

FÁBIO DEMOLINARI DE MIRANDA

PRODUÇÃO, CONTEÚDO DE PROTEÍNA E ÓLEO NO
GRÃO DA SOJA: HERDABILIDADES, CORRELAÇÕES E
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES

Tese apresentada à Universidade Federal de
Viçosa, como parte das exigências do
Programa de Pós-Graduação em Genética e
Melhoramento, para obtenção do título de
Doctor Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2006

FÁBIO DEMOLINARI DE MIRANDA

PRODUÇÃO, CONTEÚDO DE PROTEÍNA E ÓLEO NO
GRÃO DA SOJA: HERDABILIDADES, CORRELAÇÕES E
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 21 de dezembro de 2006.

Prof. Maurilio Alves Moreira
(Co-orientador)

Prof^a Elza Fernandes Araújo
(Co-orientador)

Prof. Cosme Damião Cruz

Prof^a Taís C. Bastos Soares

Prof. Everaldo Gonçalves de Barros
(Orientador)

A Deus, por sempre iluminar meu caminho.

À minha mãe, Rosa Beralda Demolinari pelo exemplo de luta e esforço para garantir educação à mim e meus irmãos. A meu pai Gastão Pires de Miranda (*in memoriam*).

A meus irmãos Ivan, Luiz Renato e Meiriele.

AGRADECIMENTO

A minha avó Maria Penha pelo carinho e por tudo mais.

À Universidade Federal de Viçosa (UFV), pela oportunidade de realizar o curso de graduação em Ciências Biológicas e o curso de mestrado em Genética e Melhoramento.

Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão de bolsas de estudo.

A todos os amigos que conviveram comigo no PET, os quais tiveram um papel decisivo para minha formação como profissional e como pessoa.

Ao Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO), pela infraestrutura adequada ao desenvolvimento de trabalhos científicos.

Ao professor Everaldo Gonçalves de Barros, pela orientação, pelo apoio e pela amizade.

Ao professores Maurilio Alves Moreira e Elza Fernandes de Araújo, pela orientação, e pelo apoio e pela disponibilização de recursos.

Ao professor Cosme Damião Cruz pelas críticas e sugestões e pelo apoio fundamental no desfecho deste trabalho.

Ao professor Lúcio Antônio de Oliveira Campos, pelo apoio e pelo exemplo de ética e honestidade.

Ao amigo Newton Deniz Piovesan pelos conselhos, pela amizade, pelas críticas e sugestões e pelo apoio fundamental no desfecho deste trabalho.

Ao Doutor Ivan Schuster, pelo apoio e pelas sugestões.

À Taís pela amizade pelas dicas e conselhos.

Aos estudantes estagiário(a)s Ricardo, Fernanda e Isabel pelo trabalho e dedicação.

Aos amigos de laboratório: Inês, Arlindo, Luciano, Thiago, Pedro Ivo, Márcia Flores, Márcia Regina, Klever, Demerson, Luiz, Josiane, Suelen, Gabriela, Valéria, Janaina.

Aos funcionários do BIOAGRO: Aloísio, Fausto, Gláucia, Edson, Alessandra, Domingos, a todos pelo convívio.

Aos funcionários da secretaria do curso de Genética e Melhoramento Conceição, Rita e Rose.

A todos os colegas dos demais laboratórios pelo apoio.

A todos os meus amigos de Piraúba e de república pela convivência.

Aos “amigos irmãos” Fabrício e Vagner pela amizade, trocas de experiências, nas mais diversas áreas e pela parceria em muitas situações nem sempre fáceis.

Aos camaradas do laboratório, João Paulo e Reginaldo (Naldo) pela amizade.

A todos aqueles que colaboraram e torceram pelo meu sucesso.

À força que me protege, guia e direciona.

BIOGRAFIA

FÁBIO DEMOLINARI DE MIRANDA, filho de Gastão Pires de Miranda e Rosa Demolinari, nasceu em 18 de janeiro de 1978, em Piraúba, Estado de Minas Gerais, Brasil.

Em outubro do ano de 2000, formou-se em Ciências Biológicas – Bacharelado e Licenciado – pela Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais.

Em outubro do ano de 2000, ingressou no Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de tese em agosto de 2002.

Em agosto do ano de 2002, ingressou no Curso de Doutorado em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, em Viçosa, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de tese em dezembro de 2006.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	xii
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	1
1.1. Herdabilidade para caracteres agronômicos em soja.....	2
2.2. Correlação entre caracteres.....	4
2.3. Seleção de caracteres em soja.....	7
2. OBJETIVOS.....	11
CAPÍTULO 1 - CONTROLE GENÉTICO DA CARACTERÍSTICA TEOR DE PROTEÍNA DO GRÃO DE SOJA NA GERAÇÃO F2:3.....	12
RESUMO.....	12
1. INTRODUÇÃO.....	13
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	15
2.1. Material Genético	15
2.2. Análise do teor de proteínas.....	15

2.2.1. Método Kjeldahl.....	15
2.2.2. Método da absorção no infravermelho.....	16
2.3. Análise de variância.....	16
2.3.1. Variância individual.....	16
2.4. Estimativa de herdabilidade no sentido restrito para teor de proteína.....	17
2.5. Análise de distribuição dos dados.....	18
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	19
<i>Controle genético teor de proteína do grão de soja.....</i>	19
CAPÍTULO 2 – ANÁLISE DE VARIÂNCIA, HERDABILIDADE E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM SOJA.....	
	26
RESUMO.....	26
1. INTRODUÇÃO.....	28
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	30
2.1. Material Genético	30
2.2. Avaliação de características agronômicas.....	30
2.3. Análise de variância.....	31
2.3.1. Variância individual.....	31
2.4. Covariância fenotípica, genotípica e de ambiente na população F ₃	33
2.4.1. Covariância fenotípica.....	33
2.4.2. Covariância ambiental.....	33
2.4.3. Covariância genotípica.....	33
2.5. Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente na população F ₃ .	33
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
<i>Potencial genético de uma população de soja segregante para várias características de interesse.....</i>	35
<i>Estimativa de parâmetros genéticos.....</i>	37
<i>Correlação entre as características avaliadas na população em trabalho.....</i>	39

CAPÍTULO 3 - DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E GANHOS PREDITOS PARA CARACTERÍSTICAS PRINCIPAIS EM SOJA.....	44
RESUMO	44
1. INTRODUÇÃO.....	45
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	47
2.1.1. Estratégias de Seleção.....	47
2.1.2. Seleção Direta e Indireta.....	47
2.1.3. Seleção simultânea pelo índice Smith e Hazel.....	48
2.1.4. Seleção simultânea pelo índice MULAMBA e MOCK (1978).....	49
2.1.5. Seleção simultânea pelo índice PESEK e BAKER (1969).....	50
2.2. Comparação dos dados.....	50
2.3. Análise de Trilha.....	51
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	52
<i>Seleção direta e indireta de caracteres agronômicos de interesse na população F₃ de soja.....</i>	52
<i>Ganhos de seleção simultânea para os caracteres produção, teor de proteína e teor de óleo do grão por diferentes estratégias de seleção.....</i>	59
<i>Análise de trilha para a avaliação das correlações entre características auxiliares e as características principais.....</i>	63
3. CONCLUSÕES GERAIS.....	66
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	69

RESUMO

MIRANDA, Fábio Demolinari, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, dezembro de 2006. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão da soja: herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores.** Orientador: Everaldo Gonçalves de Barros. Co-Orientadores: Elza Fernandes Araújo e Maurílio Alves Moreira.

O desenvolvimento de procedimentos de melhoramento mais eficientes dependem de um melhor entendimento do padrão de herança e do tipo de ação gênica envolvidas no controle de características de interesse. Desta forma, no sentido de melhor entender o controle genético de características de interesse, em uma população de soja do programa de melhoramento do Bioagro na Universidade Federal de Viçosa, este trabalho teve os seguintes objetivos; avaliar a herança para a característica teor de proteína no grão da soja, comparando gerações F_2 e F_3 ; estimar parâmetros genético de variabilidade, herdabilidade e correlação entre 11 características de interesse agrônômico em soja, na população F_3 ; prever os progressos genéticos comparando diferentes estratégias de seleção. As populações de genótipos de soja utilizadas no presente trabalho foram obtidas do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 (genótipo com baixo teor protéico, em torno de 35%) e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2

(genótipo com elevado teor de proteínas, em torno de 46%). Foram utilizadas 207 plantas F₂ para a obtenção do mesmo número de famílias F₃. O experimento constou de três repetições ou blocos, de forma que cada família de plantas F₃ foi semeada em três repetições. Quanto à estimativa de herdabilidade no sentido restrito para o caráter teor de proteína do grão, esta foi calculada pela regressão pai/filho segundo Smith e Kinman assumindo o valor de 43,40%. Além destes aspectos, a observação de significância no quadrado médio das famílias F₃ é indicativo da existência de variabilidade genotípica indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores para alto teor de proteína. Após esta etapa, foram estimados os componentes da variação genética, as herdabilidades em sentido amplo e as correlações para onze características de interesse agrônomo na soja (Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes em gramas (PCS); teor percentual de proteínas no grão (PTN); teor percentual de óleo no grão (OLEO)). Os resultados obtidos mostraram que maiores valores de coeficientes de herdabilidade foram verificados para os caracteres NDM, NNM, PCS, PTN e OLEO, na análise de variância foi observado pelo teste F a 1% a existência de variância genética significativa para todas as onze características avaliadas nas famílias F₃, sendo indicativo da existência de variabilidade genética na população para as características. Na última etapa do presente trabalho foram consideradas como características principais a produção de grãos, o teor de proteína e o teor de óleo do grão e como estratégias de seleção foram utilizados; seleção baseada em índices de Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD). Os maiores valores de ganhos totais percentuais foram obtidos pela seleção direta para o caráter peso total de sementes por planta (PRO) (51,93%), seguida pelos índices MM (50,5%) (SH (49,18%), seleção direta sobre o caráter teor percentual de óleo no grão (OLEO) (17,4%), índice PB (-3,24) e apresentando os menores valores de ganhos totais, seleção direta sobre o caráter teor percentual de proteína no grão (PTN) (-8,26%). Pelo desdobramento das correlações genotípicas em efeitos indiretos e diretos, das variáveis primárias NDF, NDM, APM, APV e NNM, sobre as características principais PRO,

PTN e OLEO foi possível observar para a característica PRO, maior estimativa de correlação total com a variável NDM (0,71), sendo que a maior parte deste valor (0,51) foi devida ao efeito direto de NDM. Para a característica PTN, os efeitos totais de correlação para todas as características primárias apresentaram valores negativos. Entretanto, o caráter APM forneceu valores positivos para efeitos diretos (0,16) sobre PTN, indicando a possibilidade de ganhos positivos para teores percentuais de proteína no grão com seleção praticada sobre APM. Para o caráter OLEO, todos os efeitos totais de correlação com as características auxiliares apresentaram valores positivos, sendo o de magnitude superior observado para NDM (0,43).

ABSTRACT

MIRANDA, Fábio Demolinari, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, December of 2006. **Production, protein and oil content in soybean grain: heritabilities, correlations and selection of superior genotypes.** Adviser: Everaldo Gonçalves de Barros. Co-advisers: Elza Fernandes Araújo and Maurílio Alves Moreira.

The development of more efficient breeding programs depends of a better agreement on standard inheritance and genetic action involved in the control of interest traits. For better understanding the genetic control of interest traits, in the soybean population of Bioagro breeding programs in the Universidade Federal de Viçosa, the present work was carried with the following objectives: evaluate the inheritance for the characteristic protein content in soybean grain, comparing generations F_2 and F_3 ; esteem parameters of variability genetic, heritabilities and correlations among eleven agronomic traits in soybean, in the F_3 population; predict the genetic progresses comparing different selection procedures. The genotypes populations of soybean used in this work had been gotten of the crossing among UFVS 2012 (genotype with low protein content, around 35%) and CS3035PTA276-1-5-2 (genotype with raised protein content, around 46%). Two hundred and seven F_2 plants had been used for attainment the same number of F_3

families. The experiment consisted of three repetitions or blocks, each family of F_3 plants was sown in three repetitions. The heritabilities in the restricted direction for the character protein content in grain, was calculated by the regression father/son according to Smith and Kinman achieving the value of 43.40%. Beyond these aspects, the comment of significance in the average square of the F_3 families is indicative of genetic variability indicating the possibility of selection of superior genotypes for high protein content. After this stage, the components of the genetic variation had been esteemed, the heritabilities in ample direction and the correlations for eleven interesting agronomic traits in the soybean, number of days for bloom (NDF); number of days for maturation (NDM); height of the plant in the maturation (APM); height of the first pod (APV); number of knots in the maturation (NNM); number of pods for plant (NVP); number of seeds for plant (NSP); seeds' weight for plant (PRO); weight of 100 seeds (PCS); protein content in the grain (PTN); oil content in the grain (OLEO). The gotten results had shown that bigger values of heritabilities had been verified for traits NDM, NNM, PCS, PTN and OLEO. In the variance analysis the existence of significant genetic variance was verified by test F 1% to eleven traits evaluated in the families F_3 , being indicative of genetic variability in the population for the traits. In its last stage of the present work had been considered as main characteristic the production of grains, the protein content and the oil content in the grain. The strategies of selection used were selection based on indices of Smith and Hazel (SH), Mulamba and Mock (MM), Pesek and Baker (PB) and Direct selection (SD). The biggest values had been gotten by the direct selection for the trait seeds' weight for plant (PRO) (51.93%), followed for the indices MM (50.5%) and (SH (49.18%), direct selection on the character oil content in the grain (OLEO) (17.4%), index PB (- 3.24) and presenting the lower values of total profits, direct selection on the character protein content in the grain (PTN) (- 8.26%). For the genotypic correlations' unfolding in indirect effect, of primary variable NDF, NDM, APM, APV and NNM, on the main traits PRO, PTN and OLEO was possible to observe for the traits PRO, greater of total correlation with variable NDM (0.71), being that most of this value (0.51) was caused by the direct effect of NDM. For PTN, the total effect of correlation for all the primary traits had presented negative values. However, the trait APM supplied positive values (0.16) on PTN, indicating the possibility of

positive profits for protein content with selection practiced on APM. For the character OLEO, all the effects of correlation with auxiliary traits had presented positive values, being a better result in using NDM (0.43).

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é, atualmente, a oleaginosa mais cultivada no mundo, constituindo um dos mais importantes produtos agrícolas da economia brasileira. No momento, o Brasil ocupa a posição de segundo maior produtor mundial, sendo que no ano de 2006 a estimativa da produção brasileira de soja, atinge a marca de 55 milhões de toneladas, correspondente a 30% da produção mundial, em uma área de 21 milhões de hectares (CONAB, 2006). Tal realidade levou ao desenvolvimento no país, de um vasto complexo agro-industrial destinado ao processamento e à comercialização de grãos e derivados (Embrapa, 2005).

Devido à sua variada utilidade, a demanda mundial para o consumo de soja tem aumentado a cada ano, sendo atualmente superior a 180 milhões de toneladas, fazendo deste grão uma das principais “*commodities*” do mundo (EMBRAPA, 2006). No Brasil, a possibilidade da expansão nas áreas de cultivo e o aumento da produtividade da soja, estão diretamente associados aos programas de melhoramento genético, desenvolvidos em instituições públicas e privadas.

Os objetivos principais do melhoramento da soja no Brasil focam características de interesse econômico, como produtividade de grãos, maturação, adaptação à mecanização, qualidade de sementes, resistência a doenças, melhoria do sabor e do valor nutritivo, adaptação aos diferentes níveis de fertilidade do solo e período juvenil longo para indução floral (SEDIYAMA, 1997).

Trabalhos que visam o desenvolvimento de cultivares de melhor qualidade nutricional têm se concentrado no aumento do conteúdo de proteínas, na alteração da composição da fração OLEO e na diminuição de fatores antinutricionais das sementes. Para tanto, informações sobre as estimativas de herdabilidade e mapeamento de genes que controlem a manifestação destas características são de suma importância em programas de melhoramento, principalmente durante os processos de seleção.

A herdabilidade é um dos parâmetros genéticos mais informativos para o trabalho do melhorista, pois fornece a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total e dessa forma, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor reprodutivo (RAMALHO et al., 1993). Segundo DUDLEY

e MOLL (1969), a estimativa da herdabilidade refere-se a uma característica de uma população e é específica para as condições experimentais nas quais os genótipos foram estudados. O conceito de herdabilidade pode ser dividido em: herdabilidade no sentido amplo e herdabilidade no sentido restrito. A segunda considera apenas a variância genética aditiva – aquela que é fixada pela seleção – sendo, evidentemente, mais importante para o melhorista (RAMALHO et al., 1993).

Neste sentido, a possibilidade de predizer o ganho esperado pela seleção, antes que esta seja realizada, pode ser considerada uma das maiores contribuições das ferramentas de genética quantitativa para melhoramento de plantas (RAMALHO et al., 1993). Para CRUZ e REGAZZI (1997), de acordo com a estratégia de seleção, e o ganho que ela proporcionará, pode se orientar de maneira mais efetiva um programa de melhoramento, bem como predizer o sucesso da metodologia de seleção adotada, optando pelas estratégias mais eficientes.

Finalmente, o desenvolvimento de procedimentos de melhoramento mais eficientes, dependem de um melhor entendimento do padrão de herança e do tipo de ação gênica envolvidas no controle de características de interesse. Neste sentido, FEHR et al. (1978), em trabalhos com produção de sementes em soja, porcentagem de OLEO e proteína, obtiveram resultados indicando que tais fenótipos estão sob o controle de mais de um loco no genoma e das interações destes com o ambiente. Tais características poligênicas (quantitativas) que exibem fenótipos com distribuição contínua, constituem os chamados QTLs (*Quantitative Trait Loci*).

1.1. Herdabilidade para caracteres agronômicos em soja

A determinação da estimativa de herdabilidade pode ser utilizada para separar diferenças genéticas e não genéticas entre os indivíduos de uma população. Desta forma, é possível estimar os ganhos genéticos a cada geração e escolher dos métodos de seleção mais adequados a serem aplicados. Segundo HANSON et al. (1963), herdabilidade representa a fração da variância fenotípica de uma unidade a ser transmitida para a progênie, ou em termos de unidade de seleção, a fração do diferencial de seleção esperado pelo ganho, quando a seleção é praticada em uma referida unidade. A estimativa do coeficiente de herdabilidade atende a duas

finalidades básicas no melhoramento genético: (1) demonstrar a relativa facilidade com que diferentes caracteres são selecionados em um determinado esquema de melhoramento; e (2) permitir que estimativas dos progressos esperados com a seleção sejam obtidas.

Para FALCONER et al. (1987), a herdabilidade de um caráter métrico é uma das mais importantes propriedades de uma população, porque expressa a proporção da variância total que é atribuída ao efeito médio dos genes, o que determina o grau de semelhança entre progenitores. Desta forma a seleção poderá ser efetuada, tendo, como base esta semelhança.

Na literatura são descritas várias metodologias para a obtenção de estimativas do coeficiente de herdabilidade, uma delas é a utilização da variabilidade entre as plantas na geração F_2 em relação a variabilidade entre progenitores segundo MAHMUD e KRAMER et al. (1951). Para a obtenção do coeficiente de herdabilidade, WARNER et al. (1952) propuseram uma metodologia para estimar a herdabilidade com base nos progenitores, nas gerações F_1 e F_2 e em dois retrocruzamentos. HANSON et al. (1962) determinaram estimativas do coeficiente de herdabilidade com base nos componentes de variância. FREY e HORNER (1957) propuseram estimar a herdabilidade em unidades-padrão, as quais são obtidas calculando-se a regressão sobre os dados codificados em termos de desvio-padrão. SMITH e KINMAN (1965) utilizaram fatores de correção do coeficiente de regressão pai/filho para estimar a herdabilidade, utilizando progenitores endogâmicos para algumas gerações de auto-fecundação.

Por estar relacionada às estimativas de variância específicas para uma população, o coeficiente de herdabilidade poderá assumir valores diferentes em diferentes condições. Segundo DUDLEY e MOLL (1969) a estimativa de herdabilidade refere-se a uma característica e a uma população, e é específica para as condições experimentais nas quais os genótipos foram estudados, sendo difícil generalizar estimativas de uma população para outra, ou para diferentes condições experimentais. JOHNSON e BERNARD (1963) estudando herdabilidade para várias características em soja, mostram que, em gerações precoces (F_2), a herdabilidade apresenta baixos valores quando comparada a valores obtidos para gerações mais avançadas (F_4).

KWON e TORRIE (1964) procurando estimar a herdabilidade para caracteres de interesse em soja, estudaram duas populações derivadas da seleção de 64 plantas

F₂ para cada cruzamento. Avaliaram essas populações na geração F₃ em um ano e um local, e as gerações F₄ e F₅ em dois anos e dois locais. Os parâmetros genéticos extraídos da análise de variância proporcionaram estimativas de herdabilidade livre dos efeitos da interação genótipo × ambiente. Os autores verificaram que a interação genótipo × ano foi maior que a interação genótipo × local, para muitas características, principalmente produção de sementes. A herdabilidade para produção de sementes foi mais baixa devido a maior interação genótipo × ano, ficando na ordem de 3 e 10%, respectivamente, para cada cruzamento. Para os caracteres conteúdo de OLEO e proteína, a herdabilidade só foi estimada para um dos cruzamentos, apresentando valores de 51 e 57%, respectivamente.

ERICKSON et al. (1981) estimaram a herdabilidade para conteúdo de proteína em quatro populações obtidas a partir de quatro pares de cruzamentos biparentais inter-específicos entre *Glycine max* e *Glycine soja*. Para o cálculo da herdabilidade no sentido restrito foi utilizada a regressão das médias de famílias F₃ em relação a F₂. No mesmo trabalho, a herdabilidade no sentido amplo foi calculada por meio dos componentes de variância das médias de famílias F₃. A estimativa de herdabilidade para conteúdo de proteína, no sentido restrito, foi de 27% e no sentido amplo, de 78%, com base nas 100 famílias F₃ avaliadas em dois locais.

HELMS e ORF (1998) trabalhando com dez diferentes populações na geração F₅, testadas em sete ambientes diferentes, calcularam a herdabilidade para conteúdo de proteína, considerando todos os ambientes, encontraram valores elevados para a maioria das populações. Nos trabalhos realizados por SOUZA et al. (1998) avaliando populações de Linhagens Recombinantes Endogâmicas (RILs), em três ambientes diferentes, as estimativas de herdabilidade variaram de 81,38 a 87,47% para altura da planta na maturação; de 72,2 a 85,22% para número de dias para maturação; e de 42,96 a 58,81% para a produção de grãos.

1.2. Correlação entre caracteres

Atualmente, programas de melhoramento de varias instituições de pesquisa no Brasil, além de visar o aprimoramento de um caráter principal buscam também manter ou melhorar a expressão de outros caracteres. Neste sentido, a estimativa das correlações entre os caracteres a serem trabalhados é informação genética de grande

valor para o melhorista. A correlação é importante porque mostra como a seleção para um caráter influencia a expressão de outros caracteres.

A correlação pode ser estimada em três níveis: fenotípico, genotípico e de ambiente. Segundo FALCONER (1987), a correlação entre caracteres tem duas causas principais, uma genética e outra relacionada a fatores ambientais. As causas genéticas podem ser explicadas por diversos mecanismos genéticos como a pleiotropia e o desequilíbrio de ligação gênica. A respeito deste último, muitas vezes trata-se de uma causa transitória, particularmente quando as populações são derivadas de progenitores divergentes, devido à maior probabilidade de recombinação. Quanto aos efeitos de fatores ambientais sobre o fenótipo do indivíduo, se há correlação de ambiente entre caracteres os mesmos são influenciados pelas mesmas diferenças do meio. Portanto, na determinação do fenótipo estão envolvidas tanto as causas genéticas como ambientais.

Assim se dois caracteres fenotípicos correlacionados, possuem baixos valores de herdabilidade, então, a correlação fenotípica é determinada, principalmente, pela correlação de ambiente. Caso estejam envolvidos elevados valores de herdabilidade, a porção genética da correlação assume maior significância.

Em soja tem sido realizado grande número de estudos sobre correlação de caracteres, tais trabalhos em sua maioria, referem-se às correlações genotípicas e, ou, fenotípicas. Nos estudos de JOHNSON et al. (1955), em várias ocasiões foram estimadas tais correlações, os autores observaram que geralmente elas têm o mesmo sinal e que, com poucas exceções, correlações genotípicas são maiores que as fenotípicas

Segundo ABDELNOOR et al. (1995) as primeiras variedades de soja cultivadas no Brasil, no início dos anos 70, foram introduções de variedades americanas ou derivadas de inter cruzamentos entre estas. Sabe-se, também, que estas variedades foram selecionadas, primordialmente, para a produção de grãos e OLEO. Pelo fato destes dois caracteres serem negativamente correlacionados com conteúdo de proteína, este tem-se mantido em níveis menores que 40%, considerados baixos em várias ocasiões no mercado. Nos trabalhos de ALMEIDA et al. (1991) as informações disponíveis sobre cultivares brasileiras, indicaram que a correlação entre o conteúdo de proteína e a produção de grãos está, em média, em torno de -0,20 e a correlação entre o conteúdo de proteína e conteúdo de OLEO está em torno de -0,60.

É interessante destacar que, apesar das tendências anteriormente citadas, atualmente em vários trabalhos de pesquisa, os valores de correlações entre produção e conteúdo de proteína no grão não tem se mostrado muito significativos (PIOVESAN, 2000; MELO, 2002; NAOE, 2004).

Estimativas da magnitude das correlações genóticas e fenotípicas foram obtidas em soja por JOHNSON et al. (1955) para todas as possíveis combinações entre 24 caracteres avaliados. Estes estudos foram realizados para duas populações segregantes, provenientes de diferentes cruzamentos, avaliados na geração F₄ em dois locais de plantio. Os autores observaram valores estimados da magnitude de -0,69 e -0,70 para as correlações genotípica e fenotípica respectivamente, entre conteúdo de OLEO e de proteína em uma das populações e -0,48 e -0,48 para a outra população. As correlações genotípica e fenotípica, entre conteúdo de proteína e produção de grãos ficaram em -0,12 e -0,80 em uma das populações e -0,64 e -0,33, para a outra população.

KWON e TORRIE (1964) estimaram correlações genotípica e fenotípica em duas populações segregantes obtidas de cruzamentos biparentais e avaliadas na geração F₅ em cinco locais. As correlações entre conteúdo de OLEO e proteína foram estimadas em -0,66 e -0,54, respectivamente, em apenas um dos cruzamentos. Os valores de correlações entre produção de grãos e conteúdo de proteína foram estimados em -0,58 e -0,42, respectivamente. No mesmo trabalho, estes autores, constataram que altura da planta e dias para maturação, são correlacionadas positivamente com produção de grãos.

SHANNON et al. (1972) trabalharam com seis populações obtidas por cruzamentos biparentais entre quatro progenitores, sendo dois progenitores produtivos e dois com alto conteúdo protéico. Estimativas de correlações genóticas e fenotípicas para os caracteres conteúdo de proteína, conteúdo de OLEO e produção de grãos foram obtidas na geração F₄, em dois locais. A os valores das correlações genóticas entre conteúdo de proteína e conteúdo de OLEO, e entre conteúdo de proteína e produção de grãos variaram entre -0,92 e -0,46 e entre -0,61 e -0,24, respectivamente. As correlações fenotípicas variaram entre -0,68 e -0,30 para conteúdo de proteína e conteúdo de OLEO e entre -0,21 e 0,15, para conteúdo de proteína e produção de grãos.

KAW e MENON (1972) analisaram as características número de vagens, número de sementes, tamanho da semente, dias para floração e dias para maturação,

quanto a seus efeitos diretos e indiretos, sobre a produtividade da soja. Estes autores encontraram que as características número de vagens, dias para maturação e dias para florescimento, são as que mais contribuem para a produção de grãos, enquanto dias para o florescimento está correlacionada de forma negativa com a produção. Em seus trabalhos GASTAL e VERNETTI (1979) avaliaram várias características agronômicas em soja, e constataram correlações positivas significativas entre produção e altura de plantas, e entre produção e altura de inserção da primeira vagem. NAOE et al. (1999) trabalhando com três cruzamentos de progenitores divergentes em soja, avaliaram correlações entre dez características agronômicas. Para as características, número de vagens e número de sementes, foram encontradas correlações positivas com elevados valores. Correlações negativas foram obtidas entre as características peso de cem sementes e peso total de sementes.

Elevados valores de correlações entre as características altura da planta na floração e altura da planta na maturação, número de dias para floração e número de dias para maturação foram observados nos estudos realizados por CERVIGNI et al. (2003). No mesmo trabalho, a característica produção de grãos apresentou correlação positivas com diversas características agronômicas, embora valores negativos de correlação tenham sido encontrados com as características número de semente por vagem e peso de cem sementes.

1.3. Seleção de caracteres em soja

O processo de seleção no melhoramento objetiva acumular alelos favoráveis para características de interesse nos indivíduos de uma população. Para REIS et al. (2004), o progresso genético direcionado em qualquer população de está associado à existência de variabilidade genética, à seleção natural e/ou artificial e ao ajuste dos genótipos aos ambientes existentes. Segundo CRUZ et al. (1997), comprovada a presença da variabilidade genética e sobretudo o valor desta em relação à variação não genética, a seleção assume grande importância no progresso genético.

De acordo com PATERNIANI (1999), diversas estratégias de seleção podem ser adotadas em trabalhos de melhoramento, cabe ao pesquisador optar pela metodologia mais eficiente, que promova maior ganho por unidade de tempo e custo. Assim, para identificar as melhores estratégias de seleção, o melhorista pode lançar mão de técnicas de genética quantitativa que possibilitem predizer o quanto obterá de

progresso na geração seguinte. Esta avaliação prévia, com base em fundamentos científicos, possibilita a escolha mais adequada, tendo em vista a maximização de progressos de uma geração à outra.

A possibilidade de prever o ganho esperado pela seleção, antes mesmo que ela seja realizada, é, sem dúvida, uma das maiores contribuições da genética quantitativa em trabalhos de melhoramento, como relatado por vários autores (RAMALHO e VENCOVSKY, 1978; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Para CRUZ e REGAZZI (1997), de acordo com a estratégia de seleção e o ganho que ela proporcionará, pode-se orientar, de maneira mais efetiva, um programa de melhoramento, bem como prever o sucesso do esquema seletivo adotado.

O termo “progresso genético”, refere-se às alterações observadas nas características de interesse, durante um ciclo de seleção, com a recombinação e multiplicação dos genótipos selecionados. Tais modificações ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção adotados. Assim, uma das atribuições mais importantes atribuídas ao melhorista é identificar critérios de seleção capazes de promover alterações, no sentido desejado, para as características de interesse dentro de um programa de melhoramento (REIS et al. 2004).

Vários procedimentos podem ser utilizados para a identificação de genótipos superiores numa população. Alguns levam em conta o comportamento do indivíduo, enquanto outros estão fundamentados, primariamente, no desempenho da família e, secundariamente, na superioridade relativa dos indivíduos dentro da família. Há, também, a estratégia que utiliza, simultaneamente, as informações do indivíduo e dos demais componentes da mesma família, chamada de seleção combinada, sendo sempre superior aos métodos de seleção individual, de famílias e entre e dentro de famílias (FALCONER, 1987). Segundo LUSH (1964), a seleção combinada proporciona resposta superior ou, no mínimo, equivalente à seleção de famílias ou à seleção massal sendo que a resposta à seleção pode ser maximizada se toda informação obtida nos componentes da família for também considerada no processo seletivo.

Entre os métodos de seleção listados, a seleção individual consiste na escolha direta dos indivíduos fenotipicamente superiores, para o estabelecimento da geração seguinte. Em seus estudos, MALLMANN et al. (1994), citaram a seleção individual como método muito utilizado por melhoristas de plantas autógamas, a partir da

geração F₂. Para caracteres de alta herdabilidade, a metodologia torna-se mais eficiente pois a elevada representatividade do valor genético pelo valor fenotípico propicia maior capacidade de obtenção de ganhos a cada geração. REIS et al. (2004) avaliaram diferentes estratégias de seleção para diversas características em populações de soja. A seleção individual mostrou ser o método mais eficiente para a obtenção de indivíduos superiores em produção de grãos e altura da planta.

Como outra ferramenta a ser usada no melhoramento, a seleção combinada é um procedimento que adota um índice o qual considera o valor genético da família e de indivíduos dentro da família. Os princípios básicos da metodologia foram apresentados por LUSH et al. (1964) tendo por base o mérito da família e do indivíduo. Em tal situação devem ser estimados pesos proporcionais apropriados, para os desvios da média da família em relação à média da população e para os desvios dos valores fenotípicos dos indivíduos em relação à média das famílias às quais cada um pertence (SILVA et al. 1982). Segundo FALCONER et al. (1987) a seleção combinada apresenta superioridade quando comparada a outros padrões de seleção. Esta maior eficiência é observada principalmente em situações onde se disponham de famílias numerosas com elevada correlação genotípica entre seus membros.

Entretanto, quando o objetivo no programa de melhoramento é a seleção simultânea de várias características de interesse, as metodologias de seleção descritas podem não atender às necessidades do melhorista. Em tal realidade, torna-se necessário o estudo e a mensuração das relações entre os caracteres, para a obtenção de índices de seleção. O índice pode ser estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres, permitindo a seleção de indivíduos para estas características de forma simultânea (CRUZ e REGAZZI, 1997). Pela sua natureza multivariada, tais índices constituem uma interessante opção para a obtenção de genótipos que acumulem uma série de caracteres favoráveis (MARTINS, 1999).

A introdução de índices de seleção no melhoramento vegetal foi realizada por SMITH et al. (1936). Desde então, diversas variantes da metodologia foram propostas por diversos autores no intuito de torná-la mais adequada para situações específicas (HAZEL, 1943; MULAMBA e MOCK, 1978; WILLIAMS, 1962; PESEK e BAKER, 1969). Segundo CRUZ et al. (1990) o índice de seleção tem sido mais freqüentemente utilizado no melhoramento animal e no melhoramento vegetal

de espécies perenes e semiperenes, com uso muito restrito em espécies anuais e de ciclo curto.

A predição de ganhos genéticos por diferentes estratégias de seleção em populações de soja foi avaliada nos trabalhos de REIS et al. (2004), os autores concluíram que a escolha de diferentes estratégias com base em ganhos preditos é eficiente pois a ordem de superioridade das diferentes estratégias foi a mesma para os resultados de ganhos preditos e ganhos realizados. Trabalhos similares foram realizados com milho (GARCIA e SOUZA JÚNIOR, 1999; GRANATE, 2002), com eucalipto por PAULA et al. (2002), com arroz por RODRIGUEZ et al. (1998), com batata por BARBOSA e PINTO (1998) e com soja por OLIVEIRA et al. (1999).

2. OBJETIVOS

Este trabalho teve como objetivos:

- Avaliar herança para a característica conteúdo de proteína no grão da soja, comparando gerações F_2 e F_3 , em uma população obtida a partir do cruzamento da variedade UFVS 2012 (baixo conteúdo de proteína – em torno de 35%) com a linhagem CS3032PTA276 (alto conteúdo de proteína – em torno de 46%)
- Estimar parâmetros genético de variabilidade, herdabilidade e correlação entre 11 características de interesse agrônomo em soja, na população F_3 .
- Predizer os progressos genéticos comparando diferentes estratégias de seleção.

CAPÍTULO 1

CONTROLE GENÉTICO DA CARACTERÍSTICA CONTEÚDO DE PROTEÍNA DO GRÃO DE SOJA NA GERAÇÃO F_{2,3}

RESUMO

No presente trabalho foram estimados os valores de médias, variância e herdabilidade no sentido restrito para a característica conteúdo de proteína no grão da soja nas gerações F₂ e F₃, foi também avaliado o perfil da distribuição dos valores fenotípicos para a mesma característica nas populações F₂ e F₃ avaliadas. As populações de genótipos de soja utilizadas foram obtidas do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 (genótipo com baixo conteúdo protéico, em torno de 35%) e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2 (genótipo com elevado conteúdo de proteínas, em torno de 46%). Foram utilizadas 207 plantas F₂ para a obtenção do mesmo número de famílias F₃. O experimento constou de três repetições ou blocos, de forma que cada família de plantas F₃ foi semeada em três repetições. A determinação de proteínas das sementes de cada planta F₂ foi efetuada segundo o método Kjeldahl. Para cada família F₃ o conteúdo de proteínas das sementes foi determinado utilizando um espectrômetro infravermelho (FT-NIR, equipamento Agrosystem, modelo instalab 600 product analyzer). Foram coletadas sementes (cerca de 10 gramas) de cada um de cinco indivíduos de cada família F₃ (207 famílias) para a quantificação fenotípica. Nos resultados foi observado deslocamento positivo nas médias da característica conteúdo protéico do grão da geração F₃ em relação a geração F₂. Quanto à estimativa de herdabilidade no sentido restrito, esta foi calculada pela regressão pai/filho segundo Smith e Kinman assumindo o valor de 43,40%. Pela análise de variância entre famílias F₃, a estimativa de herdabilidade no sentido amplo foi de 62,36%. Além destes aspectos, a observação de significância no quadrado médio das famílias F₃ é indicativo da existência de variabilidade genotípica indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores para alto conteúdo de proteína.

1. INTRODUÇÃO

O grão da soja constitui fonte alimentar protéica de grande importância mundial, representando grande porcentagem dos concentrados protéicos destinados à alimentação animal e humana (COSTA,1996). Considerando aspectos comerciais, há alguns anos o mercado vem atribuindo valores diferenciados a cultivares com conteúdos superiores de proteína e OLEO no grão. Tal cenário proporcionou múltiplas utilizações da soja e a formação de um complexo industrial destinado ao seu processamento, sendo atualmente uma das “commodities” mais importantes para geração de balança comercial favorável no Brasil.

Segundo ABDELNOOR et al. (1995) as primeiras variedades de soja cultivadas no Brasil, no início dos anos 70, foram introduções de variedades americanas ou derivadas de inter cruzamentos entre estas. Sabe-se, também, que estas variedades foram selecionadas, primordialmente, para a produção de grãos e de OLEO. Pelo fato destes dois caracteres serem negativamente correlacionados com conteúdo de proteína, este tem-se mantido em níveis menores que 40%, considerados baixos em varias ocasiões no mercado. Em função de tal realidade, grandes esforços e investimentos estão sendo empregados no melhoramento genético da cultura, em

grande parte buscando a obtenção de variedades que apresentem maiores conteúdos de proteína no grão.

Programas de melhoramento em diversas instituições de pesquisa no Brasil têm focado seus objetivos na seleção de genótipos superiores para a obtenção de cultivares que apresentem elevados conteúdos protéicos no grão (EMBRAPA, 2005). Neste caso, para que o processo seletivo ocorra de maneira eficiente, deve-se acompanhar e compreender as alterações de comportamento, devido às diferentes características intrínsecas a cada conjunto de genótipos. Assume grande importância, a variabilidade genética disponível e as estimativas de herdabilidade dos caracteres de interesse. A estimação do coeficiente de herdabilidade, referente aos caracteres em estudo, é necessária para a escolha adequada de uma estratégia eficaz de melhoramento genético.

ERICKSON et al. (1981) estimaram a herdabilidade para conteúdo de proteína em quatro populações obtidas a partir de quatro pares de cruzamentos biparentais inter-específicos entre *Glycine max* e *Glycine soja*. Para o cálculo da herdabilidade no sentido restrito, foi utilizada a regressão das médias de famílias F_3 em relação à F_2 . No mesmo trabalho, a herdabilidade no sentido amplo foi calculada por meio dos componentes de variância das médias de famílias F_3 . A estimativa de herdabilidade para conteúdo de proteína, no sentido restrito, foi de 27% e no sentido amplo, de 78%, com base nas 100 famílias F_3 avaliadas em dois locais.

Os objetivos deste trabalho foram:

- Estimar os valores de médias, variância e herdabilidade no sentido restrito e amplo para a característica conteúdo de proteína no grão da soja nas gerações F_2 e F_3 .
- Avaliar o perfil da distribuição dos valores fenotípicos para conteúdo de proteína no grão da soja na população de trabalho nas gerações F_2 e F_3

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material Genético

A população de genótipos de soja utilizada no presente trabalho foi obtida do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 (genótipo com baixo conteúdo protéico, em torno de 35%) e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2 (genótipo com elevado conteúdo de proteína, em torno de 46%).

O experimento foi instalado no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, na Universidade Federal de Viçosa, no ano agrícola de 2006, a partir de sementes F_3 . Foram utilizadas 207 plantas F_2 para a obtenção do mesmo número de famílias F_3 . O experimento constou de três repetições ou blocos, de forma que cada família de plantas F_3 foi semeada em três repetições. Em cada família de cada bloco foram coletados dados fenotípicos de cinco indivíduos. Como testemunhas foram plantadas intercaladas em cada bloco, os progenitores UFVS 2012 e CS3035PTA276-1-5-2 bem como as cultivares BARC 8 e Monarca.

Adubação, controle fitossanitário, capina, irrigação e demais tratamentos culturais foram realizados de modo a manter as plantas sob condições ótimas de crescimento e desenvolvimento.

2.2. Análise do conteúdo de proteínas

2.2.1. Método Kjeldahl

Neste caso, a determinação de proteínas das sementes de cada planta F_2 foi efetuada segundo o método Kjeldahl, para a quantificação de nitrogênio total descrito pela AOAC (1975), modificado, segundo as normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz.

A partir do conteúdo de nitrogênio, foi calculada a porcentagem de proteína total da amostra, empregando-se o fator de 6,25. Os resultados dos conteúdos de

proteína foram expressos em porcentagem com base na matéria seca, constituindo a média de três repetições.

2.2.2. Método da absorção no infravermelho

O conteúdo de proteínas das sementes de cada família F_3 foi determinado utilizando um espectrômetro infravermelho (FT-NIR, equipamento Agrosystem, modelo instalab 600 product analyzer). Foram coletadas sementes (cerca de 10 gramas) de cada um de cinco indivíduos de cada família F_3 (207 famílias). As sementes foram trituradas em um moinho apropriado gerando a granulometria adequada para a leitura de absorbância no equipamento FT-NIR.

2.3. Análise de variância

2.3.1. Variância individual

As análises de variância foram realizadas pelo procedimento de avaliação em blocos casualizados com testemunhas adicionais, com os progenitores UFVS 2012 e CS3035PTA276-1-5-2 e os cultivares BARC-8 e Monarca, utilizados como testemunhas. O modelo estatístico adotado foi;

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : é o valor da característica para o i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ : é a média geral dos tratamentos;

T_i : é o efeito do i -ésimo tratamento sendo ($i=1,2,\dots,t$); e

e_{ij} : erro aleatório que incide sobre as testemunhas, sendo $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

O esquema de análise de variância está ilustrado no Quadro 1.

Quadro 1 – Análise de variância para cada ambiente, adotando-se o modelo de ensaios de famílias com testemunhas intercalares

FV	GL	QM	E(QM)	F
Bloco	r-1	QMB		
Tratamento	t-1	QMT		
Famílias	f-1	QMF	$\sigma^2 + \sigma_r^2 g$	QMF/QMR
Testemunhas	e-1	QMTe	$\sigma^2 + r\phi_g$	QMTe/QMR
Fam vs Test	1	QMFvsTe		QMFvsTe/QMR
Resíduo	t(r-1)	QMR	σ^2	

Os componentes de variância foram estudados por meio de:

$$\hat{\sigma}^2 = \text{QMR}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = (\text{QMF} - \text{QMR}) / r$$

$$\hat{\phi}_g = (\text{QMTe} - \text{QMR}) / r$$

A herdabilidade, no sentido amplo, e o coeficiente de variação experimental foram obtidos pelas seguintes expressões:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{\text{QMF}} = \frac{\text{QMF} - \text{QMR}}{\text{QMF}}$$

$$CVe = \frac{100\sqrt{\text{QMR}}}{\hat{\mu}}$$

2.4. Estimativa de herdabilidade no sentido restrito para conteúdo de proteína.

A herdabilidade no sentido restrito, para o caráter conteúdo de proteína do grão, foi determinada pela metodologia de regressão pai/filho (SMITH e KINMAN, 1965).

A análise de regressão consiste na avaliação dos dados de uma geração qualquer F_t com os dados da geração posterior, denominada de F_{t+1} . Com isso, obtém-se o coeficiente de regressão b . Este coeficiente representa a herdabilidade no sentido restrito, utilizando-se o método da regressão pai/filho. O estimador de herdabilidade é dado pela seguinte fórmula:
$$\hat{h}_{re}^2 = \frac{\hat{b}}{2r_{xy}}$$

em que;

\hat{h}_{re}^2 = estimador da herdabilidade no sentido restrito;

\hat{b} = estimador do coeficiente de regressão da média das linhas da geração Y (F_{t+1}), em relação as plantas avaliadas na geração X (F_t); e

r_{xy} = coeficiente de parentesco entre as gerações.

2. 5. Análise de distribuição dos dados

Na análise de distribuição dos dados obtidos nas gerações F_2 e F_3 para a característica conteúdo de proteína do grão, foram calculadas a simetria e a curtose. Tais aspectos da distribuição fenotípica têm importância devido a considerações teóricas relativas à inferência estatística que são frequentemente baseadas na hipótese de populações distribuídas normalmente.

Assumindo que os progenitores UFVS 2012 e CS302PTA utilizados no presente trabalho têm alelos fixados, (frequência igual a um ou zero) para a maioria dos locos a distribuição das observações da variável, de controle supostamente quantitativo, é aproximadamente normal. Desta forma qualquer ocorrência de desvio da distribuição normal na população oriunda do cruzamentos entre os referidos progenitores, foi resultante da ação e interação de genes herdados para característica avaliada.

A regra para discriminar as classes dos coeficientes foi baseada em FOSTER (1986) e a interpretação genética em LYNCH e WALSH (1998).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Controle genético do conteúdo de proteína do grão de soja

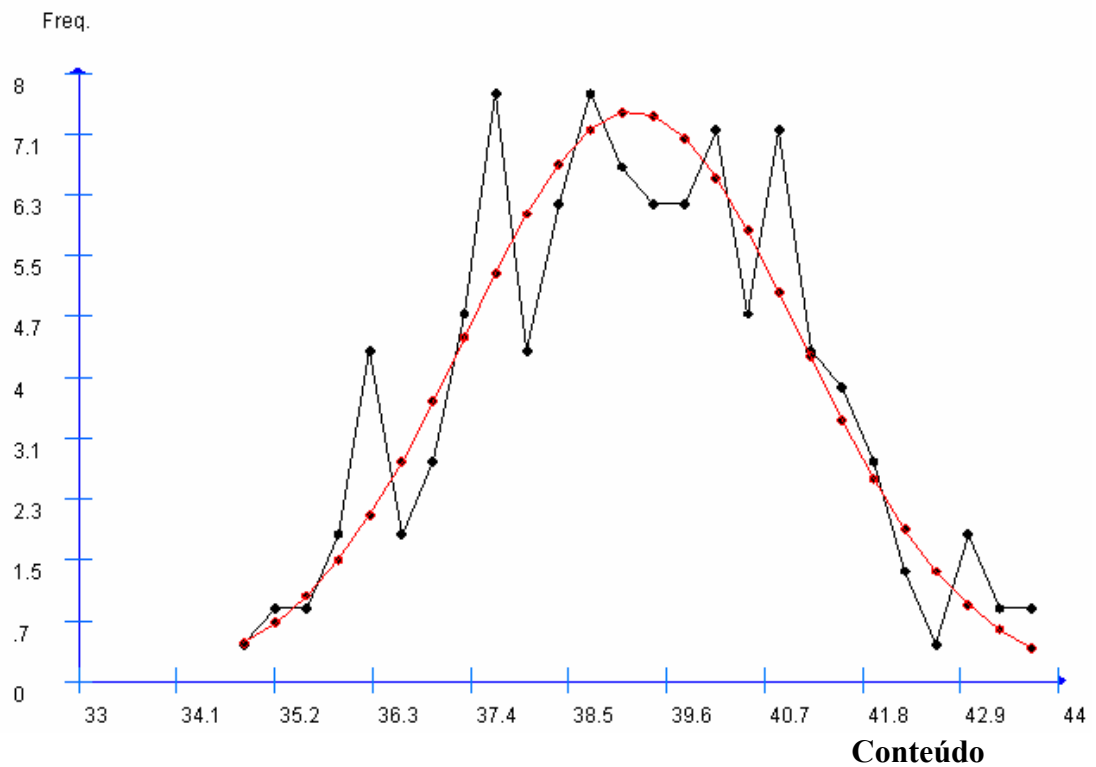
No presente trabalho, foram avaliadas populações F₂ e F₃ de genótipos de soja obtidos do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 (genótipo com baixo conteúdo protéico, em torno de 35%) e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2 (genótipo com elevado conteúdo de proteínas, em torno de 44%).

As estimativas de média, variância e os desvios-padrões para a característica conteúdo de proteína do grão na população de 207 genótipos de soja nas gerações F₂ e F₃ estão apresentadas na Tabela 1

TABELA 1 – Médias, variâncias e desvios-padrões das populações de soja nas gerações F₂ e F₃ segregantes para conteúdo protéico.

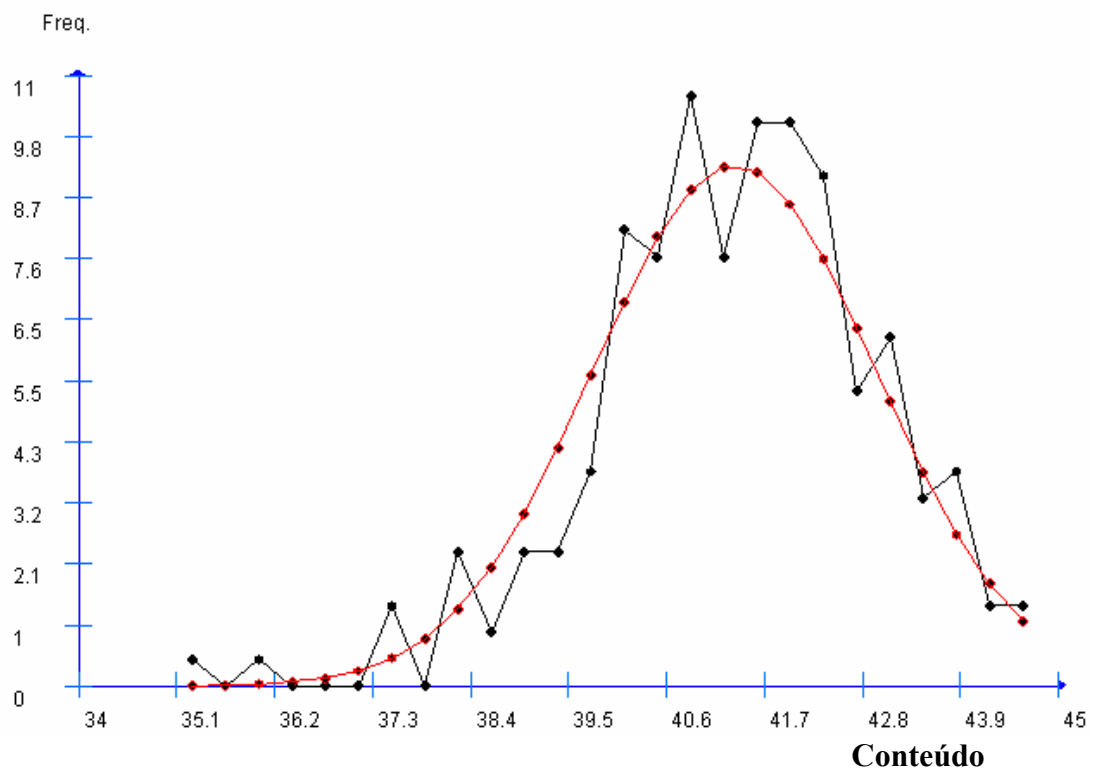
	Geração F₂	Geração F₃
No. de Observações	207	207
Média %	39,22	41,36
Variância	3,52	2,50
Desvio padrão	1,87	1,58

As curvas de distribuição das frequências fenotípicas do conteúdo protéico dos grãos podem ser observadas na Figura 1, para a geração F₂, e na e Figura 2, para a geração F₃.



percentual de proteína

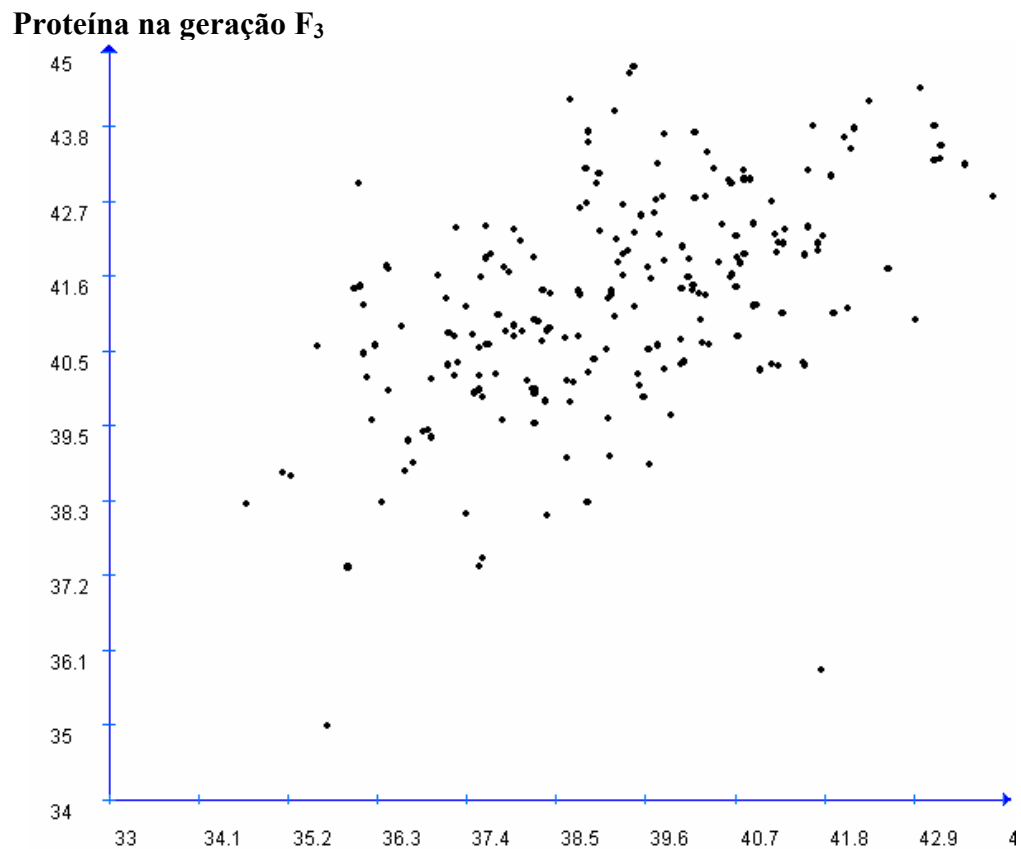
FIGURA 1 – Distribuição dos valores de conteúdo de proteína no grão para os genótipos de soja obtidos na geração F₂



percentual de proteína

FIGURA 2 – Distribuição dos valores de conteúdo de proteína no grão para os genótipos de soja obtidos na geração F₃

Na Figura 3 é observada a análise de distribuição das médias fenotípicas para o conteúdo de proteína do grão das famílias na geração F_3 , em relação às médias dos respectivos indivíduos na geração F_2 .



Proteína na geração F_2

FIGURA 3 - Distribuição das médias fenotípicas para o conteúdo de proteína do grão das famílias na geração F_3 , em relação às médias dos indivíduos na geração F_2 .

De modo geral, as plantas da geração F_3 apresentaram maior média e menores valores de variância e desvio padrão para a característica avaliada. Os menores valores de variância e desvio padrão podem ser explicados por diferenças ambientais, no cultivo de cada geração. As plantas na geração F_2 foram cultivadas em casa de vegetação em vasos de 2 litros de solo com a presença de até três indivíduos por vaso. Neste caso, as análises de conteúdo protéico foram realizadas em cada indivíduo. Para a constituição do experimento na geração F_3 , cada planta F_2 autofecundada forneceu cerca de quinze sementes que foram separadas em três repetições e plantadas no campo em linhas de um metro. As informações de valores protéicos foram obtidas da média dos valores dos indivíduos de cada família F_3 . Além do componente ambiental a maior uniformidade genética na população F_3 em

relação F_2 pode ser explicada pela auto-fecundação, o que leva a uma redução no nível de heterozigosidade da população.

Avaliando os dados da Tabela 1 e as Figuras 1, 2 e 3 observa-se claramente uma tendência de aumento na média da característica na geração F_3 em relação à F_2 . Esta diferença nas médias das duas populações pode ser atribuída ao efeito de dominância negativa, menor na geração F_3 ocasionada pela autofecundação e ao efeito ambiental positivo, maior na geração F_3 , ocasionado pelas diferenças de cultivo citadas acima para as duas populações.

COSTA (1996) citou em seus trabalhos conteúdos de proteína bruta variando entre 40 e 41,8% para as sete cultivares mais plantadas no Brasil no ano de 1972. Comparativamente, segundo o Informativo Técnico das variedades lançadas pela Universidade Federal de Viçosa para o ano agrícola de 2004, os percentuais protéicos nas sementes de treze variedades de soja estavam entre 36,08 e 42,62%. Considerando-se fatores nutricionais e econômicos, o conteúdo de proteína está entre os principais aspectos contemplados em diversos programas de melhoramento de soja no país. No que se refere ao melhoramento, a herdabilidade de um caráter é uma das mais importantes propriedades da população de trabalho, porque expressa a proporção da variância que é atribuída ao efeito médio dos genes, o que determina o grau de semelhança entre os indivíduos aparentados. A seleção é efetuada, fundamentalmente, com base nesta semelhança (FALCONER, 1987).

A Tabela 2, mostra o resumo da análise de variância, bem como o valor de herdabilidade no sentido amplo para a característica conteúdo de proteína do grão da soja, na geração F_3 .

TABELA 2 – Resumo da análise de variância do conteúdo de proteína do grão em famílias F₃ de soja

F.V.	G.L.	QM
Bloco	2	48,47
Tratamento	210	8,5 **
Famílias F ₃	206	7,51 **
Testemunha	3	74,08 **
Fam x Testemunha	1	15,01 *
Resíduo	420	2,82
CV %		4,06
Herdabilidade h ²	62,36	

(**), (*) Significativos a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

A observação de significância no quadrado médio das famílias F₃ é indicativo da existência de variabilidade genotípica para o conteúdo protéico nas sementes da população estudada, evidenciando a possibilidade de seleção de genótipos superiores (ALLARD, 1971). No mesmo sentido, a existência de variabilidade genética é indício da boa qualidade da população para trabalhos futuros que envolvam mapeamento genético da característica. Entretanto, observa-se interação significativa entre as famílias e o ambiente, indicando que os efeitos dos genótipos e ambiente isoladamente não explicam toda a variação observada na característica.

O coeficiente de variação (CV) obtido, 4,06%, é considerado baixo na experimentação agrônômica, demonstrando boa precisão experimental, estando próximo de valores obtidos em trabalhos feitos com soja para a mesma característica aqui avaliada (PIOVESAN, 2000; MELO, 2002; NAOE, 2004).

Na Tabela 3 são apresentados, os valores de médias das gerações F₂ e F₃ e o valor de estimativa de herdabilidade no sentido restrito, calculada pela regressão pai/filho segundo SMITH e KINMAN (1965).

TABELA 3 – Estimativa de herdabilidade no sentido restrito pela regressão pai/filho e médias fenotípicas para o conteúdo de proteína do grão nos genótipos de soja nas gerações F₂ e F₃

Variável	Média F ₂	Média F ₃	H ² (SK)%
Prot	39,2	41,37	43,40

H² (SK): estimativa da herdabilidade segundo; Prot: conteúdo de proteína no grão da soja em percentual de matéria seca.

Segundo CRUZ e REGAZZI (1994), a estimativa de herdabilidade pode ser utilizada para separar diferenças genéticas e não genéticas entre os indivíduos de uma população. Desta forma, é possível estimar os ganhos genéticos a cada geração e a escolha dos métodos de seleção mais adequados a serem aplicados. O valor de herdabilidade observado para a população pode ser considerado elevado, indicando que a seleção de genótipos considerando a característica alto conteúdo de proteína seria bem sucedida. Diversos autores, em outros trabalhos, relataram variações nos valores de herdabilidade para conteúdo de proteína em soja. No trabalho de COBER e VOLDENG (2000), as estimativas de herdabilidade no sentido amplo para proteína variaram de 40 a 77%, em linhagens avançadas derivadas de um único ciclo de retrocruzamento e de um único cruzamento. KWON e TORRIE (1964) avaliaram a herdabilidade de várias características agrônômicas, incluindo conteúdo de proteína em uma população de soja, encontrando para, esta característica, o valor de herdabilidade de 57%. ERICKSON et al. (1981) obtiveram valores de herdabilidade para conteúdo de proteína em F₂ de 27%, estimada pela regressão pai/filho, e de 78% no sentido amplo, utilizando médias de famílias F₃ cultivadas em dois locais, em uma única época de cultivo.

A observação de elevados valores de herdabilidade e o conhecimento da natureza gênica de uma característica possibilita tornar o processo seletivo mais eficiente. Estudos de ação gênica relacionada ao conteúdo protéico do grão de soja foram realizados por vários autores (BRIM et al., 1961; THORNE et al., 1970; PIOVESAN et al., 2000; NAOE et al., 2004). Em todos os casos, os dados indicam que para tal característica os efeitos gênicos aditivos, determinantes do valor de herdabilidade no sentido restrito, são mais importantes do que os devido à dominância e à epistasia. Conclui-se desta forma que nas populações trabalhadas por

estes autores, da mesma forma que na população do presente trabalho, o conteúdo protéico da semente pode ser eficientemente melhorado ainda em gerações precoces.

Outras características da distribuição normal dos valores observados nas Figuras 1 e 2, tais como simetria e curtose, foram estimados e estão apresentados na Tabela 4. As medidas de simetria possibilitam analisar uma distribuição de acordo com as relações entre as medidas de moda, média e mediana em uma distribuição de dados. A curtose é o grau de achatamento da distribuição, ou o quanto a curva de frequência será achatada em relação a uma curva normal de referência.

Pela observação de valores na geração F₂, pelo teste de Lilliefors, a característica conteúdo protéico no grão apresenta distribuição aproximadamente normal. Com valores de simetria próximos a zero. Tal análise é importante pois indica a baixa influencia de efeitos de dominância na determinação do caráter, refletindo o potencial da população para a possibilidade de seleção.

Pode ser observado que a geração F₃ apresenta ligeiro desvio do padrão esperado para a normalidade. Os valores de simetria e a curtose verificados podem ser explicados pela manifestação de dominância no caráter estudado ou pela influência ambiental.

TABELA 4 – Estatística descritiva dos valores de curtose e simetria da distribuição do conteúdo de proteína do grão em soja nas gerações F₂ e F₃.

	Geração F ₂			Geração F ₃		
	Curtose	Simetria	D ⁽¹⁾	Curtose	Simetria	D ⁽¹⁾
Estimativa	2,53	0,05	0,0421	4,07	-0,56	0,0427
Variância	0,028	0,02		0,02	0,02	
Valor de t	-1,3873	0,30		3,19	-3,31	
Probabilidade(%)	16,172	75,75	> 20%	0,16	0,11	> 20%

⁽¹⁾ Estatística D para Teste de Lilliefors

CAPÍTULO 2

ANÁLISE DE VARIÂNCIA, HERDABILIDADE E CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES DE INTERESSE AGRONÔMICO EM SOJA

RESUMO

No presente trabalho foram estimados os componentes da variação genética, as herdabilidades em sentido amplo e as correlações para onze características de interesse agrônomo na soja (Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes em gramas (PCS); conteúdo de proteínas no grão (PTN); conteúdo de OLEO no grão (OLEO). Foi utilizado como método de estimação dos componentes de variância genética a análise de variância, sendo essa feita no esquema de blocos ao acaso com testemunha adicionais. As populações de genótipos de soja foram obtidas do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2. Foram utilizadas 207 plantas F_2 para a obtenção do mesmo número de famílias F_3 . O experimento constou de três repetições ou blocos, de forma que cada família de plantas F_3 foi semeada em três repetições. Em cada família de cada bloco foram coletados valores fenotípicos de cinco indivíduos. Os resultados obtidos mostraram que maiores valores de coeficientes de herdabilidade foram verificados para os caracteres NDM, NNM, PCS, PTN e OLEO, o que indica que o processo seletivo com base em tais características poderá ser realizado com grande eficiência. Na análise de variância foi observado a 1% de probabilidade pelo teste F existência de variância genética significativa para todas as onze características avaliadas nas famílias F_3 , sendo este fato, indicativo da existência de variabilidade genética na população para as características. Em uma segunda etapa deste estudo, os caracteres PRO, PTN e OLEO foram adotados como principais no foco do melhoramento sendo então estimadas as correlações destes entre si e com as

outras características avaliadas. As maiores correlações genéticas com PRO foram encontradas em relação as características NDM (0,74) e NVP (0,80). Para a característica conteúdo de proteína do grão (PTN), todas as correlações com as demais características apresentaram valores negativos, sendo que o maior valor de sinal negativo foi observado entre as características OLEO e PTN. O maior valor de correlação para OLEO (0,37) foi observado para a característica NDM.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L.) é um produto de destaque no panorama econômico e social do Brasil, em virtude do intensivo uso, principalmente, a proteína e o OLEO, na alimentação animal e humana. O sucesso da atividade econômica em torno desta cultura se deve, em grande parte, aos programas de melhoramento genético.

O melhoramento de caracteres, como produtividade de grãos, altura de planta na maturidade, ciclo da planta, tamanho das sementes e conteúdos de proteína e OLEO, é fundamental para a obtenção de novas variedades competitivas em relação às já existentes. Sabe-se que a eficiência do processo de seleção de caracteres com herdabilidade baixa, é reduzida, principalmente, em face da influência ambiental, que ao interagir com os genótipos pode alterar as estimativas de herdabilidade. JOHNSON et al. (1955) citam que com maior diversidade de ambientes em estudo, aumenta-se a precisão da estimativa de herdabilidade dos caracteres avaliados.

Segundo KAW et al. (1972), para que ocorra um processo seletivo eficiente das populações segregantes de soja, deve-se acompanhar e compreender as alterações de comportamento, devido às diferentes características intrínsecas a cada conjunto de genótipos. Assim, assume grande importância a variabilidade genética disponível, as estimativas de herdabilidade e correlação entre os caracteres de interesse. O conhecimento da magnitude de tais parâmetros possibilita a escolha adequada de uma estratégia eficaz de melhoramento genético, permitindo a seleção, precoce ou não, de genótipos superiores, e a intensidade de seleção a ser aplicada.

Como citado por REIS et al. (2004), a herdabilidade de diversas características da soja tem sido estimada, principalmente no sentido amplo, como medida de acurácia, na qual a seleção de genótipos pode ser efetuada utilizando-se o comportamento fenotípico da unidade experimental (MAHMUD e KRAMER, 1951; JOHNSON et al., 1955; ANAND e TORRIE, 1963; CAMPOS, 1979; GILIOLI et al. 1980; BONATO, 1989; SANTOS, 1994). Verifica-se, nesses trabalhos, em geral, que valores mais elevados de herdabilidade foram encontrados para caracteres secundários (número de dias para florescimento, número de dias para maturação, altura de planta no florescimento, altura de planta na maturação) associados à produção de grãos, enquanto que caracteres primários (número de vagens por planta, número de sementes por vagem e tamanho de semente) apresentaram valores intermediários, e os menores valores foram encontrados para a produção de grãos.

No presente trabalho foram estimados os componentes da variação genética, as herdabilidades em sentido amplo e as correlações para onze características de interesse agrônomo na soja.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material Genético

A população de genótipos de soja utilizada no presente trabalho foi obtida do cruzamento entre a variedade UFVS 2012 (genótipo com baixo conteúdo protéico, em torno de 35%) e a linhagem CS3035PTA276-1-5-2 (genótipo com elevado conteúdo de proteínas, em torno de 44%).

O experimento foi instalado no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, na Universidade Federal de Viçosa, no ano agrícola de 2006, a partir de sementes F₃. Foram utilizadas 207 plantas F₂ para a obtenção do mesmo número de famílias F₃. O experimento constou de três repetições ou blocos, de forma que cada família de plantas F₃ foi semeada em três repetições. Em cada família de cada bloco foram coletados valores fenotípicos de cinco indivíduos.

Como testemunhas, foram a plantados em cada bloco, linhas dos cultivares BARC-8 e Monarca, bem como dos progenitores (variedade UFVS 2012 e linhagem CS3035PTA276-1-5-2).

2.2. Avaliação de características agronômicas

Foram avaliadas no campo as seguintes características agronômicas:

- Número de dias para florescimento (NDF) - contados a partir da semeadura até a abertura de primeira flor.
- Número de dias para maturação (NDM) - contados a partir da semeadura até que 95% das vagens atingissem a coloração típica de maturação (estádio R8 da escala de FEHR et al. 1971).
- Altura da planta na maturação (APM) - altura, em centímetros, do nível do solo até o último nó da haste principal, por ocasião da maturação.
- Altura de inserção da primeira vagem (APV) - altura, em centímetros, do nível do solo ao ponto de inserção da primeira vagem na haste principal, por ocasião da maturação.

Depois de realizadas essas medições, as plantas foram colhidas e trilhadas individualmente, sendo avaliadas, na casa de apoio do Programa de melhoramento de Soja da Universidade Federal de Viçosa, as seguintes características:

- Número de nós na maturação (NNM) - número de nós contados na haste principal, a partir do nó cotiledonar.
- Número de vagens por planta (NVP) - número total de vagens com sementes formadas.
- Número de sementes por planta (NSP) - número total de sementes produzidas por planta.
- Peso de cem semente (PCS) – peso em gramas de uma amostra de cem sementes por planta.
- Produção de grãos (PRO) - peso total das sementes de cada planta, em gramas.
- conteúdo de proteínas no grão (PTN) – conteúdo percentual de proteína no grão com base em matéria seca
- conteúdo de OLEO no grão (OLEO) - conteúdo percentual de ácidos graxos totais no grão com base em matéria seca

O valor fenotípico para cada característica em cada família e dos progenitores foi determinado tomando-se a média de cinco plantas por família F₃ em cada repetição. A determinação dos conteúdos de proteína e OLEO foi realizada em espectrômetro infravermelho (FT-NIR, equipamento Agrosystem, modelo instalab 600 product analyzer). Foram coletadas sementes (cerca de 10 gramas) de cada um de cinco indivíduos de cada família F₃. As sementes foram trituradas em moinho, gerando a granulometria adequada para a leitura de absorvância no equipamento FT-NIR.

2.3. Análise de variância

2.3.1. Variância individual

As análises de variância foram realizadas pelo procedimento de avaliação em blocos casualizados com testemunhas adicionais, com os progenitores UFVS 2012 e CS3035PTA276-1-5-2 e os cultivares BARC-8 e Monarca, utilizados como testemunhas.

O modelo estatístico adotado foi;

$$Y_{ij} = \mu + T_i + B_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : é o valor da característica para o i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco;

μ : é a média geral dos tratamentos;

T_i : é o efeito do i -ésimo tratamento sendo $(i=1,2,\dots,t)$; e

e_{ij} : erro aleatório que incide sobre as testemunhas, sendo $e_{ij} \sim \text{NID}(0, \sigma^2)$.

O esquema de análise de variância está ilustrado no Quadro 1.

QUADRO 1 – Análise de variância para cada ambiente, adotando-se o modelo de ensaios de famílias com testemunhas intercalares

FV	GL	QM	E(QM)	F
Bloco	r-1	QMB		
Tratamento	t-1	QMT		
Famílias	f-1	QMF	$\sigma^2 + r\sigma^2g$	QMF/QMR
Testemunhas	e-1	QMTe	$\sigma^2 + r\phi_g$	QMTe/QMR
Fam vs Test	1	QMFvsTe		QMFvsTe/QMR
Resíduo	t(r-1)	QMR	σ^2	

Os componentes de variância foram estudados por meio de:

$$\hat{\sigma}^2 = QMR$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = (QMF - QMR) / r$$

$$\hat{\phi}_g = (QMTe - QMR) / r$$

A herdabilidade, no sentido amplo, e o coeficiente de variação experimental foram obtidos pelas seguintes expressões:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{QMF} = \frac{QMF - QMR}{QMF}$$

$$CVe = \frac{100\sqrt{QMR}}{\hat{\mu}}$$

2.4. Covariância fenotípica, genotípica e de ambiente na população F₃

2.4.1. Covariância fenotípica

Estimada diretamente, utilizando os valores fenotípicos médios das características X e Y, obtidas nas populações F₃ ou ainda:

$$Cov_F(X, Y) = \frac{QMF_{x+y} - QMF_x - QMF_y}{2}$$

2.4.2. Covariância ambiental

A covariância ambiental foi estimada utilizando-se a seguinte expressão:

$$Cov_E(X, Y) = \frac{QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y}{2}$$

em que:

QMR_{x+y} = quadrado médio do resíduo obtido na análise de variância da soma X + Y.

QMR_x = quadrado médio do resíduo de X.

QMR_y = quadrado médio do resíduo de Y.

2.4.3. Covariância genotípica

A covariância genotípica foi estimada pela diferença entre a covariância fenotípica das características X e Y [$Côv_F(X,Y)$] e a covariância de ambiente [$Côv_E(X,Y)$].

2.5. Correlações fenotípicas, genotípicas e de ambiente na população F₃

Os coeficientes de correlação fenotípica foram estimados da seguinte forma, segundo FALCONER (1987):

$$r_{Fxy} = \frac{Côv_F(X,Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{F_x}^2 \times \hat{\sigma}_{F_y}^2}}$$

em que:

r_{Fxy} = estimador do coeficiente de correlação fenotípica entre as características X e Y;

$Côv_F(X,Y)$ = estimador da covariância fenotípica entre as características X e Y; e

$\hat{\sigma}_{F_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{F_y}^2$ = estimadores das variâncias fenotípicas das características X e Y.

Os coeficientes de correlações genotípica e de ambiente foram obtidos pelas seguintes expressões:

$$r_{Gxy} = \frac{Côv_G(X,Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{G_x}^2 \times \hat{\sigma}_{G_y}^2}} ; \quad r_{Exy} = \frac{Côv_E(X,Y)}{\sqrt{\hat{\sigma}_{E_x}^2 \times \hat{\sigma}_{E_y}^2}}$$

em que:

r_{Gxy} = estimador do coeficiente de correlação genotípica entre as características X e Y;

$Côv_G(X,Y)$ = estimador da covariância genotípica entre as características X e Y;

$\hat{\sigma}_{G_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{G_y}^2$ = estimadores das variâncias genotípicas das características X e Y;

r_{Exy} = estimador do coeficiente de correlação de ambiente entre as características X e Y;

$C\hat{o}v_E(X, Y)$ = estimador da covariância de ambiente entre as características X e Y; e

$\hat{\sigma}_{Ex}^2$ e $\hat{\sigma}_{Ey}^2$ = estimadores das variâncias de ambiente das características X e Y;

A análise de variância e a estimação dos parâmetros genéticos foram feitas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2001).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Potencial genético de uma população de soja segregante para várias características de interesse

Na Tabela 1 está apresentado o resumo das análises de variâncias e as médias de onze características da população de soja na geração F_3 avaliada no presente estudo e das testemunhas. Observa-se que as médias das famílias foram constantemente superiores às médias das testemunhas para todas as características estudadas. O teste F, a 1% de probabilidade, indicou a existência de variação significativa, entre as famílias F_3 , para todas as onze características avaliadas.

Foi observada, também, variação significativa, a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, entre as testemunhas, o que indica existência de variabilidade genética entre as cultivares comerciais e genitores utilizados neste estudo. Outra importante observação a ser feita diz respeito aos baixos valores relativos dos coeficientes de variação para todas as características, evidenciando boa precisão dos dados apresentados.

TABELA 1 - Resumo da análise de variância, médias observadas e respectivos coeficientes de variação das características avaliadas nas famílias de soja na geração F₃, derivadas do cruzamento entre UFVS 2012 e CD302PTA276, bem como das testemunhas

F.V.	G.L.	QM										
		NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO
Bloco	2	66,66	83,03	2413,27	33,90	8,62	2219,09	4450,41	105,18	23105,47	48,47	2,39
Tratamento	210	6,47**	15,46**	358**	14,18**	5,50**	1025,57**	4135,42**	6,52**	4632,02**	8,5**	2,12**
Famílias F ₃	206	4,87**	8,83**	324,77**	14,04**	5,00**	967,78**	3919,46**	6,00**	4526,59**	7,51**	1,99**
Testemunhas	3	85,86**	335,44**	2608,97**	24,22*	41*	3225,41**	14285,80**	23,65**	8891,22*	74,08**	11,35**
Fam vs Test	1	97,56**	421,57**	451,35*	12,04 ^{ns}	2,47 ^{ns}	6329,60**	18173,40*	61,54**	13572,77*	15,01*	1,40 ^{ns}
Resíduo	420	2,43	2,03	156,77	6,391	0,806	410,34	1702,93	0,80	2493,14	2,82	0,56
Média Geral		64,07	138,03	86,99	16,32	14,95	111,66	195,70	16,98	213,81	41,38	19,81
Média das Fam		64,12	138,15	87,1	16,34	14,95	112,10	196,43	17,02	214,45	41,36	19,81
Média das Test		61,25	132,16	80,91	15,33	14,5	88,91	157,14	14,74	180,5	42,49	19,47
C.V. %		2,43	1,03	14,39	15,48	6,00	18,14	21,08	5,28	23,35	4,06	3,80

(* Valor F significativo a 5% de probabilidade, (**) significativo a 1% de probabilidade e (ns) não existe diferença entre os tratamentos.

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes em gramas (PCS); conteúdo percentual de proteínas no grão (PTN); conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO).

Estimativa de parâmetros genéticos

No presente estudo, foram estimados a variância genética total, os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo, para média das características nas famílias F_3 , o coeficiente de variação genotípico e a razão entre o coeficiente de variação genotípico e o coeficiente de variação ambiental. Os resultados encontram-se descritos na Tabela 2.

Valores de herdabilidade, variando de 44,92 a 86,59% foram observados para as características avaliadas e podem ser considerados de médios a altos. Os maiores coeficientes de herdabilidade foram verificados para os caracteres NDM, NNM, PCS, PTN e OLEO, o que indica que o processo seletivo com base em tais características poderá ser realizado com grande eficiência.

Quanto à variância genética para os valores relativos a cada caráter, o teste F a 1% de probabilidade indicou a existência de significância para todas as onze características avaliadas nas famílias F_3 . Este fato é indicativo da existência de variabilidade genética na população para as características avaliadas. Segundo ALLARD et al. (1971) a observação de alta variabilidade genética na população é fundamental para o êxito de um programa de melhoramento, pois possibilita a seleção de genótipos superiores por métodos de melhoramento mais simples.

Os coeficientes de variação apresentaram valores aceitáveis, estando próximos aos encontrados em soja por FARIAS NETO e VELLO (2001) para populações $F_{4:3}$, e por AZEVEDO FILHO et al. (1998) em populações $F_{7:6}$. Destaca-se que a razão CV_g/CV_e foi elevada para todas as características avaliadas, em particular, para NDM, NNM e PCS, com valores superiores à unidade, o que é considerado ideal para a seleção (CRUZ e REGAZZI, 1997). Apesar da existência de influência ambiental na variabilidade total da população, fato que dificultaria o processo de seleção, os elevados valores para a relação CV_g/CV_e indicam que boa parte da variação observada é devida à variância genética.

TABELA 2 - Estimativa de parâmetros genéticos para as onze características avaliadas em famílias F₃ de soja derivadas do cruzamento entre UFVS 2012 e CD302PTA276

Característica	$\hat{\sigma}_g^2$	h^2	CVg	CVg/CVe
NDF	0,81**	49,96	1,40	0,57
NDM	2,26**	77	1,08	1,05
APM	55,99**	51,72	8,59	0,59
APV	2,55**	54,50	9,77	0,63
NNM	1,40**	83,88	7,90	1,31
NVP	185,81**	57,60	12,15	0,67
PRO	738,34**	56,55	13,83	0,65
PCS	1,73**	86,59	7,73	1,46
NSP	677,81**	44,92	12,14	0,52
PTN	1,56**	62,36	3,01	0,74
OLEO	0,47**	71,51	3,47	0,91

(*) Valor F significativo a 5% de probabilidade, (**) significativo a 1% de probabilidade e (ns) não existe diferença entre os tratamentos.

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO).

$\hat{\sigma}_g^2$ - estimativa da variância genética entre famílias; h^2 - estimativa da herdabilidade no sentido amplo entre famílias; CVg - coeficiente de variação genética entre famílias; CVg/CVe - relação entre coeficiente de variação genética e coeficiente de variação ambiental entre famílias.

Correlação entre as características avaliadas na população em estudo

A existência de correlações entre características é fator importante no processo de melhoramento pois possibilita a realização de seleção indireta. Características facilmente mensuráveis e que apresentem elevados valores de herdabilidade podem ser utilizadas na seleção indireta de outras características com as quais estejam correlacionadas. No presente trabalho, foram estimados os valores dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental para onze características na população de soja na geração F₃. Os resultados estão apresentados nas Tabelas 3, 4 e 5.

Para a maioria das características avaliadas, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas. Tal situação ocorre quando pelo menos um dos caracteres envolvidos apresenta alta herdabilidade; situação similar aparece citada nos trabalhos de diversos autores (MORO, 1990; SANTOS, 1994; SOUZA, 1998; e BACKES, 2003). Na comparação das Tabelas 3 e 4 de correlação genotípica e fenotípica não é observado nenhum caso de inversão de sinal. Tais inversões, quando ocorrem, podem ser decorrentes de erros de amostragem segundo CRUZ e REGAZZI (1997). Entretanto, diferenças de sinais são observados para vários caracteres entre as correlações genotípicas e ambiental. De acordo com FALCONER (1987) este fato é indicativo de que a variação genética e o efeito ambiental influenciam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes.

Adotando-se os caracteres PRO, PTN e OLEO como os principais focos de melhoramento no presente trabalho, pode-se observar que as maiores correlações genéticas com PRO foram encontradas para as características NDM (0,74) e NVP (0,80). Este fato é uma importante constatação pois indica que os dois caracteres poderão ser úteis no processo de seleção de genótipos superiores quanto à produtividade. Resultados similares foram obtidos por BACKES et al. (2003), os quais observaram que a seleção fenotípica de famílias mais tardias e com maior NVP teve correspondência também com a seleção de famílias com genótipos superiores para produtividade, de acordo com a magnitude da correlação genética entre estes caracteres. Com exceção da característica APV, os demais caracteres primários apresentaram correlação positiva e elevada com PRO (acima de 0,5).

Para a característica conteúdo de proteína do grão (PTN), todas as correlações com as demais características apresentaram valores negativos, indicando que a

seleção de famílias com altos valores genotípicos para estes caracteres corresponderiam a famílias com baixo potencial genético para a elevação no conteúdo de proteína da semente. Resultados semelhantes foram obtidos no trabalho realizado por BONATO et al. (1989), no qual os autores encontraram valores negativos de correlação entre as características PTN e produtividade, na magnitude de -0,11.

Para a característica conteúdo de OLEO na semente (OLEO), os valores de correlação com a maioria das características mostraram-se positivos, porém, considerados de intermediários a baixos. O maior valor de correlação para OLEO (0,37) foi observado para a característica NDM. Ao contrário, considerando as correlações entre todas as características, o maior valor de sinal negativo foi observado entre as características OLEO e PTN. Na literatura, vários autores relataram resultados similares para coeficientes de correlação negativos altamente significativos entre proteína e OLEO na semente da soja (THORNE e FEHR, 1970; SIMPSON e WILCOX, 1983; BURTON, 1984; BONATO, 1989).

TABELA 3 – Coeficientes de correlações genótípicas entre todos os pares de características mensuradas em famílias F₃

Características	NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO
NDF	1	0,74	0,67	0,25	0,45	0,69	0,57	0,42	0,61	-0,48	0,30
NDM		1	0,39	-0,04	0,36	0,74	0,71	0,51	0,72	-0,44	0,43
APM			1	0,01	0,75	0,40	0,54	0,31	0,35	-0,16	0,18
APV				1	-0,28	-0,32	-0,36	-0,08	-0,36	-0,36	0,11
NNM					1	0,49	0,51	0,22	0,65	-0,03	0,16
NVP						1	0,80	0,13	0,96	-0,11	0,29
PRO							1	0,51	0,76	-0,08	0,35
PCS								1	0,09	-0,31	0,30
NSP									1	-0,06	0,32
PTN										1	-0,89
OLEO											1

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO).

TABELA 4 – Coeficientes de correlações fenotípicas entre todos os pares de características mensuradas em famílias F₃ de soja derivadas do cruzamento entre UFVS 2012 e CD302PTA276

Características	NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO
NDF	1	0,59	0,40	0,13	0,34	0,42	0,35	0,33	0,35	-0,29	0,20
NDM		1	0,26	-0,06	0,30	0,55	0,52	0,46	0,49	-0,36	0,37
APM			1	0,05	0,56	0,24	0,34	0,22	0,17	-0,07	0,08
APV				1	-0,18	-0,23	-0,24	-0,08	-0,25	-0,21	0,06
NNM					1	0,39	0,40	0,20	0,44	-0,03	0,12
NVP						1	0,63	0,09	0,83	-0,08	0,20
PRO							1	0,41	0,62	-0,06	0,25
PCS								1	0,05	-0,22	0,25
NSP									1	-0,05	0,19
PTN										1	-0,78
OLEO											1

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO)

TABELA – 5 Coeficientes de correlações ambientais entre todos os pares de características mensuradas em famílias F₃ de soja derivadas do cruzamento entre UFVS 2012 e CD302PTA276

Características	NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO
NDF	1	0,20	0,003	-0,03	0,06	-0,01	0,01	0,12	0,04	0,03	-0,01
NDM		1	-0,05	-0,11	-0,05	0,07	0,03	0,12	0,12	-0,09	0,14
APM			1	0,10	0,17	0,02	0,07	0,02	-0,01	0,05	-0,10
APV				1	0,05	-0,12	-0,09	-0,12	-0,14	0,02	-0,03
NNM					1	0,18	0,13	0,11	0,12	-0,04	-0,01
NVP						1	0,38	0,01	0,71	-0,03	0,03
PRO							1	0,21	0,48	-0,03	0,05
PCS								1	-0,001	0,07	0,05
NSP									1	-0,03	0,02
PTN										1	-0,51
OLEO											1

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO)

CAPÍTULO 3

DIFERENTES ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E GANHOS PREDITOS PARA CARACTERÍSTICAS PRINCIPAIS EM SOJA

RESUMO

O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em uma população F_3 de soja, quanto à predição de ganhos para os valores fenotípicos de características de interesse agrônômico. Foram consideradas como características principais a produção de grãos, o conteúdo de proteína e o conteúdo de OLEO do grão e como estratégias de seleção foram utilizados; seleção baseada em índices de Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD). Nos resultados foram observados que, os maiores valores de ganhos totais percentuais foram obtidos pela seleção direta para o caráter peso total de sementes por planta (PRO) (51,93%), seguida pelos índices MM (50,5%) SH (49,18%), seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO) (17,4%), índice PB (-3,24) e apresentando os menores valores de ganhos totais, seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de proteína no grão (PTN) (-8,26%). Pelo desdobramento das correlações genóticas em efeitos indiretos e diretos, das variáveis primárias NDF, NDM, APM, APV e NNM, sobre as características principais PRO, PTN e OLEO foi possível observar para a característica PRO, maior estimativa de correlação total com a variável NDM (0,71), sendo que a maior parte deste valor (0,51) foi devida ao efeito direto de NDM. Para a característica PTN, os efeitos totais de correlação para todas as características primárias apresentaram valores negativos. Entretanto, o caráter APM forneceu valores positivos, para efeitos diretos (0,16) sobre PTN, indicando a possibilidade de ganhos positivos para conteúdos percentuais de proteína no grão com seleção praticada sobre APM. Para o caráter OLEO, todos os efeitos totais de correlação com as características auxiliares apresentaram valores positivos, sendo o de magnitude superior observado para NDM (0,43).

1. INTRODUÇÃO

O progresso genético direcionado em qualquer espécie está associado à existência de variabilidade genética, à seleção natural e/ou artificial e ao ajuste dos genótipos aos ambientes existentes. Segundo REIS et al. (2004), comprovada a presença da variabilidade genética e sobretudo o valor desta em relação à variação não-genética, a seleção assume grande importância no progresso genético.

A seleção objetiva acumular alelos favoráveis à característica de interesse em determinada população e é um processo vinculado a uma constante e permanente renovação. A possibilidade do melhorista prever o ganho esperado pela seleção, antes mesmo que ela seja realizada, é, sem dúvida, uma das maiores contribuições da genética quantitativa (RAMALHO e VENCOVSKY, 1978; HALLAUER e MIRANDA FILHO, 1981). Para CRUZ e REGAZZI (1997), de acordo com a estratégia de seleção e o ganho que ela proporcionará, pode-se orientar, de maneira mais efetiva, um programa de melhoramento, bem como prever o sucesso do esquema seletivo adotado, decidindo, com bases científicas, que esquemas podem resultar em maior ganho genético.

Vários são os procedimentos utilizados pelo melhorista para identificar os genótipos superiores numa população. Alguns levam em conta o comportamento do indivíduo, enquanto outros se fundamentam, primariamente, no desempenho da

família e, secundariamente, na superioridade relativa dos indivíduos dentro da família. Há, também, a estratégia que utiliza, simultaneamente, as informações do indivíduo e de seus parentes, chamada de seleção combinada (FALCONER, 1987).

Em muitos casos, as metodologias de seleção descritas acima não atendem às necessidades do melhorista, quando o objetivo no programa de melhoramento é a seleção simultânea de várias características de interesse. Em tal situação, torna-se evidente o estudo e a mensuração das relações entre os caracteres, o que permite a obtenção de índices de seleção.

O índice pode ser estabelecido pela combinação ótima de vários caracteres, permitindo a seleção de indivíduos para estas características de forma simultânea. Pela sua natureza multivariada, tais índices, constituem uma interessante opção para a obtenção de genótipos acumulando uma série de valores favoráveis (MARTINS, 1999). A introdução de índices de seleção no melhoramento vegetal foi realizada por SMITH et al. (1936). Desta época até os dias atuais, diversas variantes tem sido propostas como modificações da metodologia no intuito de torná-la mais adequada à determinada situação (SMITH, 1936; HAZEL, 1943; MULAMBA e MOCK, 1978; WILLIAMS, 1962; e PESEK e BAKER, 1969).

O objetivo deste trabalho foi comparar diferentes procedimentos de seleção em uma população F_3 de soja, quanto à predição de ganhos para os valores fenotípicos de características de interesse agrônômico. Foram consideradas como características principais a produção de grãos, o conteúdo de proteína e o conteúdo de OLEO do grão.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1.1. Estratégias de Seleção

A obtenção dos valores dos parâmetros genéticos para as características avaliadas no Capítulo 2 do presente trabalho, possibilitou que a partir deste ponto fossem preditos os ganhos diretos e indiretos resultantes da execução das estratégias de seleção apresentadas a seguir.

Na análise de ganho genético, quanto aos caracteres principais, os pesos econômicos e ganhos desejados foram estabelecidos a partir dos próprios dados experimentais, conforme recomendações de CRUZ (1990). Adotou-se como ganho desejado o equivalente a um desvio-padrão genético (DP), e como pesos econômicos, as estimativas de coeficiente de variação genético (CVg) e a razão entre o coeficiente de variação genético e o experimental (CVg/Cve). Quanto aos caracteres secundários, foram adotados valores nulos para os pesos econômicos.

Na seleção dos melhores genótipos e estimativas dos progressos genéticos, utilizaram-se os seguintes critérios, citados por CRUZ (2001): seleção direta e indireta, índice clássico (SMITH, 1936; HAZEL, 1943); índice baseado em soma de “ranks” (MULAMBA e MOCK, 1978), e índice baseado nos ganhos desejados (PESEK e BAKER, 1969).

2.1.2. Seleção Direta e Indireta

Na seleção direta e indireta, em princípio, espera-se obter ganhos em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção, podendo ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária.

O ganho esperado pela seleção direta no *i*-ésimo caráter pode ser estimado por:

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

em que:

X_{si} é a média dos indivíduos selecionados para o caráter *i*;

X_{oi} é a média original da população;

DS_i é o diferencial de seleção praticado na população *e*;

h_i^2 é a herdabilidade do caráter i.

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

$GS_{j(i)} = DS_{j(i)}h_j^2$ em que;

$DS_{j(i)}$ é o diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter daqueles indivíduos cuja superioridade foi evidenciada com base em outro caráter, sobre o qual se pratica a seleção direta.

2.1.3. Seleção simultânea pelo índice Smith e Hazel

O índice clássico, proposto por SMITH (1936) e HAZEL (1943), consiste numa combinação linear de vários caracteres de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este é estabelecido por uma outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos. Sejam o índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) descritos como a seguir:

$$I = b_1x_1 + b_2x_2 + \dots + b_nx_n = \sum_{i=1}^n b_i x_i = b'x;$$

$$H = a_1g_1 + a_2g_2 + \dots + a_ng_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = a'g;$$

em que:

n é o número de caracteres avaliados;

b' é o vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

x é a matriz de dimensão n x p (plantas) de valores fenotípicos dos caracteres;

a' é o vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g é a matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

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

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

$$\Delta g_{j(I)} = DS_{j(I)} h_j^2, \text{ em que;}$$

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

$DS_{j(I)}$ é o diferencial de seleção do caráter j , com a seleção baseada no índice I e;

h_j^2 é a herdabilidade do caráter j .

2.1.4. Seleção simultânea pelo índice MULAMBA e MOCK (1978)

O índice baseado em soma de “ranks” (MULAMBA e MOCK, 1978) consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. A seguir, são somadas as ordens de cada material resultando no índice de seleção, como descrito a seguir:

$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, sendo que I é o valor do índice para determinado indivíduo ou família;

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

n é o número de caracteres considerado no índice.

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

$I = p_1 r_1 + p_2 r_2 + \dots + p_n r_n$, em que p_j é o peso econômico atribuído pelo usuário ao j -ésimo caráter.

2.1.5. Seleção simultânea pelo índice PESEK e BAKER (1969)

Preocupados com a dificuldade de estabelecer com exatidão os pesos econômicos relativos aos vários caracteres, PESEK e BAKER (1969) propuseram um índice em que estes pesos poderiam ser substituídos pelos ganhos desejados pelo melhorista para cada caráter. A construção do índice baseado nos ganhos desejados envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres, que é definida por:

$$\Delta g = \frac{\hat{G}b_i}{\sigma_i}$$

Substituindo-se Δg , que é o vetor dos ganhos estimados, por Δg_d , que é o vetor dos ganhos desejados, e eliminando-se o escalar $\frac{\hat{G}}{\sigma_i}$ 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 proporcionarão a maximização dos ganhos em cada caráter, baseando-se na especificação dos ganhos desejados.

2.2. Comparação dos dados

Foram consideradas como principais, as características peso total de sementes por planta (PRO), conteúdo percentual de proteína no grão (PTN) e conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO). Inicialmente, foram obtidos os valores dos ganhos proporcionados pela seleção direta e indireta em cada caráter, onde todos os caracteres foram considerados como principais. A partir dos valores obtidos foram realizadas novas análises de seleção indireta buscando maximizar o ganho para os caracteres principais

Em seguida, compararam-se os valores de ganhos totais percentuais nas onze características avaliadas nas famílias F_3 de soja por meio de seleção baseada em índices de Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD), onde foram avaliadas quatro situações:

I. Seleção baseada nos índices, os caracteres produção (PRO), conteúdo de proteína (PTN) e conteúdo de OLEO (OLEO) como principais ;

II. Seleção direta sobre o caráter (PRO), em relação as demais variáveis;

III. Seleção direta sobre o caráter (PTN), em relação as demais variáveis;

IV. Seleção direta sobre o caráter (OLEO), em relação as demais variáveis;

Em alguns casos, os pesos econômicos estabelecidos para os caracteres principais variaram da seguinte maneira;

- Valor genotípico para as característica principais pelo índice SH; peso de sementes por planta (PRO) **(1)**; conteúdo de proteínas (PTN) **(7)**; conteúdo de OLEO (OLEO) **(1)**
- Valor genotípico para as característica principais pelo índice MM; peso de sementes por planta PRO **CVg (13,83)**; conteúdo de proteínas PTN **CVg (3,02)**; conteúdo de OLEO OLEO **CVg (3,47)**.
- Valor do ganho desejado para as característica principais pelo índice PB foi igual ao desvio padrão genético; peso de sementes por planta PRO **(28,47)**, conteúdo de proteínas PTN **(1,37)**, conteúdo de OLEO OLEO **(0,71)**.

2.3. Análise de Trilha

Após a obtenção dos valores das estimativas de correlações entre os caracteres, foi feito o desdobramento das correlações genotípicas em efeitos indiretos e diretos, das variáveis primárias NDF, NDM, APM, APV e NNM, sobre as características principais, PRO, PTN e OLEO por meio da análise de trilha (WRIGHT, 1921).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Seleção direta e indireta de caracteres agronômicos de interesse na população F₃ de soja

Um programa de melhoramento deve levar em conta as necessidades e a demanda do mercado. Neste sentido, o conhecimento do melhorista quanto às características agronômicas das cultivares disponíveis para o agricultor é de suma importância. Segundo dados do Informativo Técnico Sementes Munari, as variedades de soja lançadas pela Universidade Federal de Viçosa para o ano agrícola de 2004 apresentavam os seguintes valores de características agronômicas de interesse;

- peso de cem sementes – entre 12,09 e 17,3 gramas;
- conteúdo de OLEO no grão – entre 17,81 e 24,31%;
- conteúdo de proteína no grão – entre 36,08 e 42,62%;
- floração – entre 43 e 67 dias;
- maturação – entre 113 e 146 dias;
- altura da planta na maturação – entre 69 e 110 centímetros;
- altura da primeira vagem – entre 13 e 18 centímetros;

No Tabela 1, comparativamente, são apresentados os valores de médias, variância e herdabilidade para as onze características avaliadas na população de trabalho no presente estudo.

TABELA 1 – Valores de médias, variância genética e de herdabilidade no sentido amplo para onze características avaliadas na geração F₃

Característica	Média	σ^2_g	h^2
NDF	64,12	0,81**	49,96
NDM	138,15	2,26**	77
APM	87,1	55,99**	51,72
APV	16,34	2,55	54,5
NNM	14,95	1,40**	83,88
NVP	112,10	185,81**	57,6
PRO	196,43	738,34**	56,55
PCS	17,02	1,73**	86,59
NSP	214,45	677,81**	44,92
PTN	41,36	1,56**	62,36
OLEO	19,81	0,47**	71,51

(*) Valor F significativo a 5% de probabilidade, (**) significativo a 1% de probabilidade e (ns) não existe diferença entre os tratamentos.

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO).

σ^2_g : estimativa da variância genética entre famílias; h^2 : estimativa da herdabilidade no sentido amplo entre famílias.

Como pode ser observado no Tabela 1, os valores das médias das características para as famílias ainda na geração F₃, são similares aos valores fenotípicos das cultivares lançadas pela UFV no ano agrícola de 2004. Isto mostra o potencial da população para a seleção de famílias que agrupem características favoráveis exigidas pelo mercado. Além dos valores adequados das médias, a existência de variabilidade genética significativa para as características entre as famílias na população, bem como elevados valores de herdabilidade ressaltam a possibilidade de obtenção de ganhos no processo de seleção.

No presente trabalho, inicialmente, foi realizado o procedimento de seleção direta e indireta com acréscimo nos valores fenotípicos para todas as características trabalhadas. Os valores de ganhos percentuais esperados estão apresentados na Tabela 2.

TABELA 2 – Herdabilidade e estimativas de ganhos percentuais diretos e indiretos para as onze características avaliadas em famílias F₃ de soja

Variável sob Seleção	h ²	Ganho de seleção %											Total
		NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO	
NDF	49,96	1,67	0,53	3,15	3,62	1,99	2,34	4,11	4,93	2,83	-,57	-0,24	24,36
NDM	77	0,73	1,56	,82	0,32	1,17	10,22	8,12	4,08	7,57	-1,23	1,98	35,34
APM	51,72	0,51	0,17	12,43	2,35	6,59	2,49	4,94	1,42	1,54	,01	0,16	32,61
APV	54,5	0,37	-0,08	0,18	13,49	-2,03	-5,82	-5,38	-1,51	-4,91	-,89	-0,08	-6,66
NNM	83,88	0,17	0,03	4,08	0,12	11,17	2,9	0,89	-1,82	4,49	,31	-0,32	22,02
NVP	57,6	0,59	0,92	0,68	-1,61	4,44	17,4	13,57	-0,34	14,61	,09	1,56	51,91
PRO	56,55	0,76	0,89	1,54	-3,74	4,07	12,89	19,58	4,07	10,37	-,03	1,53	51,93
PCS	86,59	0,38	0,64	0,84	-1,96	0,23	-1,42	5,64	13,03	-1,24	-,74	0,91	16,31
NSP	44,92	0,43	0,88	-1,03	-3,7	4,63	14,13	7,51	0,1	16,51	,35	0,75	40,56
PTN	62,36	-0,15	-0,23	-1,51	-1,37	-0,39	-0,11	-1,41	-2,48	-0,21	3,84	-4,24	-8,26
OLEO	71,51	0,13	0,58	1,52	-0,26	2,85	1,76	4,22	2,34	2,02	-3,38	5,26	17,04

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteína (PTN); conteúdo de OLEO (OLEO).

Número de indivíduos selecionados: 20

Como pode ser observado, a seleção direta para cada característica levou a maiores ganhos preditos, ficando próximos aos valores de ganhos pela seleção indireta nas situações em que as características são altamente correlacionadas, como NVP e PRO. Os maiores ganhos percentuais foram observados para os caracteres associados à produção como PRO, NVP e NSP, sendo que a seleção direta para os mesmos forneceram também os maiores valores percentuais em relação aos ganhos totais. Segundo FALCONER (1987), a seleção indireta pode promover maiores ganhos que a direta se o caráter auxiliar apresentar maior herdabilidade que o principal, e se a correlação genética entre ambos for positiva e de alta magnitude.

A partir deste ponto, o presente trabalho adotou os caracteres peso de sementes por planta (PRO), conteúdo de proteína do grão (PTN) e conteúdo de OLEO do grão (OLEO) como principais sendo, então, as estratégias de seleção direcionadas no sentido de maximizar os ganhos para tais caracteres. Na Tabela 2 observa-se a obtenção de ganhos indiretos negativos para PRO, PTN e OLEO, quando a seleção direta é praticada para alguns caracteres. Quando a seleção é praticada sobre APV e PTN, ganhos negativos são obtidos para PRO. Da mesma forma, ganhos indiretos negativos são observados para PTN, quando é praticada seleção direta para os caracteres NDF, NDM, APV, PRO, PCS e OLEO. E, finalmente, para o caráter OLEO, ganhos negativos indiretos são observados quando a seleção direta é praticada para NDF, APV, NNM e PTN. A explicação para tal fato é a observação de valores negativos de correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres em questão (dados apresentados no capítulo anterior). Assim, novas análises de seleção direta e indireta foram realizadas buscando maximizar os ganhos para os caracteres principais, na Tabelas 3 estão apresentados os resultados de tais análises.

TABELA 3 – Estimativas de ganhos percentuais diretos e indiretos para as características principais PRO, PTN e ÓLEO avaliadas em famílias F₃ de soja

Ganho maximizado para PRO		Ganho maximizado para PTN		Ganho maximizado para ÓLEO	
Variável sob Seleção e ganho desejado	Ganho PRO	Variável sob Seleção e ganho desejado	Ganho PTN	Variável sob Seleção e ganho desejado	Ganho OLEO
NDF (Acrécimo)	4,11	NDF (Decréscimo)	0,81	NDF (Decréscimo)	-1,13
NDM (Acrécimo)	8,12	NDM (Decréscimo)	1,30	NDM (Acrécimo)	1,98
APM (Acrécimo)	4,94	APM (Acrécimo)	0,01	APM (Acrécimo)	0,16
APV (Decréscimo)	3,21	APV (Decréscimo)	1,07	APV (Decréscimo)	-0,82
NNM (Acrécimo)	0,89	NNM (Acrécimo)	0,31	NNM (Decréscimo)	-0,43
NVP (Acrécimo)	13,57	NVP (Acrécimo)	0,09	NVP (Acrécimo)	1,56
PRO (Acrécimo)	19,58	PRO (Decréscimo)	-0,02	PRO (Acrécimo)	1,53
PCS (Acrécimo)	5,64	PCS (Decréscimo)	1,00	PCS (Acrécimo)	0,91
NSP (Acrécimo)	7,51	NSP (Acrécimo)	0,35	NSP (Acrécimo)	0,75
PTN (Decréscimo)	-1,61	PTN (Acrécimo)	3,84	PTN (Decréscimo)	3,72
OLEO (Acrécimo)	4,22	OLEO (Decréscimo)	3,28	OLEO (Acrécimo)	5,26

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM); número de vagens por planta (NVP); número de sementes por planta (NSP); peso de sementes por planta (PRO); peso de 100 sementes (PCS); conteúdo de proteínas (PTN); conteúdo de óleo (OLEO).

Número de indivíduos selecionados: 20

Na Tabela 3 estão apresentados os valores de ganhos preditos visando o máximo ganho de produção, conteúdo protéico do grão e conteúdo de OLEO do grão. Novamente a seleção direta para a característica PRO mostrou-se mais eficiente para a obtenção de ganhos preditos. A característica APV, que inicialmente fornecia ganho negativo indireto, foi selecionada para decréscimo e passou a fornecer ganhos indiretos positivos da ordem de 3,21% para PRO.

A seleção direta para a característica PTN mostrou-se mais eficiente para a obtenção de ganhos preditos para a mesma característica. As características NDF, NDM, APV, PRO, PCS e OLEO, que inicialmente forneciam ganhos negativos indiretos, foram selecionadas para decréscimo e passaram a fornecer ganhos indiretos pouco superiores, da ordem de 0,81, 1,30, -0,02, 1,00 e 3,28%, respectivamente, para PTN.

A seleção direta para a característica OLEO mostrou-se mais eficiente para a obtenção de ganhos preditos para a mesma característica. As características NDF, APV, NNM E PTN, que inicialmente forneciam ganhos negativos indiretos, foram selecionadas para decréscimo e passaram a fornecer ganhos indiretos da ordem de -1,31, -0,82, -0,43 e 3,72%, respectivamente, para OLEO.

Os resultados mostram a possibilidade de obtenção de ganhos indiretos mais satisfatórios para as características principais em detrimento do valor fenotípico de características auxiliares. Entretanto, nem sempre o decréscimo no valor fenotípico de uma característica auxiliar desfavorável levou a um aumento nos ganhos indiretos para a característica principal. Como pode ser observado, a característica NDF forneceu inicialmente ganhos indiretos negativos para conteúdo de OLEO do grão, da ordem de -0,24%. Na segunda análise, quando foi solicitado decréscimo para NDF, a perda no ganho indireto para OLEO foi ainda maior, da ordem de -1,13%. A observação das Tabelas 6 e 7 mostra que na seleção tanto para acréscimo quanto para decréscimos no valor fenotípico de NDF, a média dos indivíduos selecionados é inferior à média da população também para o caráter OLEO. A observação da Figura 1, que mostra a distribuição dos valores fenotípicos dos caracteres NDF e OLEO nos indivíduos da população, pode contribuir para o entendimento do fenômeno. Apesar da tendência de correlação positiva, a seleção de indivíduos em ambos os extremos para o caráter NDF ocasiona a conseqüente seleção para baixos valores fenotípicos no caráter OLEO. Os indivíduos em destaque numerados na Figura 1 podem ser usados para enfatizar a explicação.

TABELA 4 – Valores de médias dos caracteres NDF e OLEO para a população completa e para os indivíduos selecionados.

Caráter	Acréscimo para NDF	
	Xo	Xs
NDF	64,12	66,26
OLEO	19,81	19,75

Xo - média da população; Xs – média dos indivíduos selecionados. Número de dias para florescimento (NDF); conteúdo de OLEO (OLEO). Progenies selecionadas : 40, 163, 67, 159, 4, 44, 96, 122, 21, 74, 92, 106, 108, 140, 142, 167, 204, 15, 26 60.

TABELA 5 – Valores de médias dos caracteres NDF e OLEO para a população completa e para os indivíduos selecionados.

Caráter	Decréscimo para NDF	
	Xo	Xs
NDF	64,12	61,86
OLEO	19,81	19,50

Xo - média da população; Xs – média dos indivíduos selecionados. Número de dias para florescimento (NDF); conteúdo de OLEO (OLEO). Progenies selecionadas : 110, 38, 130, 115, 10, 129, 189, 27, 33, 56, 64, 152, 169, 28, 42, 58, 103, 121, 137, 148.

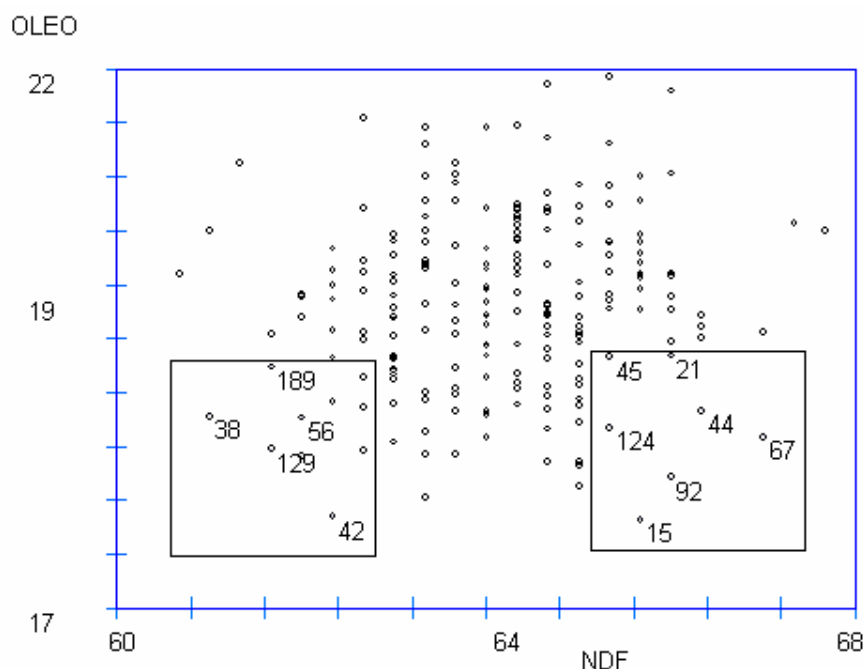


FIGURA 1 – Análise de dispersão dos dados para os valores fenotípicos e seleção visual comparativa entre os caracteres conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO) e número de dias para o florescimento (NDF) nas famílias da geração F₃

Ganhos de seleção simultânea para os caracteres produção, conteúdo de proteína e conteúdo de OLEO do grão por diferentes estratégias de seleção

No presente trabalho foram comparados diferentes procedimentos de seleção para a obtenção dos melhores valores relativos de ganhos preditos para características fenotípicas da população na geração F₃. Foram considerados como caracteres principais, a produção (PRO), o conteúdo de proteína do grão (PTN) e o conteúdo de OLEO do grão (OLEO). Nas Tabelas 6 e 7, estão apresentados respectivamente os resultados da análise de ganhos estimados e as famílias selecionadas com os respectivos valores de médias para os caracteres principais pelos índices SH, MM, PB e pela seleção direta. Cada um deles foi obtido atribuindo-se diferentes valores de pesos econômicos, ou valores genotípicos para os caracteres principais. Particularmente o índice MM, como observado por COSTA et al. (2004), proporcionou superioridade da estimativa do ganho total quando foi utilizado o CVg das características principais como peso econômico, fato observado também por PAULA et al. (2002). No índice PB, foi utilizado o valor do DP das características principais como peso econômico para a obtenção dos maiores ganhos.

Como apresentado na Tabela 6, pela análise dos ganhos totais, foi observada pequena superioridade da seleção direta para o caráter peso total de sementes por planta (PRO), seguida pelos índices MM, SH, seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO), índice PB e apresentando os menores valores de ganhos totais, seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de proteína no grão (PTN). Resultados diferentes foram encontrados por CRUZ et al. (1990) em trabalhos com milho, nos quais os autores observaram superioridade do índice SH em relação à seleção direta devido aos maiores valores de ganhos indiretos para a maioria dos caracteres. Desta forma, os autores concluíram que a utilização dos índices, mesmo considerando apenas um caráter como principal, mostra-se vantajosa em relação à seleção direta, uma vez que possibilita ganhos mais distribuídos em todos os caracteres avaliados, com ganhos totais maiores, sem proporcionar perda significativa no caráter principal. Isso também foi observado por RODRIGUEZ et al. (1998) em arroz, utilizando o índice SH.

Considerando os valores obtidos para ganhos preditos apenas com os diferentes índices de seleção, as estimativas de ganhos totais foram superiores com o índice MM em relação ao índice SH e PB, novamente os maiores ganhos individuais

também foram para PRO, NVP e NSP. Destacam-se, também, o ganho negativo, da ordem de -031%, para o caráter PTN. O índice PB forneceu os menores ganhos totais. Comparando os valores de ganhos preditos estimados para os caracteres principais pelos três índices, conclui-se que: para o caráter PRO, resultados mais satisfatórios foram obtidos pelo uso do índice MM (19,14%), seguido pelos índices SH (18,96%) e PB (-2,10%); para o caráter PTN, os resultados mais satisfatórios foram obtidos com o índice PB (1,29%), seguido pelos índices SH (0,7%) e MM (-0,31%); para o caráter OLEO, os resultados mais satisfatórios foram obtidos com o índice MM (2,34%), seguido pelos índices PB (1,66%) e SH (-0,81%).

A avaliação das médias das progênies selecionadas na Tabela 7, de acordo com os ganhos percentuais preditos mostrados na Tabela 6, mostra uma nítida superioridade da seleção direta para o caráter PRO e dos índices SH e MM sobre os demais critérios de seleção. Considerando as vinte progênies selecionadas pela SD (PRO) e pelos índices SH e MM observa-se que quinze delas (50, 88, 96, 140, 151, 164, 167, 168, 174, 179, 181, 194, 200, 201, 203) são coincidentes para os três métodos de seleção, o que significa 75% de similaridade na de seleção pelos três métodos. Por estes resultados, pode-se notar que, além de valores próximos para ganhos preditos pelos três métodos, os genótipos selecionados como superiores na maior parte dos casos são coincidentes.

TABELA 6 – Ganhos percentuais em onze características avaliadas em famílias F₃ de soja por meio de seleção baseada em índices de Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD)

Índice	Ganho de seleção %											
	NDF	NDM	APM	APV	NNM	NVP	PRO	PCS	NSP	PTN	OLEO	Total
SH	0,55	0,7	1,5	-3,69	3,79	12,18	18,96	3,42	10,26	0,7	0,81	49,18
MM	0,73	0,88	1,10	-3,91	4,16	12,26	19,14	3,56	10,55	-0,31	2,34	50,5
PB	-0,4	0,59	-3,11	-2,23	-0,29	1,21	-2,1	0,00	0,14	1,29	1,66	-3,24
SD(PRO)	0,76	0,89	1,54	-3,74	4,07	12,89	19,58	4,07	10,37	-0,03	1,53	51,93
SD(PTN)	-0,15	-0,23	-1,51	-1,37	-0,39	-0,11	-1,41	-2,48	-0,21	3,84	-4,24	-8,26
SD(OLEO)	0,13	0,58	1,52	-0,26	2,85	1,76	4,22	2,34	2,02	-3,38	5,26	17,04

Valor genotípico para as característica principais pelo índice SH; peso de sementes por planta (PRO) **(1)**; conteúdo de proteínas (PTN) **(7)**; conteúdo de OLEO (OLEO) **(1)**. Valor genotípico para as característica principais pelo índice MM; peso de sementes por planta PRO **CVg (13,83)**; conteúdo de proteínas PTN **CVg (3,02)**; conteúdo de OLEO OLEO **CVg (3,47)**. Valor do ganho desejado para as característica principais pelo índice PB foi igual ao desvio padrão genético; peso de sementes por planta PRO **(28,47)**, conteúdo de proteínas PTN **(1,37)**, conteúdo de OLEO OLEO **(0,71)**.

TABELA 7 – Famílias selecionadas e valores de médias entre estas famílias para os caracteres principais, pelos índices Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD)

Seleção	Famílias Selecionadas	X_s (PRO)	X_s (PTN)	X_s (OLEO)
SH	15, 50, 88, 96, 108, 126, 140, 151, 153, 164, 167, 168, 174, 179, 181, 194, 200, 201, 203, 206	262,29	41,83	20,04
MM	50, 88, 96, 108, 140, 151, 164, 166, 167, 168, 170, 174, 176, 179, 180, 181, 194, 200, 201, 203	262,93	41,16	20,46
PB	4, 58, 84, 95, 99, 108, 114, 148, 167, 172, 173, 177, 178, 185, 189, 196, 197, 198, 202, 203	188,18	42,07	20,24
SD(PRO)	15, 50, 88, 96, 126, 140, 151, 164, 166, 167, 168, 170, 174, 176, 179, 181, 194, 200, 201, 203	264,44	41,34	20,24
SD(PTN)	15, 20, 23, 42, 54, 59, 63, 84, 92, 93, 105, 112, 114, 124, 145, 148, 189, 196, 206, 207	191,55	43,91	18,64
SD(OLEO)	5, 11, 31, 68, 107, 115, 117, 146, 158, 166, 167, 173, 174, 178, 180, 182, 184, 185, 186, 204	211,09	39,12	21,27
Médias dos Caracteres na População Total		X ₀ (PRO) = 196,43	X ₀ (PTN) = 41,36	X ₀ (OLEO) = 19,81

X₀ - média da população; X_s – média dos indivíduos selecionados. Peso total de sementes por planta (PRO); conteúdo percentual de proteína no grão (PTN); conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO)

Análise de trilha para a avaliação das correlações entre características auxiliares e as características principais

A obtenção de genótipos mais produtivos e que apresentem elevados conteúdos de óleo e proteína no grão estão entre os objetivos dos programas de melhoramento da soja em desenvolvimento no Brasil. A manifestação de tais caracteres é resultante da expressão e associação de diferentes componentes. Desta forma, o conhecimento do grau dessa associação, por meio de estudos de correlações, possibilita identificar caracteres que possam ser usados como critérios de seleção indireta.

A interpretação da magnitude de uma correlação simples pode, contudo, resultar em equívocos na estratégia de seleção quando uma correlação alta entre dois caracteres for consequência do efeito indireto de outros caracteres (DEWEY e LU, 1959). Com o intuito de entender melhor as causas envolvidas nas associações entre caracteres, WRIGHT, (1921) propôs um método denominado análise de trilha (*“path analysis”*), que desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre um caráter básico.

O desdobramento das correlações genotípicas em efeitos indiretos e diretos, das variáveis primárias NDF, NDM, APM, APV e NNM, sobre as características principais, PRO, PTN e OLEO estão apresentados na Tabela 8.

Com relação à característica PRO, a maior estimativa de correlação total foi observada para a característica NDM (0,71), sendo que a maior parte deste valor (0,51) foi devida ao efeito direto de NDM. Para a característica PTN, os efeitos totais de correlação para todas as características primárias apresentaram valores negativos. Entretanto, o caráter APM forneceu valores positivos, para efeitos diretos (0,16) sobre PTN, indicando a possibilidade de ganhos positivos para conteúdos percentuais de proteína no grão com seleção praticada sobre APM. Para o caráter OLEO, todos os efeitos totais de correlação com as características auxiliares apresentaram valores positivos, sendo o de magnitude superior observado para NDM (0,43). Observa-se, também, que as variáveis correlacionadas positivamente com o caráter OLEO estão correlacionadas negativamente com o caráter PTN. Estes resultados estão de acordo com a observação de correlação negativa entre os conteúdos de proteína e OLEO no grão da

soja encontrado no trabalhos de diversos autores entre eles (SHANNON et al. 1972; WILCOX et al. 1995; FEHR et al. 1978).

Apenas para a característica PRO, o valor de R^2 (71%) foi superior ao efeito residual (53%), o que indica que boa parte da determinação genotípica pode ser explicada por efeitos indiretos das características auxiliares estudadas. Os valores de R^2 de 36% e 23% para as características PTN e OLEO, respectivamente, são baixos e indicam que as características auxiliares utilizadas são insatisfatórias para explicar a variação genética destas características principais.

TABELA 8 – Efeitos diretos e indiretos dos caracteres NDF, NDM, APM, APV e NNM sobre os caracteres PRO, PTN e OLEO considerados como principais em progênies F₃ de soja

Descrição dos efeitos Diretos e Indiretos		Caracteres principais		
		PRO	PTN	OLEO
Efeito direto	NDF	0,11	-0,262	-0,31
Efeito indireto via	NDM	0,38	-0,243	0,459
	APM	0,22	0,1119	0,043
	APV	-0,10	-0,083	0,068
	NNM	-0,03	-0,006	0,052
Total		0,57	-0,48	0,30
Efeito direto	NDM	0,51	-0,328	0,620
Efeito indireto via	NDF	0,08	-0,194	-0,23
	APM	0,13	0,0662	0,025
	APV	0,01	0,0151	-0,01
	NNM	-0,03	-0,005	0,041
Total		0,71	-0,44	0,43
Efeito direto	APM	0,33	0,1658	0,0640
Efeito indireto via	NDF	0,07	-0,177	-0,215
	NDM	0,20	-0,131	0,2480
	APV	-0,007	-0,006	0,0049
	NNM	-0,06	-0,011	0,0874
Total		0,54	-0,16	0,18
Efeito direto	APV	-0,39	-0,32	0,264
Efeito indireto via	NDF	0,02	-0,06	-0,08
	NDM	-0,02	0,015	-0,02
	APM	0,006	0,003	0,001
	NNM	0,02	0,004	-0,03
Total		-0,36	-0,36	0,11
Efeito direto	NNM	-0,08	-0,014	0,115
Efeito indireto via	NDF	0,05	-0,119	-0,14
	NDM	0,18	-0,118	0,224
	APM	0,25	0,1253	0,048
	APV	0,11	0,0934	-0,07
Total		0,51	-0,03	0,16
Coeficiente de determinação		0,716	0,36	0,23
Efeito residual		0,53	0,79	0,87

Número de dias para florescimento (NDF); número de dias para maturação (NDM); altura da planta na maturação (APM); altura da primeira vagem (APV); número de nós na maturação (NNM);

3. CONCLUSÕES GERAIS

3.1. Capítulo 1

a) O valor observado da estimativa de herdabilidade, no sentido restrito, para a característica conteúdo protéico do grão, calculada pela regressão pai/filho segundo Smith e Kinman foi de 43,40%. Além deste fato, a observação de significância no quadrado médio das famílias F_3 é indicativo da existência de variabilidade genotípica indicando a possibilidade de seleção de genótipos superiores para alto conteúdo de proteína.

b) Foi observado deslocamento positivo nas médias da característica conteúdo protéico do grão da geração F_3 em relação a geração F_2 , indicando o potencial da população para o desenvolvimento de linhagens promissoras com maior conteúdo de proteína no grão.

c) Por meio da estimativa de simetria foi possível constatar a presença de efeito de dominância e influencia ambiental na manifestação do fenótipo para a característica conteúdo protéico no grão nas plantas da geração F_3

3.2. Capítulo 2

a) Os maiores coeficientes de herdabilidade foram verificados para os caracteres NDM, NNM, PCS, PTN e OLEO, o que indica que o processo seletivo com base em tais características poderá ser realizado com grande eficiência.

b) Foi observado pelo teste F a 1% a existência de variância genética significativa para todas as onze características avaliadas nas famílias F_3 , sendo este fato, indicativo de variabilidade genética na população para as características avaliadas.

c) As correlações genotípicas entre a maioria das características avaliadas foram superiores às fenotípicas, sendo que não foi observado nenhum caso de inversão de sinal entre os valores das correlações.

d) Adotando-se os caracteres PRO, PTN e OLEO como os principais focos de melhoramento no presente trabalho, pode-se observar que As maiores correlações genéticas com PRO foram encontradas para as características NDM (0,74) e NVP (0,80) indicando que os dois caracteres poderão ser úteis no processo de seleção de genótipos superiores quanto à produtividade.

e) Para a característica conteúdo de proteína do grão (PTN), todas as correlações com as demais características apresentaram valores negativos, indicando que a seleção direta de famílias com altos valores fenotípicos para estes caracteres corresponderiam a famílias com baixo potencial genético para a elevação no conteúdo de proteína da semente.

f) O maior valor de correlação para OLEO (0,37) foi observado para a característica NDM. Ao contrário, considerando as correlações entre todas as características, o maior valor de sinal negativo foi observado entre as características OLEO e PTN.

3.3. Capítulo 3

a) Os maiores valores de ganhos percentuais preditos foram observados pela seleção direta para cada característica.

b) Comparando os valores de ganhos totais percentuais por meio de seleção baseada em índices de Smith e Hazel (SH), Mulamba e Mock (MM), Pesek e Baker (PB) e seleção Direta (SD) para (PRO), (PTN) e (OLEO) foi observado que os maiores valores foram obtidos pela seleção direta para o caráter peso total de sementes por planta (PRO) (51,93%), seguida pelos índices MM (50,5%) (SH (49,18%), seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de OLEO no grão (OLEO) (17,4%), índice PB (-3,24) e

apresentando os menores valores de ganhos totais, seleção direta sobre o caráter conteúdo percentual de proteína no grão (PTN) (-8,26%).

c) Das vinte progênies selecionadas pela SD (PR), índice MM e índice SH, quinze delas (50, 88, 96, 140, 151, 164, 167, 168, 174, 179, 181, 194, 200, 201, 203) são coincidentes para os três métodos de seleção, o que significa 75% de similaridade na de seleção pelos três métodos.

d) Pelo desdobramento das correlações genotípicas em efeitos indiretos e diretos, das variáveis primárias NDF, NDM, APM, APV e NNM, sobre as características principais, PRO, PTN e OLEO foi possível observar que para a característica PRO, a maior estimativa de correlação total foi observada para a variável NDM (0,71), sendo que a maior parte deste valor (0,51) foi devida ao efeito direto de NDM.

e) Para a característica PTN, os efeitos totais de correlação para todas as características primárias apresentaram valores negativos. Entretanto, o caráter APM forneceu valores positivos, para efeitos diretos (0,16) sobre PTN, indicando a possibilidade de ganhos positivos para conteúdos percentuais de proteína no grão com seleção praticada sobre APM.

f) Para o caráter OLEO, todos os efeitos totais de correlação com as características auxiliares apresentaram valores positivos, sendo o de magnitude superior observado para NDM (0,43).

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within Brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Revista Brasileira de Genética**, v.18, n.2, p.265-273, 1995.
- ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: John Wiley, 485p. 1971.
- ALMEIDA, L.A.; KASTER, M.; KIIL, R.A.S. Caracterização das cultivares de soja recomendadas no Brasil, para o ano agrícola de 1991/02. Londrina: EMBRAPA – Soja, 5p. 1991.
- ANAND, S.C.; TORRIE, J.H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F₃ and F₄ generations of three soybean crosses. **Crop Science**, v.3, n.6, p.508-511, 1963.
- ASSOCIATION OF OFFICIAL ANALYTICAL CHEMISTS - **Official methods of analysis**. Washington: AOAC, 1094p. 1975.
- 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**, v.57, p.227-239, 1998.
- 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**, v.3, p.107-116, 2003.
- BARBOSA, M.H.P.; PINTO, C.A.B.P. Eficiência de índices de seleção na identificação de clones superiores de batata. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.33, p.149-156, 1998.
- BONATO, E.R. **Herança do tempo para o florescimento e para a maturidade em variantes de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Piracicaba SP: ESALQ, 1989. 166p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1989.
- BRIM, C.A.; CALDWELL, B.E. Quantitative genetics and breeding in soybeans. Improvement, production, and uses. **American Society of Agronomy**, Inc. Publishers, Inc., Madison, p.155–186, 1973.
- BURTON, J.W. Breeding soybeans for improved protein quantity and quality. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 3, Ames. **Proceedings**. Boulder : Westview, p.361-367, 1984.
- CAMPOS, L.A.C. **Estudo da heterose, da herdabilidade e de correlações de algumas características agrônômicas em cruzamentos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**.

- Viçosa MG: UFV, 1979. 76p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 1979.
- CERVIGNI, G. D. L. **Análise agronômica da resistência às raças 3 e 9 do nematóide de cisto e avaliação da variabilidade genética de caracteres agronômicos em soja.** Viçosa MG: UFV, 2003. 82p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, 2003.
- COBER, E.R., VOLDENG, H.D., Developing high protein, high-yield soybean populations and lines. **Crop Science**, v.40, n.1, p.39-42, 2000.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Estimativa da produção de grãos** – safra 2005/06. Disponível em: <www.conab.gov.br/safras.asp> Acesso em: 10 de novembro, 2006.
- COSTA, J.A. **Cultura da soja.** Porto Alegre: Costa, 233p. 1996.
- CRUZ, C.D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas.** Piracicaba SP: ESALQ, 1990. 188p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 1990.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético.** Viçosa MG: Editora UFV, 390p. 1997.
- CRUZ, C.D. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística.** Viçosa MG: Editora UFV, 648p. 2001.
- DEWEY, D.R.; LU, K.H. A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. **Agronomy Journal**, v.51, n.9, p.515-518, 1959.
- DUDLEY, J.W., MOLL, R.H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetics variances in plant breeding. **Crop Science**, v.9, n.3, p.257-262, 1969.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA. **Tecnologias de Produção de Soja Região Central Do Brasil 2005.** Londrina: EMBRAPA Soja, 242 p. 2005.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUARIA. **Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil 2006.** Londrina: EMBRAPA Soja, 237 p. 2006.
- ERICKSON, L.R., VOLDENG, H.D., BEVERSDORF, W.D. Early generation selection for protein in *Glycine max* X *Glycine soja* crosses. **Canadian. Journal of Plant Science**, v.61, p.901-908, 1981.

- FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa MG: Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva, 279p 1987.
- 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 OLEO, produtividade de grãos e OLEO em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v.25, p.812-820, 2001.
- FEHR, W.R.; WEBER, C.R. Mass selection by seed size and specific gravity in soybean populations. **Crop Science**, v.8, p.551-554, 1978.
- FOSTER, G. **Financial Statement Analysis**. New Jersey: Prentice-Hall, 625p. 1986.
- FREY, K.J.; HORNER, T. Heritability in standard units. **Agronomy Journal**, v. 49, n. 2, p.59-62, 1957.
- GARCIA, A.A.F.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Comparação de índices de seleção não paramétricos para a seleção de cultivares. **Bragantia**, v.58, p.253-267, 1999.
- GASTAL, M.F.C.; VERNETTI, F.J. Correlação da produção com características morfológicas em soja. Londrina: EMBRAPA-Soja, 365-376p. 1979.
- GILIOLI, J.L.; SEDIYAMA, T.; SILVA, J.C.; THIEBAUT, J.T.L.; REIS, M.S. Estimativas de herdabilidade e de correlações fenotípicas para alguns caracteres, em quatro mutantes naturais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.15, n.4, p.379-384, 1980.
- 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, p.1001-1008, 2002.
- HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University, 468p. 1981.
- HANSON, W.D.; WEBER, C.R. Analysis of genetic variability from generations of a plant-progeny lines in soybeans. **Crop Science**, v.2, n.3, p.633-667, 1962.
- HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.
- HELMS, T.C., ORF, J.H. **Protein, oil and yield of soybean lines selected for increased protein**. **Crop Science**, v.38, p.707-711, 1998.
- INSTITUTO ADOLFO LUTZ. Normas analíticas do Instituto Adolfo Lutz, Métodos químicos e físicos para análise de alimentos. **São Paulo**, v.1, p.533, 1985.
- JOHNSON, H.W.; BERNARD, R.L. Soybean genetics and breeding. **The Soybean. Academy Press, New York**, v.34, p.1-73, 1963.

- JOHNSON, H.W., ROBINSON, H.F., COMSTOCK, R.E. **Genotypic and phenotypic correlations in soybean and their implications in selection.** *Agronomy Journal*, v.47, p.477-483, 1955.
- KAW, R.N.; MENON, P.M. Association between yield and components in soybean. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.32, p.276-280, 1972.
- KIIHL, R.A.; GARCIA, A. The use of the long juvenile trait in breeding cultivars. **Conferencia Mundial de Investiganci en soja 4, Buenos Aires**, v.2, p.994-1000, 1989.
- KWON, S.H., TORRIE, J.H. **Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations.** *Crop Science*. v.12, n.2, p.196-198, 1964.
- LUSH, J.L. **Melhoramento dos animais domésticos.** Rio de Janeiro: Cedegra, 566p. 1964.
- LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits.** Sunderland: Sinauer, 980p. 1998.
- MAHMUD, I.; KRAMER, H.H. Segregation for yield, height, and maturity following a soybean cross. **Agronomy Journal**, v.43 n.12, p.605-609, 1951.
- MALLMANN, I.L.; BARBOSA NETO, J.F.; CARVALHO, F.I.F.; FEDERIZZI, L.C. Mecanismos de seleção aplicados sobre o caráter tamanho de grãos em populações segregantes de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira Brasília**, v.29, n.3, p.427-437, 1994.
- MARTINS, I.S. **Comparação entre métodos uni e multivariados aplicados na seleção em *Eucalyptus grandis*.** Viçosa MG: UFV, 1999. 94p Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- MELO FILHO, O.L. **Caracterização de populações de soja de alto conteúdo de proteína quanto à produtividade e à qualidade fisiológica das sementes.** Viçosa MG: UFV, 2002. 68p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2002.
- MIRANDA, G.V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares elite de soja como progenitores.** Viçosa MG: UFV, 1998. 117p. Dissertação (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- MORO, G.L.; REIS, M.S.; SEDIYAMA, C.S.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, A.B. Correlações entre alguns caracteres agrônômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, v.39, n.223, p.225-232, 1990.

- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-57, 1978.
- NAOE, L.K. **Parâmetros genéticos estimados em populações segregantes de cruzamentos entre progenitores divergentes**. Viçosa MG: UFV, 1999. 63p.Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1999.
- NAOE, L.K. **Seleção para alto conteúdo protéico em sementes de soja em populações de retrocruzamentos**. Viçosa MG: UFV, 2004. 65p.Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2004.
- 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**, v.22, p.243-247, 1999.
- PATERNIANI, E.; CAMPOS, M.S. **Melhoramento do milho. In. Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa. Editora UFV, p.429-485. 1999.
- PAULA, R.C.; PIRES, I.E.; BORGES, R.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, p.159-165, 2002.
- PESEK, J.; BAKER, R.J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Science**, v.49, p.803-804, 1969.
- PIOVESAN, N.D. **Aplicação de cruzamentos dialélicos no melhoramento genético do conteúdo protéico em soja**. Viçosa MG: UFV, 2000. 84p.Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 2000.
- RAMALHO, M.A.P.; VENCOVSKY, R. Estimação dos componentes da variância genética em plantas autógamas. **Ciência e Prática**, v.2, n.2, p.117-140, 1978.
- RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora UFG, 574p. 1993.
- REIS E.F.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T.; Comparação de procedimentos de seleção para produção de grão em soja. **Ciência Rural**, v.34, p.685-692, 2004.
- RODRÍGUEZ, 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**, v.33, p.685-691, 1998.
- SANTOS, C.A.F. **Análise de trilha e estimativas de parâmetros genéticos em progênies F₆ de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Viçosa MG:

- UFV, 1994. 71p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1994.
- SEDIYAMA, T.; **Melhoramento de soja. In Melhoramento de espécies cultivadas.** Viçosa. Editora UFV, p.342-428. 1999.
- SHANNON, J.G.; WILCOX, J.R.; PROBST, A.M. Estimated gains from selection for protein and yield in the F₄ generation of six soybean populations. **Crop Science**, v.12, p.824-826, 1972.
- SILVA, M. A. **Melhoramento animal (Métodos de Seleção).** Viçosa: UFV; Imprensa Universitária, 51p. 1982.
- SIMPSON, A.M.; WILCOX, J.R. Genetic and phenotypic associations of agronomic characteristics in four high protein soybean population. **Crop Science**, v.23, n.6, p. 1077-1081, 1983.
- SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v.7, p.240-250, 1936.
- SMITH, J.D.; KINMAN, M.L. The use of parent-offspring regression as an estimate of heritability. **Crop Science**, v.5, n.3 p. 595-596, 1965.
- SOUZA, F.F. **Avaliação de métodos de ajuste de rendimento e estratégias de seleção no melhoramento de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)** Viçosa MG: UFV, 1998. 61p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, 1998.
- THORNE, J.C.; FEHR, W.R. Incorporation of high-protein, exotic germplasm into soybean populations by 2- and 3-way crosses. **Crop Science**, v.10, p.652-655, 1970.
- WARNER, J.N. A method for estimating heritability. **Agronomy Journal**, v.7, p.427-430, 1952
- WILCOX, J.R.; CAVINS, J.F. Backcrossing higher seed protein to a soybean cultivar. **Crop Science**, v.35 p.1036-1041, 1995.
- WILLIAMS, J.S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.
- WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, v.20, p.557-585, 1921.