuda fundamental na confecção dessa Tese.

Aos membros da banca pelas sugestões e conhecimentos transmitidos e amizade.

Aos amigos Marcelo Marchi Costa, Ivana Marino Bárbaro, Franco Romero Silva Muniz, Daniela Garcia Penha Sarti, Eduardo Antonio Gavioli, Nair Helena Castro Arriel, Roberto Carlos de Oliveira, Amanda Corrado, Sandra Helena Unêda-Trevisoli, Antonio Ayrton Morceli Júnior, Thaíza Morceli, Claudinei da Cruz, Alexandre Fernandes e todos os demais pelo auxílio e discussões em inúmeras situações, amizade e agradável convivência.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal da FCAV/UNESP, campus de Jaboticabal, SP, Geraldo, Mauro, Sr. Luis, Dona Nice, Sr. Sebastião, Osmar, Rubens e Gabi, pela paciência e presteza na realização dos trabalhos e pela grande amizade.

Às secretárias Mariângela e Marisa, por sempre tornarem as coisas menos difíceis.

A Deus, por guiar meu caminho.

SUMÁRIO

	Página
LISTA DE TABELAS	ii
RESUMO	iv
SUMMARY	v
CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1.1. Introdução	1
1.2. A cultura da soja	2
1.3. Melhoramento da cultura da soja	3
1.4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	4
1.4.1. Herdabilidade	5
1.4.2. Correlações fenotípicas entre os caracteres	7
1.5. Índice de seleção	8
CAPÍTULO 2. ESTIMATIVA DOS TIPOS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA	10
2.1. Introdução	11
2.2. Material e métodos	12
2.3. Resultados e discussão	18
2.4. Conclusões	24
CAPÍTULO 3. ANÁLISE DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA NA GERAÇÃO F₅	25
3.1. Introdução	26
3.2. Material e métodos	27
3.3. Resultados e discussão	31
3.4. Conclusões	38
REFERÊNCIAS	39

LISTA DE TABELAS

Página

CAPÍTULO 2.

Tabela 1. Esquema da análise de variância de cada caráter.....	14
Tabela 2. Decomposição da variância genotípica total em componentes	16
Tabela 3. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo entre famílias (h^2_{Ae}) e dentro de famílias (h^2_{Ad}), restrito entre famílias (h^2_{Re}), dentro de famílias (h^2_{Rd}) e total (h^2_{Rtotal}) e baseado na regressão pai-filho (h^2_{reg}), para os oito caracteres nos cinco cruzamentos. Jaboticabal – SP, 2002/03	19
Tabela 4. Correlações fenotípicas entres os caracteres altura de plantas na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de vagens (NV), número de ramos (NR), número de sementes (NS), acamamento (AC), valor agrônômico (VA) e produção de grãos (PG) nas progênies F_3 e F_4 no cruzamento 5	23

CAPÍTULO 3.

Tabela 1. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 2 (EMBRAPA 48 X CAC 1).	32
Tabela 2. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 4 (MG/BR 46 (Conquista) X IAC Foscarim 31).	33

- Tabela 3. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 8 (EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista)). 34
- Tabela 4. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 10 (CAC 1 X BR 16). 35
- Tabela 5. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 16 (IAC 17 X BR 16). 36

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS VISANDO SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA

RESUMO – O presente trabalho teve o objetivo de selecionar genótipos segregantes de soja em três gerações iniciais (F_3 , F_4 e F_5) através da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos como herdabilidade, ganhos com a seleção e correlações. Além disso, utilizou-se o cálculo de índices de seleção de Mulamba & Mock e Pesek & Backer para o auxílio na seleção das melhores famílias. As populações de soja foram avaliadas em três safras consecutivas, 2002/03, 2003/04 e 2004/05 sendo o ensaio conduzido no esquema de famílias com testemunhas intercalares. Na geração F_4 , a população Embrapa 48 X IAC 17 apresentou maiores valores de herdabilidade e se apresentou como a mais promissora em relação ao caráter produtividade de grãos. Na mesma geração, também concluiu-se que a seleção entre famílias é mais promissora comparando-se com a seleção dentro de famílias. Em relação à correlação fenotípica, constatou-se que a mesma pode auxiliar no processo indireto de seleção. Na geração F_5 , a melhor população foi à derivada do cruzamento Embrapa 48 X Conquista, tendo em vista os maiores ganhos com a seleção obtidos. Também se concluiu que o uso dos índices de seleção apresenta grande utilidade no processo seletivo, já que proporcionam maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, com destaque para o índice de Mulamba & Mock, que apresentou-se mais adequado para as condições do presente experimento, com progressos superiores em várias situações.

Palavras-chave: Melhoramento genético, herdabilidade, índice de seleção

ESTIMATIVE OF GENETIC PARAMETERS AIMING SELECTION OF SEGREGATE SOYBEAN GENOTYPES

SUMMARY - The present work had the objective to select soybean segregate genotypes in three initial generations (F_3 , F_4 and F_5) through the estimate of genetic and phenotypic parameters as heritability, selection gains and correlations. Moreover, the calculation of Mulamba & Mock and Pesek & Backer index selection was used to select the best families. The soybean populations had been evaluated in three consecutive seasons, 2002/03, 2003/04 and 2004/05, being conducted on the scheme of families inserted between of the checks. In F_4 generation, the population Embrapa 48 X IAC 17 presented greater values of heritability and presented as the most promising in relation to the yield. In the same generation, it was concluded that the selection between families is more promising comparing itself with the selection inside of families. In relation to the phenotypic correlation, it was evidenced that the same one can assist in the indirect process of selection. In the F_5 generation, the best population was derivate of the crossing Embrapa 48 X Conquista, in view of the biggest selection gains. Also it can be concluded that the use of the selection index presents great utility in the selective process, already provide to greater total gains, distributed between all the evaluated characters, with prominence for the Mulamba & Mock index, that presented more adequate for the conditions of the present experiment, with superior progress in some situations.

Key words: Genetic breeding, heritability, selection index

CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS

1.1. Introdução

Dentre as principais oleaginosas cultivadas no mundo, a soja participa com pouco mais de 50% da produção total. Entre suas principais utilidades está o suprimento da demanda mundial de óleos vegetais e a produção de ração para a alimentação de bovinos, suínos e aves (AGRIANUAL, 2005).

O crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira, sempre estiveram associados aos avanços científicos e à disponibilidade de tecnologias ao setor produtivo. Estima-se que metade do incremento da produtividade das principais espécies agrônômicas nos últimos cinquenta anos seja atribuída ao melhoramento genético de plantas (BORÉM, 1998).

Para o melhorista de plantas, o interesse em se obter grande variabilidade para a realização de um processo seletivo que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos, é um ponto de suma importância para o desenvolvimento de novas cultivares de soja. Desta forma, a estimativa de parâmetros genéticos assume importante papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento em relação ao processo seletivo dos genótipos mais promissores (BÁRBARO, 2006).

A herdabilidade é um parâmetro que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico com guia para o valor genotípico. Portanto, torna-se importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída à variação genotípica (FALCONER & MACKAY, 1996). Além da herdabilidade, as correlações fenotípicas têm grande importância no processo de melhoramento, pois permite ao melhorista o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (RAMALHO et al., 1993). Da mesma forma, o índice de seleção tem grande importância pois se trata da combinação linear de vários valores fenotípicos, o

qual resulta numa medida que concentra, num único valor, os méritos e os deméritos de cada genótipo para vários caracteres (GARCIA & SOUZA JÚNIOR, 1999).

Diante do exposto, o presente trabalho teve como o objetivo a seleção dos genótipos de soja mais promissores em três gerações segregantes através do cálculo dos parâmetros genéticos e fenotípicos.

1.2. A cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes fontes de proteína e óleo vegetal, além de ser também uma das mais importantes culturas agrícolas do Brasil. O complexo soja é atualmente o maior setor exportador do país, representando mais de 10% do total das exportações. Além disso, tem a maior participação do PIB agrícola e apresenta perspectivas de crescimento contínuo (FRANÇA NETO, 2004).

O Brasil é o segundo maior produtor mundial de soja, podendo alcançar na safra 2006/07, segundo a CONAB, produção em torno de 54 milhões de toneladas. Essa alta produção pode ser atribuída ao grande número de pesquisas realizadas, destacando-se o desenvolvimento de cultivares resistentes ao grande número de doenças que afetam a cultura. A ampla diversidade genética apresentada pela soja quanto à sua área de adaptação, reflete-se na expansão das fronteiras agrícolas.

Até o final dos anos 60, a pesquisa com a cultura da soja no Brasil era incipiente e concentrava-se na Região Sul, atuando, fundamentalmente, na adaptação tecnologias (cultivares, principalmente) introduzidas dos Estados Unidos. O primeiro programa consistente de pesquisa com a soja estabeleceu-se década de 1950, no Instituto Agrônomo de Campinas, SP. Mas foi no Rio Grande do Sul, uma década mais tarde, que a cultura encontrou condições para se estabelecer e expandir como lavoura comercial, para o que foi fundamental a boa adaptação de cultivares introduzidas dos Estados Unidos para as condições do Sul do Brasil (EMBRAPA, 2005).

Sendo assim, o objetivo final do melhoramento de plantas é identificar genótipos superiores em uma população numerosa e heterogênea. As dificuldades na obtenção

de genótipos desejáveis deve-se a alguns fatores, entre estes: ao grande número de genótipos existentes; à dificuldade na detecção da expressão do fenótipo, que podem mascarar o valor genotípico dos indivíduos (DESTRO & MONTALVÁN, 1999).

1.3. Melhoramento da cultura da soja

As pesquisas com soja iniciaram-se no Rio Grande do Sul na década de 30, na antiga Estação Experimental Fitotécnica das Colônias, no município de Veranópolis, de onde surgiu a primeira cultivar desenvolvida, que foi lançada, em 1960, com o nome de Pioneira (MAGALHÃES, 1981). Em 1946, as pesquisas foram estendidas a outras estações experimentais e também a Universidade Federal do Rio Grande do Sul.

Os primeiros trabalhos constaram da manutenção de uma pequena coleção de cultivares, compreendendo a Laredo, Tóquio, Biloxi, Prolific e outras, nas quais se observaram as características botânicas e agronômicas, realizando-se com elas ensaios de competição para a avaliação de rendimento, sendo que somente por volta de 1947 foram realizadas as primeiras hibridações por meio de cruzamentos artificiais. Na década de 50, ampliaram-se as pesquisas com soja, aumentando significativamente as coleções de genótipos, com o objetivo de selecionar ou desenvolver cultivares com elevada produtividade, altura da planta e inserção da primeira vagem adequada à mecanização, com resistência ao acamamento e a deiscência natural das vagens, com resistência a doenças, com boa qualidade de sementes e alto rendimento de óleo e proteína.

Enquanto os programas não desenvolviam cultivares adaptadas às condições do Brasil, os agricultores plantavam as cultivares introduzidas dos EUA, como Hill, Hood, Majos, Bragg, Davis, entre outras. Os resultados das pesquisas levaram a uma substituição gradativa das cultivares americanas por brasileiras como Serrana, Santa Rosa, Industrial e Jubileu, as quais contribuíram de sobremaneira para aumentar o rendimento médio das lavouras no Rio Grande do Sul (FERES & GOMES, 1981).

No estado de São Paulo, os primeiros trabalhos de observação da soja iniciaram-se em 1891. Todavia, a partir de 1908, com a chegada dos primeiros imigrantes japoneses a São Paulo, que o plantio dessa leguminosa foi aos poucos se difundindo. Em 1921 a experimentação tomou impulso significativo com a introdução das variedades Hermann, Ebony, Biloxi, Hamilton, Easycook, Chiquita e Bossier. Na Estação Experimental de São Simão, foram feitas seleções de plantas no campo resultando em cultivares denominados Jomichel, Julieta e Joalo, todas com ciclo vegetativo de 90 dias (MIYASAKA & MEDINA, 1981).

1.4. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

A obtenção de estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos tem grande importância em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento e também ao peso que se deve atribuir a cada caráter, separadamente ou em conjunto.

A avaliação de famílias sem repetições, intercaladas com cultivares-padrão, que possibilita estimar o componente ambiental associado à variância fenotípica das populações em estudo, é uma alternativa para estimar parâmetros genéticos e fenotípicos quando ocorre limitado número de sementes e a possível segregação (BACKES et al., 2002).

Desta forma, o conhecimento da natureza e magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial para o processo de seleção. A existência da variância aditiva é um indicativo de relacionamento entre o comportamento da unidade selecionada e a unidade melhorada, ou seja, sua descendência. O valor genético aditivo é um indicador do número de alelos favoráveis da unidade de seleção (CRUZ & REGAZZI, 1994; FALCONER, 1987).

1.4.1. Herdabilidade

O conceito de herdabilidade, introduzido para separar as diferenças genéticas e não-genéticas entre indivíduos, é de fundamental importância para a estimativa dos ganhos genéticos e para a escolha dos métodos de seleção a serem aplicados (REIS, 2000). JACQUARD (1983) apresentou três princípios para definição de herdabilidade: (1) como medida de semelhança entre pai e filho, (2) porção genética no sentido amplo e (3) porção genética no sentido restrito, e ainda ressaltou que a herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada.

A herdabilidade reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém, é o valor genético que influenciará a próxima geração. Sendo assim, é importante o conhecimento de quanto da variação fenotípica é atribuída a variação genotípica e este é medido pela herdabilidade (FALCONER & MACKAY, 1996). Quando a herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é eficaz. Por outro lado, sendo o seu valor baixo, a seleção deve ser praticada apenas nas gerações mais avançadas, uma vez que o aumento da homozigose, consequência da autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (ROBINSON, 1963; FALCONER & MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

Pela sua importância, a herdabilidade deve ser conhecida para a condução de um programa de melhoramento, e muitas decisões práticas são tomadas em função de sua magnitude. A predição do ganho com seleção antes da sua realização, servindo de subsídio para a definição da estratégia de seleção, é uma utilidade direta do valor da herdabilidade no sentido restrito (FEHR, 1987; RAMALHO et al., 1993).

A herdabilidade é representada pelo símbolo h^2 . Este símbolo deriva da terminologia de WRIGHT. É possível estimar três tipos de herdabilidade: herdabilidade no sentido amplo, herdabilidade no sentido restrito e a herdabilidade pela regressão pai-filho. No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto que, no sentido restrito, a razão

da variância genética aditiva pela variância fenotípica. Portanto, a diferença está no numerador da fração (ALLARD, 1971; FALCONER & MACKAY, 1996).

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido restrito como no sentido amplo, pode variar de zero a um. No caso de $h^2 = 1$, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Quando $h^2 = 0$, significa que a variabilidade do caráter não tem origem genética. Neste caso não existe correlação alguma entre valor genético e valor fenotípico da unidade de seleção (ALLARD, 1971). Segundo STANSFIELD (1974), valores de herdabilidade maiores que 0,5 são considerados altos, valores compreendidos entre 0,2 e 0,5 e menores que 0,2 são considerados herdabilidades de valores médios e baixos, respectivamente.

A herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM, 1998). A herdabilidade no sentido amplo assume maior importância em plantas de propagação vegetativa, nas quais o genótipo é herdado integralmente pelos descendentes. A herdabilidade no sentido amplo pode ser considerada o limite superior da herdabilidade no sentido restrito, sendo esta última utilizada para estimar o ganho efetivo do processo de seleção. Assim, em gerações avançadas de endogamia, devido a homozigose resultante das sucessivas autofecundações, espera-se que a herdabilidade do sentido amplo e a herdabilidade no sentido restrito sejam praticamente iguais (HANSON, 1963).

Segundo FALCONER & MACKAY (1996), uma função importante da herdabilidade no sentido restrito é seu papel na predição de ganho devido à seleção, expressando-se a confiança do valor fenotípico como estimador do valor genético. No entanto, deve-se atentar para a avaliação desses coeficientes, pois maiores respostas à seleção não estão, necessariamente, associadas a caracteres de maior herdabilidade, uma vez que altos valores de herdabilidade podem ocorrer em caracteres de pequena variância genética aditiva, desde que a influência do ambiente no caráter seja pequena. O importante na avaliação da herdabilidade, como indicativo da predição, é saber quanto do diferencial de seleção se espera ganhar, em virtude da seleção, na geração

seguinte. Assim, para os caracteres que apresentam alto coeficiente de herdabilidade restrita associado a um diferencial de seleção elevado, espera-se maior ganho com seleção.

Normalmente a herdabilidade é estimada a partir de uma análise de variância. É normal a ocorrência de erros associados às estimativas de herdabilidade e de outros componentes da variância genética. Sendo assim, as estimativas devem ser avaliadas com cuidado. Existe grande faixa de variação nas estimativas da herdabilidade de um mesmo caráter e que pode ser parcialmente atribuída à amostragem, às diferenças populacionais e às diferenças ambientais (PESEK & BAKER, 1971; RAMALHO et al., 1993). Assim, experimentos com a finalidade de obtenção de estimativas de herdabilidade devem ser conduzidos em um ambiente semelhante ao qual as estimativas serão aplicadas. Neste caso, as estimativas da variância genética não serão inflacionados pelos componentes da variância da interação entre genótipo e ambiente, componentes que estarão incluídos na variância fenotípica (BORÉM, 1998).

1.4.2. Correlações fenotípicas entre os caracteres

A correlação é uma medida da intensidade de associação entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento das duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo da outra, respectivamente (STEEL & TORRIE, 1980). A estimativa dos coeficientes de correlação permite ao melhorista o conhecimento das mudanças que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (RAMALHO et al., 1993).

A importância do conhecimento da associação entre caracteres nos trabalhos de melhoramento se dá principalmente em caracteres de baixa herdabilidade. Assim, o caráter correlacionado com outro de alta herdabilidade e de fácil mensuração pode ser mais conveniente e conduzir a progressos mais rápidos para o melhoramento (CRUZ & REGAZZI, 1994).

A correlação fenotípica pode ser diretamente mensurada, a partir de dois caracteres, em certo número de indivíduos de uma população. Essa correlação tem causas genéticas e ambientais, porém, só a genética envolve uma associação de natureza herdável, podendo esta ser utilizada em programas de melhoramento. As correlações genéticas e ambientais para um mesmo caráter são frequentemente muito diferentes em magnitude e eventualmente diferentes de sinal. Isto indica que as causas da variação genética e de ambiente afetam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes (FALCONER & MACKAY, 1996). Contudo, caracteres genotipicamente correlacionados, mas não correlacionados fenotipicamente podem não ser de valor prático na seleção, pois esta é geralmente baseada no fenótipo (SHUKLA et al., 1998).

Para uma maior eficiência no processo seletivo, é importante salientar que de acordo com a grande variação na magnitude dos valores de correlação encontrados na literatura, pode-se constatar a diferença que deve existir entre populações e verificar, sobretudo, a necessidade de se obter estimativas de correlação para cada população em particular (UNÉDA-TREVISOLI, 2000).

1.5. Índice de Seleção

Nos programas de melhoramento genético, é usual a mensuração de vários caracteres com o objetivo de se praticar a seleção simultânea para alguns deles. Neste aspecto, a linhagem selecionada deve reunir uma série de atributos favoráveis capazes de superar a testemunha e, ao mesmo tempo, satisfazer às exigências do consumidor com relação à qualidade do produto.

A seleção com base em um ou poucos caracteres pode resultar em alterações desfavoráveis em outros, devido a presença de correlações negativas entre eles. Para amenizar esse problema, uma estratégia que vem sendo utilizada pelos melhoristas é o emprego dos índices de seleção, os quais possibilitam agregar múltiplas informações

contidas na unidade experimental, visando a seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico (CRUZ & REGAZZI, 1997).

O índice de seleção é a combinação linear de vários valores fenotípicos, o qual resulta numa medida que concentra, num único valor, os méritos e os deméritos de cada genótipo para vários caracteres (GARCIA & SOUZA JÚNIOR, 1999).

Algumas comparações dos índices com a seleção direta permitem concluir que a utilização destes como critério de seleção propicia resultados relativamente superiores. De modo geral, o ganho direto sobre o caráter é reduzido, entretanto esta redução é compensada pela melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres. Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente, os genótipos mais adequados aos propósitos do melhorista (Cruz & Regazzi 1997). Diversos autores constataram a eficiência dos índices de seleção, dentre eles BARBOSA & PINTO (1998), OLIVEIRA et al. (1999), GRANATE et al. (2002), PAULA et al. (2002) e COSTA et al. (2004).

CAPÍTULO 2. ESTIMATIVA DOS TIPOS DE HERDABILIDADE E CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS EM GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA

RESUMO - O sucesso no melhoramento de qualquer caráter requer, obrigatoriamente, que ele seja herdável e que exista variação na população onde se pratica a seleção. Dessa maneira, o trabalho teve o objetivo de estimar as herdabilidades no sentido amplo, restrito e pela regressão pai-filho e o cálculo de correlações fenotípicas em populações segregantes (F_3 e F_4) de soja. O experimento foi realizado com 5 cruzamentos biparentais em um esquema de famílias com testemunhas intercalares na Unesp/Jaboticabal. Os dados foram analisados pelo programa Genes e através dos resultados obteve-se coeficientes de herdabilidade com uma ampla variação, com valores de 0,09 a 0,90. Em relação à correlação fenotípica, analisou-se o cruzamento 5, e obteve-se uma correlação positiva e significativa para os caracteres número de vagens com produtividade e valor agrônômico com produtividade. Conclui-se que seleção entre famílias é mais promissora que seleção dentro de famílias, tendo em vista os resultados de herdabilidade. Também pode-se concluir que o uso da correlação fenotípica apresentou valores positivos e altamente significativos, podendo, desse modo, auxiliar no processo indireto de seleção.

Palavras-chave: melhoramento genético, *Glycine max*

2.1. Introdução

Segundo CRUZ & CARNEIRO (2003), o sucesso no melhoramento de qualquer caráter requer, obrigatoriamente, que ele seja herdável e que exista variação na população onde se pratica a seleção. Assim, a herdabilidade constitui-se em um caráter de grande importância para o melhorista, por estimar a porção herdável da variação fenotípica. Além disto, a determinação das diferenças genéticas e não-genéticas entre os indivíduos, é de fundamental importância para se estimar os ganhos genéticos e escolher os métodos de seleção a serem aplicados (REIS et al., 2002a).

De forma geral, existem três princípios para definir a herdabilidade, sendo uma como medida de semelhança entre pai e filho; como a porção genética no sentido amplo e como a porção genética no sentido restrito (JACQUARD, 1983).

Diversos trabalhos têm sido realizados com estimativas de herdabilidade, tanto no sentido amplo quanto restrito, para vários caracteres em soja (MAURO et al., 1995; AZEVEDO FILHO et al., 1998; REIS et al., 2002b; TOLEDO et al., 2000; ROSSMANN, 2001; FARIAS NETO & VELLO, 2001), porém são raros os trabalhos com estimativa da herdabilidade utilizando-se a regressão pai-filho, entre estes dois estudos com aveia (CABRAL et al., 2001 e CABRAL et al., 2002) e outros com soja (MUNIZ et al., 2002; COSTA et al., 2004).

Outra ferramenta a ser utilizada é o conhecimento de correlações, medida da intensidade de associação entre duas variáveis, ou uma medida do grau de variação conjunta de duas variáveis, podendo ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento das duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo da outra, respectivamente (STEEL & TORRIE, 1980).

Dessa maneira, o presente trabalho teve o objetivo de estimar as herdabilidades no sentido amplo, restrito e pela regressão pai-filho e o cálculo de correlações fenotípicas em populações segregantes (F_3 e F_4) de soja.

2.2. Material e métodos

O presente trabalho foi realizado na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal – UNESP. O experimento foi constituído por progênies nas gerações F_3 e F_4 oriundas de 5 cruzamentos biparentais, sendo eles: (1) Embrapa 48 x CAC 1; (2) Embrapa 48 x MG/BR 46 (Conquista); (3) CAC 1 x BR 16; (4) IAC 17 x BR 16 e (5) Embrapa 48 x IAC 17, com número variável de famílias por cruzamento, uma vez que foi feita seleção dos melhores genótipos desde a geração F_3 .

O experimento foi conduzido seguindo o esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo estas as variedades MG/BR 46 (Conquista) e a Codetec 217, onde cada família era derivada da debulha de uma planta individual. Este delineamento foi adotado em função da pequena quantidade de sementes disponíveis, grande número de genótipos a serem avaliados e a falta de homogeneidade nas primeiras gerações de autofecundação, inviabilizando o uso de delineamentos estatísticos com repetições.

As parcelas constituíram-se de linhas de 5 m de comprimento, sendo utilizado como parcela útil apenas 4 m. A densidade utilizada foi de 20 plantas por metro de linha, espaçadas de 0,5 m entre as linhas. Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura da soja para a região.

Foram avaliados os caracteres: altura de plantas na maturidade (APM) – em centímetros, da superfície do solo até o ápice da haste principal; altura de inserção da primeira vagem (AIV) – em centímetros, da superfície do solo até a primeira vagem; acamamento (AC) – escala de notas visuais, variando de 1 (planta ereta) a 5 (planta prostrada); valor agrônômico (VA) – escala de notas visuais, variando de 1 (planta ruim) a 5 (planta excelente); número de vagens por planta (NV) – número total de vagens com sementes formadas; número de ramos (NR) – número total de ramos na haste principal; número de sementes por planta (NS) – número total de sementes produzidas por planta; produção de grãos (PG) – peso total das sementes de cada planta, em gramas.

As análises estatísticas dos caracteres foram efetuadas através do Programa Genes (CRUZ, 2001), conforme metodologia descrita por Costa et al. (2004). Para os caracteres AC e VA os dados originais foram transformados para $\sqrt{x+0,5}$ e para NV e NS, houve a transformação para \sqrt{x} .

Análises estatísticas

As análises de variância de cada caráter para cada progenitor (testemunha) e para a geração segregante foram realizadas considerando-se o seguinte modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + f_i + e_i + p_{ij} + \delta_{ij}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} : observação relativa à j-ésima planta da i-ésima família;

μ : média geral da geração (progenitor ou linha segregante);

f_i : efeito genético atribuído à i-ésima família, com $i = 1, 2, \dots, F$;

e_i : efeito ambiental entre fileiras (de um progenitor ou de linhas segregantes);

p_{ij} : efeito genético atribuído à j-ésima planta da i-ésima família, com $i = 1, 2, \dots, F$ e $j = 1, 2, \dots, P$;

δ_{ij} : efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de um progenitor ou de linhas segregantes).

Na Tabela 1 é apresentado o esquema das análises de variância para a geração segregante ($F_{t+1} = F_4$) e cada um dos progenitores.

Em que:

$$k_f = \frac{N - \left(\frac{1}{N} \sum_{i=1}^f n_i^2 \right)}{f - 1}; \quad k_1 = \frac{N_1 - \left(\frac{1}{N_1} \sum_{i=1}^{p_1} n_i^2 \right)}{p_1 - 1}; \quad k_2 = \frac{N_2 - \left(\frac{1}{N_2} \sum_{i=1}^{p_2} n_i^2 \right)}{p_2 - 1}$$

Tabela 1 – Esquema da análise de variância de cada caráter.

Fonte de Variação	GL	QM	E(QM)
Para famílias Ft+1			
Entre parcelas	f-1	QMEf	$\hat{\sigma}_{Df}^2 + k_f \hat{\sigma}_{Ef}^2$
Dentro de parcelas	N-f	QMDf	$\hat{\sigma}_{Df}^2$

Para o progenitor 1			
Entre parcelas	p ₁ -1	QMEp1	$\hat{\sigma}_{Dp1}^2 + k_1 \hat{\sigma}_{Ep1}^2$
Dentro de parcelas	N ₁ -p ₁	QMDp1	$\hat{\sigma}_{Dp1}^2$

Para o progenitor 2			
Entre parcelas	p ₂ -1	QMEp2	$\hat{\sigma}_{Dp2}^2 + k_2 \hat{\sigma}_{Ep2}^2$
Dentro de parcelas	N ₂ -p ₂	QMDp2	$\hat{\sigma}_{Dp2}^2$

f= número de famílias segregantes em Ft+1, p₁= número de repetições do progenitor 1, p₂= número de repetições do progenitor 2, N= número total de plantas da geração segregante Ft+1, N₁ = número total de plantas do progenitor 1 (MG/BR 46 (Conquista)) e N₂= número total de plantas do progenitor 2 (Codetec 217).

$$\hat{\sigma}_{Df}^2 = \hat{\sigma}_{gd}^2 + \hat{\sigma}_{ed}^2$$

$$\hat{\sigma}_{Ef}^2 = \hat{\sigma}_{ge}^2 + \hat{\sigma}_{ee}^2$$

onde:

k_f, k₁ e k₂: médias ponderadas do número de plantas por parcela para famílias, pai 1 e pai 2, respectivamente;

$\hat{\sigma}_{Df}^2$: variância fenotípica entre plantas dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_{gd}^2$: variância genotípica entre plantas dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_{ed}^2$: variância ambiental entre plantas dentro de famílias;

$\hat{\sigma}_{Ef}^2$: variância fenotípica entre famílias;

$\hat{\sigma}_{ge}^2$: variância genotípica entre famílias;

$\hat{\sigma}_{ee}^2$: variância ambiental entre famílias.

Considerando que as cultivares utilizadas sejam consideradas como progenitores e genótipos totalmente homozigóticos, tem-se:

$\hat{\sigma}_{Dp1}^2 = \hat{\sigma}_{ed(pai1)}^2$: variância ambiental entre plantas dentro do progenitor 1;

$\hat{\sigma}_{Ep1}^2 = \hat{\sigma}_{ee(pai1)}^2$: variância ambiental entre parcelas do progenitor 1;

$\hat{\sigma}_{Dp2}^2 = \hat{\sigma}_{ed(pai2)}^2$: variância ambiental entre plantas dentro do progenitor 2;

$\hat{\sigma}_{Ep2}^2 = \hat{\sigma}_{ee(pai2)}^2$: variância ambiental entre parcelas do progenitor 2.

Estimativas dos componentes de variância

Com os dados entre e dentro de parcelas referentes aos progenitores e às linhas segregantes, foram estimados os seguintes componentes de variância:

Variância fenotípica

$$\hat{\sigma}_{Ef}^2 = \frac{QMEf - QMDf}{k_f}$$

$$\hat{\sigma}_{Df}^2 = QMDf$$

Variância ambiental

$$\hat{\sigma}_{ee}^2 = \frac{1}{2} \left(\hat{\sigma}_{ee(pai1)}^2 + \hat{\sigma}_{ee(pai2)}^2 \right) = \frac{1}{2} \left(\frac{QMEp1 - QMDp1}{k_1} + \frac{QMEp2 - QMDp2}{k_2} \right)$$

$$\hat{\sigma}_{ed}^2 = \frac{1}{2} \left(\hat{\sigma}_{ed(pai1)}^2 + \hat{\sigma}_{ed(pai2)}^2 \right) = \frac{1}{2} (QMDp1 + QMDp2)$$

Variância genotípica

$$\hat{\sigma}_{ge}^2 = \hat{\sigma}_{Ef}^2 - \hat{\sigma}_{ee}^2$$

$$\hat{\sigma}_{gd}^2 = \hat{\sigma}_{Df}^2 - \hat{\sigma}_{ed}^2$$

Variância genética aditiva e devido à dominância

Na Tabela 2 encontra-se a decomposição da variância genotípica total ($\hat{\sigma}_{gt}^2$) em variância aditiva ($\hat{\sigma}_a^2$) e variância causada pelos desvios da dominância ($\hat{\sigma}_d^2$), considerando o coeficiente de endogamia (**F**) na geração F_4 igual a 3/4 (CRUZ, 2001). Essa decomposição foi possível por se estar trabalhando com famílias oriundas de autofecundações e derivadas de populações resultantes do cruzamento entre dois genitores contrastantes.

Tabela 2 – Decomposição da variância genotípica total em componentes.

Fonte de Variação	Variância Genotípica	Componentes
Entre famílias	$\hat{\sigma}_{ge}^2$	$2F\hat{\sigma}_a^2 + F(1-F)\hat{\sigma}_d^2$
Dentro de famílias	$\hat{\sigma}_{gd}^2$	$(1-F)\hat{\sigma}_a^2 + (1-F)\hat{\sigma}_d^2$
Total	$\hat{\sigma}_{gt}^2$	$(1+F)\hat{\sigma}_a^2 + (1-F^2)\hat{\sigma}_d^2$

Com as equações disponíveis, estimou-se:

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2 - F\hat{\sigma}_{gd}^2}{F(1+F)} ; \quad \hat{\sigma}_d^2 = \frac{2F\hat{\sigma}_{gd}^2 - (1-F)\hat{\sigma}_{ge}^2}{F(1-F^2)}$$

Estimativas dos coeficientes de herdabilidade

Herdabilidade no sentido amplo

$$h_{Ae}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{ge}^2}{\hat{\sigma}_{Ef}^2}$$

- Entre famílias:

$$h_{Ad}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gd}^2}{\hat{\sigma}_{Df}^2}$$

- Dentro de famílias:

Herdabilidade no sentido restrito

$$h_{Re}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{aentre}^2}{\hat{\sigma}_{Ef}^2} = \frac{2F\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{Ef}^2}$$

- Entre famílias:

$$h_{Rd}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{adentro}^2}{\hat{\sigma}_{Df}^2} = \frac{(1-F)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{Df}^2}$$

- Dentro de famílias:

$$h_{Rtotal}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{atotal}^2}{\hat{\sigma}_{ftotal}^2} = \frac{(1+F)\hat{\sigma}_a^2}{\hat{\sigma}_{ftotal}^2}$$

- Total:

Herdabilidade baseada na regressão pai-filho

$$h_{reg}^2 = \frac{b}{2r_{Ft, Ft+1}} = \frac{b}{1+F_t} = \frac{b}{2F_{t+1}}$$

em que **b** é o coeficiente de regressão, calculado por:

$$b = \frac{\text{Cov}(Y_{Ft}, \bar{Y}_{Ft+1})}{V(Y_{Ft})}$$

onde:

$\text{Cov}(Y_{Ft}, \bar{Y}_{Ft+1})$ - refere-se à covariância entre os valores dos indivíduos Ft e a média das linhas Ft+1;

\bar{Y}_{Ft} : média da população Ft;

$\hat{\sigma}_{Ft}^2 = V(Y_{Ft})$: variância da população Ft.

Correlações fenotípicas

Para o cálculo dos coeficientes de correlação fenotípica, foram utilizados os dados das duas gerações (F_3 e F_4), e foram obtidas estimativas para cada geração. A correlação estudada foi a fenotípica, sendo que esta é estimada pela combinação de todos os caracteres avaliados dois a dois, baseando-se nas médias das plantas em cada população dos cinco cruzamentos em questão.

A expressão utilizada para estimar os coeficientes de correlação fenotípica proposta por VENCOVSKY & BARRIGA (1992), está apresentada a seguir. A análise estatística foi realizada utilizando-se o programa Genes (CRUZ, 2001).

$$r_{F(XY)} = \frac{COV_{F(XY)}}{\sqrt{V_{F(X)}V_{F(Y)}}}$$

Onde:

$r_{F(XY)}$: correlação fenotípica entre os caracteres X e Y;

$COV_{F(XY)}$: covariância fenotípica entre os caracteres X e Y;

$V_{F(X)}$ e $V_{F(Y)}$: variância fenotípica de tratamentos para os caracteres;

A significância dos coeficientes de correlação fenotípica foi avaliada pelo teste t, aos níveis de 1% e de 5% de probabilidade.

2.3. Resultados e discussão

Na Tabela 3 encontram-se as estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo entre e dentro de famílias, restrito entre famílias, dentro de famílias e total (aquela do indivíduo, desprezando-se a informação da família) e com base na regressão pai-filho.

Tabela 3 – Estimativas dos coeficientes de herdabilidade no sentido amplo entre famílias (h^2_{Ae}) e dentro de famílias (h^2_{Ad}), restrito entre famílias (h^2_{Re}), dentro de famílias (h^2_{Rd}) e total (h^2_{Rtotal}) e baseado na regressão pai-filho (h^2_{reg}), para os oito caracteres nos cinco cruzamentos. Jaboticabal – SP, 2002/03.

Cruz.	Herd	Caracteres*							
		APM	AIV	NV ²	NR	NS ²	AC ¹	VA ¹	PG
1	h^2_{Ae}	0,51	0,80	0,82	0,62	0,67	0,39	0,37	0,54
	h^2_{Ad}	0,47	0,44	0,39	0,38	0,48	0,22	0,11	0,33
	h^2_{Re}	0,59	0,58	0,66	0,39	0,69	0,32	0,42	0,49
	h^2_{Rd}	0,17	0,11	0,28	0,23	0,32	0,21	0,22	0,21
	h^2_{Rtotal}	0,35	0,29	0,45	0,24	0,51	0,33	0,22	0,33
	h^2_{reg}	0,39	0,67	0,31	0,32	0,44	0,49	0,44	0,53
2	h^2_{Ae}	0,58	0,34	0,77	0,51	0,61	0,68	0,67	0,49
	h^2_{Ad}	0,38	0,61	0,73	0,57	0,68	0,32	0,33	0,53
	h^2_{Re}	0,49	0,61	0,76	0,48	0,82	0,69	0,41	0,39
	h^2_{Rd}	0,45	0,22	0,54	0,40	0,60	0,33	0,31	0,36
	h^2_{Rtotal}	0,42	0,33	0,68	0,61	0,73	0,47	0,43	0,39
	h^2_{reg}	0,72	0,34	0,77	0,77	0,61	0,41	0,42	0,38
3	h^2_{Ae}	0,70	0,51	0,49	0,47	0,53	0,61	0,72	0,69
	h^2_{Ad}	0,59	0,35	0,46	0,39	0,47	0,26	0,54	0,56
	h^2_{Re}	0,61	0,67	0,31	0,44	0,33	0,66	0,63	0,64
	h^2_{Rd}	0,60	0,45	0,30	0,19	0,22	0,22	0,47	0,55
	h^2_{Rtotal}	0,61	0,40	0,37	0,44	0,37	0,38	0,39	0,59
	h^2_{reg}	0,59	0,55	0,65	0,78	0,76	0,39	0,44	0,81
4	h^2_{Ae}	0,59	0,67	0,77	0,75	0,81	0,64	0,58	0,87
	h^2_{Ad}	0,46	0,30	0,62	0,42	0,55	0,38	0,43	0,79
	h^2_{Re}	0,47	0,33	0,74	0,54	0,72	0,63	0,61	0,59
	h^2_{Rd}	0,32	0,09	0,45	0,39	0,58	0,11	0,46	0,33
	h^2_{Rtotal}	0,56	0,23	0,76	0,55	0,69	0,35	0,29	0,54

	h^2_{reg}	0,66	0,39	0,80	0,80	0,81	0,49	0,71	0,86
	h^2_{Ae}	0,73	0,61	0,81	0,77	0,86	0,43	0,72	0,90
	h^2_{Ad}	0,54	0,39	0,51	0,62	0,77	0,46	0,44	0,70
5	h^2_{Re}	0,48	0,46	0,52	0,67	0,89	0,44	0,43	0,80
	h^2_{Rd}	0,17	0,21	0,67	0,43	0,90	0,26	0,18	0,77
	h^2_{Rtotal}	0,28	0,36	0,87	0,65	0,66	0,29	0,38	0,85
	h^2_{reg}	0,68	0,49	0,79	0,44	0,84	0,74	0,69	0,82

* APM = altura da planta na maturação; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NV = número de vagens; NR = número de ramos; NS = número de sementes; AC = acamamento; VA = valor agrônômico; PG = produção de grãos.

¹ = dados transformados para $\sqrt{x+0,5}$ ² = dados transformados para \sqrt{x}

Os coeficientes de herdabilidade de uma maneira geral variaram bastante, com valores de 0,09 (AIV no cruzamento 4) a 0,90 (NS e PG no cruzamento 5). Tendo em vista os resultados, os maiores coeficientes de herdabilidade foram obtidos para os caracteres primários da produção (NV, NS e PG), na maioria dos cruzamentos (Tabela 3), sendo os mesmos ocasionados pela alta variância genotípica desses caracteres, devido a marcante superioridade de alguns indivíduos e de algumas famílias em relação à média populacional.

Todos os coeficientes de herdabilidade calculados apresentaram ampla variação. A herdabilidade ampla entre famílias variou de 0,34 (AIV no cruzamento 2) a 0,90 (PG no cruzamento 5), situando-se em faixas semelhantes às encontradas por REIS et al. (2002b), para os caracteres APM, NV, NS e PG. MAURO et al. (1995) também obtiveram resultados semelhantes para APM, AIV e NS, mas inferiores para NV e PG. A herdabilidade ampla dentro de famílias, que variou de 0,11 (VA no cruzamento 1) a 0,79 (PG no cruzamento 4) também se assemelhou aos resultados obtidos por REIS et al. (2002b) para APM, porém, superou aqueles obtidos para NV, NS e PG.

A herdabilidade restrita entre famílias variou de 0,31 (NV no cruzamento 3) a 0,89 (NS no cruzamento 5), apresentando semelhanças aos encontrados por REIS et

al. (2002b) para NV, NS e PG, sendo inferiores para APM. ROSSMANN (2001) obteve faixas de amplitude semelhantes às obtidas para PG, com resultados ligeiramente superiores para APM e AC. A herdabilidade restrita dentro de famílias também apresentou ampla variação, na faixa de 0,09 (AIV no cruzamento 4) a 0,90 (NS no cruzamento 5), com resultados muito superiores aos encontrados por REIS et al. (2002b) para APM e inferiores para NV, NS e PG. A herdabilidade restrita total variou de 0,22 (VA no cruzamento 1) a 0,87 (NV no cruzamento 5), apresentando resultados inferiores aos obtidos por REIS et al. (2002b) para APM e semelhantes para NV, NS e PG.

A herdabilidade estimada pela regressão pai-filho situou-se entre 0,31 (NV no cruzamento 1) a 0,86 (PG no cruzamento 4), apresentando faixas de amplitude semelhantes às obtidas por MUNIZ et al. (2002) para APM e AIV e superiores para NS e PG. FARIAS NETO & VELLO (2001) obtiveram resultados semelhantes para APM e PG.

De acordo com os resultados obtidos, observa-se que os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo e restrito, na maioria das situações, estiveram próximos, indicando que, provavelmente, a maior parte da variância genética é de natureza aditiva.

As estimativas da herdabilidade calculadas pela regressão pai-filho assemelharam-se, em sua maior parte, à herdabilidade restrita. Entretanto, como as estimativas de herdabilidade ampla e restrita foram próximas, pode-se considerar que a estimativa da regressão foi próxima da ampla. Tal fato reforça as considerações de BORÉM (1997), onde o autor cita que as estimativas de herdabilidade obtidas pela regressão pai-filho, especialmente nas gerações F_2 e F_3 , são consideradas de sentido amplo, em virtude da covariância pai-filho incluir componentes de variância aditivos, de dominância e epistáticos. Contudo, pelo fato de a quase totalidade da variância genética do presente experimento ser de natureza aditiva, com efeitos de dominância e epistáticos minimizados, pode-se considerar que as três estimativas (ampla, restrita e regressão) foram próximas, na maioria das situações.

Os altos coeficientes de herdabilidade no sentido restrito observados, principalmente para os caracteres NV, NS e PG indicam que pode haver sucesso na seleção de gerações precoces, nesse caso na geração F₃, direcionando o processo de seleção dos genótipos mais promissores, fato esse muito interessante, já que os três caracteres são de fácil mensuração.

De acordo com as estimativas de herdabilidade para o caráter PG, tem-se que os cruzamentos 4 e 5 apresentam maiores possibilidades de ganhos considera-se os coeficientes no sentido amplo e restrito, o mesmo acontecendo quando considera-se a herdabilidade pela regressão pai-filho. Considerando-se que o coeficiente de herdabilidade define a proporção do diferencial de seleção que será transmitida à geração seguinte, pode-se deduzir que a seleção entre famílias será mais promissora que a seleção dentro de famílias. Além disso, os caracteres e cruzamentos que apresentaram maiores estimativas dos coeficientes de herdabilidade apresentam também maiores possibilidades de ganhos com métodos simples de seleção, mesmo em gerações precoces.

Tendo em vista os melhores resultados para herdabilidade encontrados no cruzamento 5, realizou-se o cálculo da correlação entre os caracteres como pode ser visto na Tabela 4, e constatou-se que para os caracteres considerados primários, as correlações encontradas foram positivas e significativas ($p < 0,01$), o que evidência as inter-relações entre estes caracteres e a tendência de que plantas mais produtivas tendem a apresentar maiores valores para NV, NS, PG e VA, concordando com os resultados de UNÊDA-TREVISOLI (2000) e BÁRBARO (2003), que encontraram valores de correlações fenotípicas positivas e significativas para PG e VA e com MUNIZ et al., (2002) que obtiveram valores de grande magnitude para NV, NS, PG e VA. Porém os resultados encontrados discordam dos estudos realizados por KNOW & TORRIE (1964), onde, não foram encontrados valores de correlações significativas entre, PG, NV e NS, sendo que tais resultados evidenciam que o direcionamento da seleção dos genótipos foram dadas para outros caracteres como APM, por exemplo.

Tabela 4. Correlações fenotípicas entres os caracteres altura de plantas na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de vagens (NV), número de ramos (NR), número de sementes (NS), acamamento (AC), valor agrônômico (VA) e produção de grãos (PG) nas progêries F₃ e F₄ no cruzamento 5.

Caract	Geraç	AIV	NV	NR	NS	AC	VA	PG
APM	F ₃	0,21 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	-0,13 ^{NS}	-0,16 ^{NS}	-0,08 ^{NS}	0,18 ^{NS}	0,21 ^{NS}
	F ₄	0,33 ^{NS}	0,04 ^{NS}	0,19 ^{NS}	0,23 ^{NS}	0,14 ^{NS}	0,14 ^{NS}	0,09 ^{NS}
AIV	F ₃		-0,39**	-0,33 ^{NS}	-0,34*	-0,11 ^{NS}	-0,09 ^{NS}	-0,01 ^{NS}
	F ₄		-0,21 ^{NS}	0,07 ^{NS}	-0,02 ^{NS}	0,18 ^{NS}	0,15 ^{NS}	0,18 ^{NS}
NV	F ₃			0,17 ^{NS}	0,88**	0,09 ^{NS}	0,86**	0,92**
	F ₄			0,30 ^{NS}	0,91**	0,14 ^{NS}	0,88**	0,98**
NR	F ₃				0,39 ^{NS}	0,21 ^{NS}	0,32	0,20 ^{NS}
	F ₄				0,40*	0,38 ^{NS}	0,62**	0,32 ^{NS}
NS	F ₃					0,09 ^{NS}	0,70**	0,88**
	F ₄					0,15 ^{NS}	0,79**	0,86**
AC	F ₃						-0,09 ^{NS}	-0,07 ^{NS}
	F ₄						-0,18 ^{NS}	-0,21 ^{NS}
VA	F ₃							0,91**
	F ₄							0,98**

*, **: valores significativos ao nível de 5 e 1% de probabilidade pelo teste "t", respectivamente.

^{NS}: valores não significativos

2.4. CONCLUSÕES

Através dos resultados obtidos, conclui-se que a seleção entre famílias é mais promissora que a seleção dentro de famílias, tendo em vista os resultados de herbabilidade. Também pode-se concluir que o uso da correlação fenotípica apresentou valores positivos e altamente significativos, podendo, desse modo, auxiliar no processo indireto de seleção.

CAPÍTULO 3. ANÁLISE DE ÍNDICES DE SELEÇÃO EM GENÓTIPOS SEGREGANTES DE SOJA NA GERAÇÃO F₅

RESUMO - Uma das principais contribuições da genética quantitativa é a possibilidade do melhorista estimar o progresso esperado com a seleção antes que esta seja realizada. Desse modo, o presente trabalho objetivou estimar e comparar os ganhos genéticos pela seleção direta e indireta e pelos índices baseados em soma de “ranks” (Mulamba & Mock) e nos ganhos desejados (Pesek & Baker), para seleção de genótipos de soja mais promissores. Foram utilizados 744 genótipos da geração F₅, compondo 186 famílias provenientes de cinco cruzamentos na geração F₅, cultivadas em um esquema de famílias com testemunhas intercalares. As plantas foram avaliadas para os caracteres altura de plantas (APM); altura de inserção da primeira vagem (AIV); acamamento (AC); valor agrônômico (VA); número de vagens (NV); número de ramos (NR); número de sementes (NS) e produção de grãos (PG), sendo as análises realizadas pelo programa Genes. Observou-se que os maiores ganhos diretos foram obtidos para os caracteres NV, NS e PG, tanto na seleção direta como pelos índices, pois a seleção foi conduzida priorizando esses caracteres, considerados principais. Desse modo, concluiu-se que o uso dos índices de seleção em soja apresentou altos ganhos totais e que o índice de Mulamba & Mock apresentou altos ganhos com seleção e que o cruzamento Embrapa 48 X MG/BR 46 (Conquista) apresentou-se como o mais promissor dos cruzamentos.

Palavras-chave: *Glycine max*, melhoramento genético.

3.1. Introdução

Uma das principais contribuições da genética quantitativa é a possibilidade do melhorista estimar o progresso esperado com a seleção antes que esta seja realizada. Tais informações permitem orientar de maneira mais efetiva o programa de melhoramento, prever o sucesso do esquema seletivo adotado e decidir, com base científica, por técnicas alternativas mais eficazes (RAMALHO et al. 1993, CRUZ & REGAZZI, 1997).

Contudo, selecionar as progênes superiores não é tarefa fácil, uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam comportamento complexo, por serem muito influenciados pelo ambiente e estarem inter-relacionados, de tal forma que a seleção em um provoca uma série de mudanças em outros (CRUZ, 2001).

Diante do exposto, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres, que pode ser efetuada eficientemente através do uso de índices de seleção, aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento. Os índices de seleção permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a seleção com base em um complexo de variáveis de interesse econômico (CRUZ & REGAZZI, 1997).

Algumas comparações dos índices com a seleção direta permitem concluir que a utilização destes como critério de seleção propicia resultados relativamente superiores. De modo geral, o ganho direto sobre o caráter é reduzido, entretanto esta redução é compensada pela melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres. Diferentes índices representam diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos, identificando de maneira rápida e eficiente, os genótipos mais adequados aos propósitos do melhorista (CRUZ & REGAZZI, 1997).

Segundo CRUZ (1990), o índice de seleção tem sido mais freqüentemente utilizado nos melhoramentos animal e vegetal de espécies perenes e semiperenes, com uso muito restrito em espécies anuais e de ciclo curto. Trabalhos similares foram realizados com milho (GRANATE et al., 2002; GARCIA & SOUZA JR., 1999), eucalipto

(PAULA et al., 2002), arroz (RODRIGUES et al, 1998), batata (BARBOSA & PINTO, 1998) e soja (OLIVEIRA et al., 1999; COSTA et al., 2004).

Desse modo, o presente trabalho objetivou estimar e comparar os ganhos genéticos pela seleção direta e indireta e pelos índices baseados em soma de “ranks” (Mulamba & Mock) e nos ganhos desejados (Pesek & Baker), para seleção de genótipos de soja mais promissores.

3.2. Material e métodos

O experimento foi realizado na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP – Câmpus de Jaboticabal. O mesmo foi conduzido seguindo o esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo estas MG/BR 46 (Conquista) e Codetec 217, onde cada família era derivada da debulha de uma planta individual. Este delineamento foi adotado em função da pequena quantidade de sementes disponíveis, grande número de genótipos a serem avaliados e a falta de homogeneidade nas primeiras gerações de autofecundação, inviabilizando o uso de delineamentos estatísticos com repetições. Este sistema é, na verdade, uma derivação do delineamento de blocos aumentados (FEDERER, 1955), onde as testemunhas equivalem aos tratamentos comuns, e as famílias, aos tratamentos regulares.

Foram utilizados 744 genótipos da geração F₅, compondo 186 famílias provenientes de cinco cruzamentos, sendo eles: EMBRAPA 48 X CAC 1 (2); MG/BR 46 (Conquista) X IAC Foscarim 31 (4); EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista) (8); CAC 1 X BR 16 (10) e IAC 17 X BR 16 (16). As plantas foram avaliadas no estágio R₈ (FEHR & CAVINESS, 1977) para os caracteres altura de plantas na maturidade (APM) – em centímetros, da superfície do solo até o ápice da haste principal; altura de inserção da primeira vagem (AIV) – em centímetros, da superfície do solo até a primeira vagem; acamamento (AC) – escala de notas visuais, variando de 1 (planta ereta) a 5 (planta

prostrada); valor agronômico (VA) – escala de notas visuais, variando de 1 (planta ruim) a 5 (planta excelente); número de vagens por planta (NV) – número total de vagens com sementes formadas; número de ramos (NR) – número total de ramos na haste principal; número de sementes por planta (NS) – número total de sementes produzidas por planta; produção de grãos (PG) – peso total das sementes de cada planta, em gramas.

As análises de variância de cada caráter para a testemunha e para a geração segregante foram realizadas considerando-se o seguinte modelo:

$$Y_{ij} = \mu + f_i + e_i + p_{ij} + d_{ij}$$

Onde: Y_{ij} é a observação relativa à j -ésima planta da i -ésima família; μ é a média geral da geração (testemunha ou família); f_i é o efeito genético atribuído à i -ésima família, com $i = 1, 2, \dots$; e_i é o efeito ambiental entre fileiras (de uma testemunha ou de famílias); p_{ij} é o efeito genético atribuído à j -ésima planta da i -ésima família, com $j = 1, 2, \dots$; d_{ij} é o efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de uma testemunha ou de famílias).

As análises estatísticas foram efetuadas através do Programa Genes (CRUZ, 2001), segundo metodologia utilizada por COSTA (2004). Os dados originais de AC e VA foram transformados em $\sqrt{x+0,5}$ e para NV e NS, houve a transformação em \sqrt{x} . O coeficiente de herdabilidade foi estimado no sentido, que considera as informações ao nível de indivíduo, desprezando-se a família.

Nas estimativas dos ganhos por seleção foram utilizados os seguintes métodos:

Seleção direta e indireta

Tem por finalidade obter ganhos no caráter sobre o qual se pratica a seleção, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, desconsiderados no processo seletivo, dependendo da correlação existente entre eles.

O ganho esperado é calculado baseando-se nas melhores progênes da população por $GS = h_{Rt}^2 DS$, em que GS é o ganho esperado pela seleção massal; h_{Rt}^2 é a herdabilidade restrita total; DS é o diferencial de seleção, calculado pela diferença entre a média das progênes selecionadas, independente da família a que pertence, e a média original da população. Na seleção massal, também são obtidos os ganhos diretos e indiretos, pois a seleção das melhores progênes para cada caráter também leva a ganhos indiretos nos outros caracteres não considerados na seleção.

Índice baseado em soma de “ranks” (Mulamba & Mock, 1978)

Os genótipos são classificados em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento, sendo as ordens de cada genótipo para cada caráter somadas, resultando no índice de seleção, descrito por $I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, onde I é o valor do índice para determinada progênie ou família; r_j é a classificação (ou rank) de uma progênie em relação ao j -ésimo caráter; n é o número de caracteres considerados no índice.

O melhorista pode desejar que a ordem de classificação das variáveis tenha pesos diferentes e especificá-los, obtendo $I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$, onde p_j é o peso econômico atribuído ao j -ésimo caráter. No presente experimento, a seleção foi praticada sobre os caracteres primários (VA, NV, NS e PG), que receberam peso

econômico de valor 1, enquanto os caracteres secundários (APM, AIV, NR e AC), não considerados no processo seletivo, receberam zero (0) como peso.

O ganho esperado para o caráter j com a seleção baseada no índice ($\Delta g_{j(I)} = g_{j(I)}$), é expresso por $\Delta g_{j(I)} = DS_{j(I)} h_j^2$, em que $DS_{j(I)}$ é o diferencial de seleção do caráter j , com a seleção baseada no índice I ; h_j^2 é a herdabilidade do caráter j . O índice baseado em soma de ranks foi utilizado neste experimento por ter apresentado resultados superiores a outros índices em populações de geração precoce de soja (COSTA et al., 2004).

Índice baseado nos ganhos desejados (Pesek & Baker, 1969)

Devido à dificuldade no estabelecimento dos pesos econômicos, foi proposto um índice onde estes seriam substituídos pelos ganhos desejados para cada caráter, de mais fácil determinação.

A construção do índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres, definida por $\Delta g = \frac{G\hat{b}_i}{\hat{s}_I}$, onde Δg é o ganho estimado pelo índice; G é a matriz, de dimensão $n \times n$, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres que é dada pelo programa estatístico; 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 do índice I ; \hat{s}_I é o desvio-padrão do índice I . Substituindo-se Δg , por Δg_d , que é o vetor dos ganhos desejados, e 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}'_i s, assim estimados, proporcionarão a

maximização dos ganhos em cada caráter, de acordo com a importância estabelecida pelo melhorista.

Na utilização do índice de Pesek e Baker empregou-se os ganhos desejados correspondentes a um desvio padrão genético (CRUZ & REGAZZI, 1997). Considerou-se ainda, seleção negativa para AC, para permitir a obtenção de progênes menos acamadas. Do mesmo modo que no índice baseado na soma de “ranks”, os caracteres VA, NV, NS e PG foram considerados primários e, APM, AIV, NR e AC, secundários.

Visando padronizar o número de plantas em cada método, para obtenção das estimativas de predição dos ganhos, adotou-se valores de seleção de 20% das progênes para a seleção massal e para os índices.

3.3. Resultados e discussão

Nas Tabelas de 1 a 5 podem ser observadas as estimativas dos ganhos de seleção para os oito caracteres avaliados nos cinco cruzamentos pelo método da seleção direta e indireta e pelos índices de Mulamba & Mock e de Pesek & Baker.

Observou-se que os maiores ganhos diretos foram obtidos para os caracteres NV, NS e PG, tanto na seleção direta e indireta como pelos índices (Tabelas 1 a 5). Tal fato era esperado, pois a seleção foi conduzida priorizando esses caracteres, considerados principais, que apresentaram os maiores coeficientes de herdabilidade e elevado diferencial de seleção, devido à ampla variação observada nos mesmos.

Considerando-se os ganhos totais obtidos por cada critério de seleção, pode ser observada uma ligeira superioridade do índice de Mulamba & Mock, em algumas situações, porém, mesmo nestas, ocorreram valores próximos aos obtidos pela seleção direta e indireta sobre os caracteres NV, NS e PG, principalmente, e também muito semelhantes aos do índice de Pesek & Baker na maioria dos cruzamentos. Tais fatos foram também observados por COSTA et al. (2004).

Para o caráter AC, foi feita a seleção para os menores valores, para obtenção de plantas mais eretas. Nesse caso, os ganhos diretos obtidos pela seleção direta foram superiores em dois dos cinco cruzamentos (Tabelas 1 e 3), quando comparados aos ganhos obtidos pelos índices de Mulamba & Mock. Comparando-se a Pesek & Baker, os ganhos diretos foram superiores em três dos cinco cruzamentos (Tabela 1, 2 e 3).

Tabela 1. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 2 (EMBRAPA 48 X CAC 1).

Caráter*	h ²	GS%								
		APM	AIV	NR	VA	AC	NV	NS	PG	Total
APM	82,20	18,43	-0,64	-2,76	-2,04	-0,61	0,36	0,35	-0,28	13,42
AIV	49,41	2,09	9,43	-18,15	-4,13	0,07	-9,81	-9,81	-20,16	-40,54
NR	76,48	-0,13	-1,41	8,28	3,99	-0,32	7,42	7,29	15,99	81,56
VA	69,61	1,32	-4,03	23,97	10,01	0,12	11,34	11,35	26,33	80,29
AC	60,12	3,98	2,43	2,89	-0,91	9,99	10,87	15,08	2,54	17,90
NV	67,48	-7,46	-5,58	11,01	6,26	1,31	20,90	20,92	50,65	96,7
NS	67,54	-4,87	-5,63	12,08	6,32	2,09	21,23	22,87	46,98	88,23
PG	76,08	-7,46	-5,58	11,01	6,26	3,12	20,9	20,92	33,65	96,7
Mulamba & Mock		10,99	7,29	11,54	5,28	7,21	11,45	11,46	25,74	86,74
Pesek & Baker		14,43	8,72	9,39	2,97	5,31	9,86	9,85	22,25	67,03

Valores em negrito correspondem aos ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão.

* APM: altura da planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC : acamamento; VA: valor agrônômico; NV: número de vagens; NS: número de sementes; PG: produção de grãos; NR: número de ramos.

Tabela 2. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 4 (MG/BR 46 (Conquista) X IAC Foscarim 31).

Caráter*	h ²	GS%								
		APM	AIV	NR	VA	AC	NV	NS	PG	Total
APM	72,25	11,76	5,61	6,94	0,22	-0,44	-1,12	-1,41	-3,21	23,79
AIV	66,85	1,47	11,42	3,74	-3,28	0,12	-4,41	-5,58	-8,14	5,22
NR	83,56	4,35	9,14	11,75	0,53	1,32	1,36	1,49	2,49	56,11
VA	79,78	1,64	-4,68	4,81	7,46	-0,52	7,59	9,31	13,07	39,2
AC	44,71	2,87	-2,33	1,76	-0,91	2,87	3,87	13,08	12,44	21,90
NV	45,43	-1,58	-9,13	9,07	7,01	3,12	12,96	15,72	23,54	57,59
NS	53,08	-1,77	-6,13	9,37	7,33	12,09	13,12	20,70	21,23	55,49
PG	37,24	0,18	-8,21	11,20	7,01	21,87	12,94	15,67	23,59	62,38
Mulamba & Mock		11,73	1,62	6,39	6,31	3,21	7,86	9,45	13,59	64,95
Pesek & Baker		10,62	-0,53	6,26	7,45	1,31	7,75	9,39	13,29	60,24

Valores em negrito correspondem aos ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão.

* APM: altura da planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC : acamamento; VA: valor agrônômico; NV: número de vagens; NS: número de sementes; PG: produção de grãos; NR: número de ramos.

Tabela 3. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 8 (EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista)).

Caráter*	h ²	GS%								
		APM	AIV	NR	VA	AC	NV	NS	PG	Total
APM	41,31	8,20	14,54	-6,29	-3,29	-1,23	-2,69	-2,36	-7,18	0,93
AIV	78,21	3,33	22,92	-14,80	-5,80	2,07	-10,78	-9,36	-20,12	-25,61
NR	65,15	-2,14	-12,05	21,93	6,53	3,21	12,99	11,16	25,32	83,74
VA	87,00	-2,22	-13,51	24,2	15,49	4,72	20,42	15,66	36,85	96,89
AC	54,26	3,23	2,30	2,45	-1,91	5,23	8,98	12,08	2,34	10,90
NV	84,55	-2,08	-11,84	20,65	10,02	3,33	30,80	24,61	57,72	89,12
NS	70,48	-2,11	-11,63	19,23	10,73	-7,21	20,78	24,65	58,14	91,33
PG	79,00	-2,14	-9,12	18,21	9,27	3,83	10,43	25,10	56,19	92,31
Mulamba & Mock		2,48	-12,89	21,36	11,10	4,53	21,27	17,48	38,95	99,75
Pesek & Baker		4,47	-9,12	16,40	8,35	4,12	15,92	12,81	26,62	75,45

Valores em negrito correspondem aos ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão.

* APM: altura da planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC : acamamento; VA: valor agronômico; NV: número de vagens; NS: número de sementes; PG: produção de grãos; NR: número de ramos.

Tabela 4. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 10 (CAC 1 X BR 16).

Caráter*	h ²	GS%								
		APM	AIV	NR	VA	AC	NV	NS	PG	Total
APM	82,45	18,12	8,29	-13,83	0,03	-1,31	-0,56	-0,78	0,46	11,73
AIV	50,40	8,98	15,09	-16,74	-3,85	0,98	-6,46	-6,90	-12,03	-21,91
NR	81,70	-4,60	-3,24	13,08	6,40	2,31	7,98	8,34	17,11	85,07
VA	85,57	0,63	-6,20	26,90	12,70	5,31	19,83	21,10	44,44	89,98
AC	67,31	2,21	-1,21	1,49	-0,56	3,67	8,37	9,08	1,28	14,96
NV	61,64	2,95	-7,09	9,45	8,75	3,09	23,38	24,64	52,63	86,46
NS	63,00	3,35	-6,49	6,54	8,34	2,13	22,98	24,93	53,41	73,06
PG	61,01	2,75	-7,23	8,48	9,12	2,22	22,92	24,91	53,62	84,57
Mulamba & Mock		10,97	-2,65	10,41	8,80	4,43	17,76	19,60	41,52	87,41
Pesek & Baker		8,72	-4,87	6,54	11,11	5,09	16,57	17,95	37,88	83,90

Valores em negrito correspondem aos ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão.

* APM: altura da planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC : acamamento; VA: valor agrônômico; NV: número de vagens; NS: número de sementes; PG: produção de grãos; NR: número de ramos.

Tabela 5. Estimativas dos ganhos por seleção (GS %) pelos métodos: seleção direta e indireta, índice de seleção de Mulamba & Mock e índice de seleção de Pesek & Baker, no cruzamento 16 (IAC 17 X BR 16).

Caráter*	h ²	GS%								
		APM	AIV	NR	VA	AC	NV	NS	PG	Total
APM	87,50	20,68	8,45	-6,52	-3,45	1,09	-2,73	-2,02	-5,23	9,18
AIV	75,48	10,99	23,9	-11,31	-5,84	-2,21	-10,07	-12,02	-25,38	-29,73
NR	63,30	-4,02	-3,94	20,01	9,97	2,98	19,83	22,68	50,89	135,42
VA	88,97	-0,85	-4,96	25,64	14,22	2,98	24,05	28,21	61,87	68,18
AC	76,01	3,55	2,21	3,14	-1,91	2,21	6,87	-2,29	4,06	11,80
NV	83,02	1,54	-3,94	31,12	12,31	5,98	26,24	28,96	65,03	61,26
NS	88,35	-0,91	-5,77	31,80	11,93	1,96	24,59	30,05	63,78	55,47
PG	90,11	2,14	-4,96	24,27	12,70	6,75	24,46	27,98	69,75	56,34
Mulamba & Mock		8,48	-1,30	20,17	11,23	3,43	22,19	25,58	59,55	85,90
Pesek & Baker		11,23	2,15	19,48	9,13	2,78	19,46	18,27	49,24	78,96

Valores em negrito correspondem aos ganhos diretos na seleção sobre o caráter em questão.

* APM: altura da planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; NV: número de vagens; NS: número de sementes; PG: produção de grãos; NR: número de ramos.

Analisando-se o caráter VA, pode-se constatar que os ganhos obtidos pela seleção direta foram superiores em todos os cruzamentos (Tabelas 1, 2, 3, 4 e 5) quando comparados aos índices.

Considerando-se o caráter NV, foram obtidos ganhos diretos pela seleção direta e indireta próximos aos encontrados para NS nas Tabelas 1, 4 e 5 provavelmente devido à alta correlação entre esses caracteres, como encontrado por MUNIZ (2002). Os ganhos proporcionados pelos índices de Mulamba & Mock e Pesek & Baker foram menores que os ganhos diretos encontrados em todos os casos.

Em relação ao caráter NS, os ganhos diretos proporcionados pela seleção direta e indireta massal superaram aos ganhos indiretos em todos os cruzamentos analisados, como pode ser visto nas Tabelas 1, 2, 3, 4 e 5.

Analisando-se o caráter PG, o mais importante do ponto de vista econômico, a seleção direta e indireta propiciou ganhos sempre superiores aos demais métodos de seleção para todos os cruzamentos.

Comparando-se os resultados obtidos aos de OLIVEIRA et al. (1999), os ganhos diretos do presente experimento foram similares para NV e NS e inferiores para PG. Os ganhos indiretos para NV obtidos aqui foram semelhantes com a seleção sobre NS e inferiores com a seleção sobre PG, o mesmo ocorrendo com NS, com ganhos semelhantes na seleção sobre NV e inferiores na seleção sobre PG. Já os ganhos indiretos para PG foram similares com a seleção direta sobre NV e NS, e os ganhos obtidos pelo índice de Pesek & Baker foram superiores para NV, semelhantes para NS e inferiores para PG.

Amplitudes similares de ganhos foram obtidas por REIS et al. (2002a), para APM e NV, sendo que para esses dois últimos, os autores obtiveram alguns ganhos superiores. Quanto à PG, ganhos inferiores foram observados por REIS et al. (2002a). Os ganhos indiretos para APM, assim como os ganhos diretos e indiretos para NV e PG, foram similares aos obtidos por BACKES et al. (2003) com a seleção sobre NV e PG. Porém, com relação aos ganhos obtidos pelo índice de Pesek e Baker, os resultados do presente experimento foram inferiores aos observados por BACKES et al. (2003) para NV e PG, e bem diferentes para APM, pois os autores realizaram seleção negativa para esse caráter.

Os ganhos diretos aqui observados para AC, NV, NS e PG foram ainda similares aos obtidos por COSTA et al. (2004), sendo inferiores para APM, AIV e VA. Os ganhos indiretos obtidos pela seleção sobre os outros caracteres foram semelhantes para APM, AIV, AC e PG, enquanto que para VA, NV e NS, alguns valores foram semelhantes e outros superiores. Com relação aos ganhos obtidos pelos índices de Mulamba & Mock e de Pesek & Baker, apenas para VA os resultados desses autores foram superiores, sendo similares para APM, AIV, AC, NV, NS e PG.

Pelos resultados de estimativas de ganho apresentados, pode-se constatar que os cruzamentos mais adequados foram EMBRAPA 48 X CAC 1 (2) e EMBRAPA 48 X MB/BR 46 (Conquista) (8), baseando-se nos ganhos totais, e EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista) (8) e IAC 17 X BR 16 (16), considerando-se os ganhos sobre PG.

Os resultados obtidos para os ganhos com a seleção, apesar de pouco diferenciados, permitem inferir que tanto a utilização dos índices quanto os ganhos obtidos pela seleção direta e indireta mostram-se de grande utilidade no cálculo dos ganhos com a seleção. Comparando-se os dois índices, conclui-se que o índice de soma de "ranks" (Mulamba & Mock) apresentou ganhos mais altos, quando comparado ao índice de Pesek & Baker. A eficiência do uso dos índices de seleção também foi observada por BARBOSA & PINTO (1998), OLIVEIRA et al. (1999), GRANATE et al. (2002), PAULA et al. (2002) e COSTA et al. (2004).

3.4. Conclusões

Através dos resultados obtidos, pode-se concluir que :

1. O uso dos índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que estes proporcionam ganhos com a seleção elevados, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, situação mais adequada aos programas de melhoramento.
2. O índice baseado na soma de "ranks" (Mulamba & Mock), apresentou-se mais adequado para as condições do presente experimento, com ganhos com a seleção superiores.
3. O cruzamento EMBRAPA 48 X MG/BR 46 (Conquista) apresentou-se como mais promissor por apresentar ganhos satisfatórios nos ganhos totais e em relação ao caráter PG.

4. REFERÊNCIAS

AGRIANUAL 2005: anuário da agricultura brasileira. São Paulo: FNP Consultoria & Comércio, 2004. p.287- 311.

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

AZEVEDO FILHO, J. A.; VELLO, N. A.; GOMES, R. L. F. Estimativas de parâmetros genéticos de populações de soja em solos contrastantes na saturação de alumínio. **Bragantia**, Campinas, v.57, n.2, p.227-239, 1998.

BACKES, R. L.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; TEIXEIRA, R. C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v.49, n.282, p.201-216, 2002.

BACKES, R. L.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C. S. Correlation estimates and assessment of selection strategies in five soybean populations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.3, p.107-116. 2003.

BÁRBARO, I. M. **Seleção de genótipos de soja e estudo da herança da resistência ao cancro da haste (*Diaporthe phaseolorum f. sp. meridionalis*)**. 2003. 58f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2003.

BÁRBARO, I. M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. 2006. 89f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2006.

BARBOSA, M. H. P.; PINTO, C. A. B. P. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.2, p.149-156, 1998.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Editora UFV: Imprensa Universitária, Viçosa, 1997. 547p.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 1998. 453p.

CABRAL, C. B.; MILACH, S. C. K.; PACHECO, M. T.; CRANCIO, L. A. Herança de caracteres morfológicos de grãos primários em aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.9, p.1133-1143, 2001.

CABRAL, C. B.; MILACH, S. C. K.; CRANCIO, L. A.; PACHECO, M. T. Herança do peso de grãos primários e secundários em aveia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.1, p.73-80, 2002.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Indicadores da agropecuária**. Disponível em: < <http://www.conab.gov.br/download/indicadores/publindicadores.pdf>>. Acesso em: 10 março 2007.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2ed. Editora UFV, Viçosa, 1997. 390p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes**: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística. Editora UFV: Imprensa Universitária, Viçosa, 2001, 648p.

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

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. **Melhoramento Genético de Plantas**. Londrina, UEL, 1999, 818p.

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

FARIAS NETO, J. T.; VELLO, N. A. Avaliação de progênies $F_{4:3}$ e $F_{5:3}$ e estimativas de parâmetros genéticos com ênfase para porcentagem de óleo, produtividade de grãos e óleo em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.25, n.4, p.812-820, 2001.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa: UFV - Imprensa Universitária, 1987. 279p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. New York: Longman, 1996. 464p.

FEDERER, W. T. **Experimental design** – Theory and application. New York: Mac Millan, 1955. 544p.

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

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

FRANÇA NETO, J. B. Perspectivas futuras da cultura da soja no Brasil – produção, produtividade, expansão de área. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 7.; INTERNATIONAL SOYBEAN PROCESSING AND UTILIZATION CONFERENCE, 4.; CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 3., 2004, Foz do Iguaçu. **Proceedings...** Londrina: Embrapa Soybean, 2004. p.1344.

GARCIA, A. A. F.; SOUZA JÚNIOR, C. L. Comparação de índices não paramétricos para seleção de cultivares. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.2, p. 253-267, 1999.

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**, Brasília, v.37, n.7, p.1001-1008, 2002.

HANSON, W. D. Heritability. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963. p.125-139.

JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. **Biometrics**, Arlington, v.39, n.2, p.465-477, 1983.

KNOW, S. H.; TORRIE, J. H. Heritability and interrelationship among traits of two soybean populations. **Crop Science**, Madison, v.4, p.196-198, 1964.

MAURO, A. O.; SEDYIAMA, T.; SEDYIAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.667-672, 1995.

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

MUNIZ, F. R. S.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; OLIVEIRA, J. A.; BÁRBARO, I. M.; ARRIEL, N. H. C.; COSTA, M. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, Campina Grande, v.6, n.3, p.615-622, 2002.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, C. S.; CRUZ, C. D. Selection for later flowering in soybean (*Glycine max* L. Merrill) F₂ populations cultivated under short day conditions. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.22, p.243-247, 1999.

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

PESEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 49, p.803-804, 1969.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Comparison of predict and observed responses to selection for yield in wheat. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v.51, n.3, p.187-192, 1971.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas**: aplicações ao melhoramento do feijoeiro. Editora UFG, Goiânia, 1993. 271p.

REIS, E. F. **Ganhos preditos e realizados, por diferentes estratégias de seleção, em populações de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa, 2000. 120p. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Predicted and realized gains of different selection strategies in soybean populations: a comparative study. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v.2, p.61-70, 2002a.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 26, n. 4, p749-761, 2002b.

ROBINSON, P. Heritability: a second look. In: HANSON, W.D.; ROBINSON, H.F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963, p.609-614.

RODRIGUES, R. E. S.; RANGEL, P. H. N.; MORAIS, O. P. Estimativas de parâmetros genéticos e de respostas à seleção na população de arroz irrigado CNA 1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.33, n.5, p.685-691, 1998.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Piracicaba, 2001. 80p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958 p.

STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 2.ed. New York : McGraw-Hill, 1980. 631p.

SHUKLA, S.; SINGH, K.; PUSHPENDRA. Correlation and path coefficient analysis of yield and its components in soybean (*Glycine max* L. Merrill.). **Soybean Genetics Newsletter**, Ames, v. 25 p.67-70, May 1998.

TOLEDO, J. F. F.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z. F. S. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1783-1796, 2000.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja**. 2000. 228f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

VENCOVSKY, R. **Alguns aspectos teóricos e aplicados a cruzamentos dialélicos de variedades**. Piracicaba, 1970. 112p. Tese (Livre Docente) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2000.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.