



## Ganho de seleção em soja para número de vagens

Athos Gabriel Gonçalves Nascimento<sup>1</sup> (athosgabriel@live.com); Flaviani Gabriela Pierdoná<sup>1</sup>; Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>2</sup>; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki<sup>3</sup>; Cristiane Divina Lemes Hamawaki<sup>1</sup>; Bianca Duarte Oliveira<sup>1</sup>; Luís Gustavo Nascimento Guerra<sup>1</sup>; Arthur Rodrigues de Souza<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais; <sup>2</sup> Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais; <sup>3</sup> Esalq/USP, Piracicaba, São Paulo

**RESUMO:** Os programas de melhoramento compõem um importante fator que contribui para o incremento na produção de soja brasileira. O melhoramento é um processo que envolve três etapas importantes para o sucesso da seleção de genótipos superiores: a criação da variabilidade genética; análise da população segregante e seleção dos melhores recombinantes; e os testes e seleção em gerações avançadas de linhagens até o lançamento da futura cultivar. Com isso, o objetivo do presente trabalho foi avaliar parâmetros genéticos e ganhos de seleção em uma população F<sub>2</sub> de soja e selecionar indivíduos superiores para o número de vagens. A pesquisa foi realizada em casa de vegetação e campo na área do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, no município de Uberlândia – MG. A população segregante foi obtida a partir de cruzamentos biparentais entre as cultivares Emgopa-316 e UFUS 6901. As sementes F<sub>2</sub> e dos parentais foram semeadas, em campo, adotando semeadura em covas, com 50 cm entre linhas e 30 cm entre plantas. Foram avaliados o número de vagens com 1, 2 e 3 grãos além do número total de vagens. Foram estimadas as variâncias fenotípicas, ambientais e genotípicas, a herdabilidade no sentido amplo e o número de genes envolvidos para cada caráter. A análise da população possibilitou a estimativa dos parâmetros genéticos e indicaram a existência de variabilidade genética. As estimativas de herdabilidade em sentido amplo oscilaram de 23,88% a 65,72% respectivamente para o número de vagens de três e dois grãos. O cruzamento entre Emgopa-316 e UFUS 6901 resultou em população segregante com variabilidade genética para a seleção de genótipos, com ganhos de seleção de 20,65% para número de vagens com três grãos e a 42,54%, para número de vagens com dois grãos.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; melhoramento genético; número de grãos por vagem.

## INTRODUÇÃO



A produtividade de grãos da soja brasileira tenha aumentado mais de 200% desde as primeiras cultivares produzidas na década de 1960, sendo este progresso atribuído ao conjunto de tecnologias de produção e desenvolvimento de novas cultivares que têm sido oferecidas aos produtores de soja (CATTELAN; DALL'AGNOL, 2018).

Os programas de melhoramento genético da soja têm amplo papel nesse incremento de produção, pelo desenvolvimento de cultivares mais produtivas com ampla adaptação e estabilidade (SPEHAR et al., 2014).

Os objetivos de um programa de melhoramento no desenvolvimento de uma nova cultivar são o aumento da produtividade de grãos aliado à melhoria de caracteres de interesse agrônômico. Entre esses, destacam-se aqueles relacionados à arquitetura de plantas e os componentes de produção por refletirem na maior produção de grãos por planta (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

A partir do exposto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar parâmetros genéticos e ganhos de seleção em uma população F2 de soja e selecionar indivíduos superiores para o número de vagens.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

A pesquisa foi realizada em casa de vegetação e campo, na área experimental do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Localizada na fazenda Capim Branco, em Uberlândia – MG. Foram selecionadas para este estudo duas cultivares Emgopa-316 e UFUS 6901 que deram origem a população segregante a partir de cruzamentos biparentais.

O bloco de cruzamento de genitores foi realizado em casa de vegetação. Adotou-se semeadura escalonada de três em três dias, visando favorecer uma ampla janela de florescimento. As sementes dos genitores foram semeadas em vasos de 3 L, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Foram dispostas quatro sementes por vaso e quando as plantas se encontravam em estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977) foi realizado um desbaste, mantendo apenas duas plantas.

As hibridações foram realizadas durante os períodos de 9 às 11 horas e 13 às 16 horas entre os meses de fevereiro a abril de 2017. Com o auxílio de uma pinça foram retiradas as sépalas dos botões florais dos genitores maternos, que foram emasculados e receberam o pólen da flor doadora do genitor paterno. Cada cruzamento foi identificado com uma etiqueta, cujas vagens resultantes foram colhidas para obtenção das sementes F1.

As sementes da geração F2 e dos parentais foram semeadas em campo. Foram dispostas na linha de semeadura, 30 sementes de cada genitor, 367 sementes F2 da população. Cada indivíduo F2 e/ou semente de parentais foram semeados, no dia 21 de



fevereiro de 2018, em covas com distância de 50 cm entre linhas e 30 cm entre plantas. Previamente a semeadura as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*.

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

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A produção de grãos é o principal objetivo dos programas de melhoramento. Alguns caracteres analisados têm suma importância no resultado final da produtividade e por isso conhecer seus padrões de herança genética favorecem estratégias de seleção. Entre esses caracteres destaca-se o número de vagens, que é um dos componentes de produção.

A variância fenotípica, variou entre 44,01 e 1099,83 para NV1G e NTV, respectivamente (Tabela 1). Enquanto a variância genética oscilou de 91,59 a 625,38 para os mesmos caracteres, e indicou condição favorável à prática do melhoramento e seleção de indivíduos superiores.

Tabela 1. Variâncias, herdabilidade e número de genes para número de vagens em população segregante de soja.

Parâmetros	NV1G	NV2G	NV3G	NTV
$\hat{\sigma}_G^2$	91,59	146,96	37,12	625,38
$\hat{\sigma}_F^2$	44,01	223,58	155,42	1099,83
$h_a^2$	48,05	65,72	23,88	56,86
Nº Genes	7,1	13,72	13,79	11,51
Ganho seleção (%)	34,77	42,54	20,65	34,26
Média predita após 1 ciclo seleção	21,98	38,76	21,95	88,21

NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com dois grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens.  $\hat{\sigma}_G^2$ : variância genética;  $\hat{\sigma}_F^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_E^2$ : variância ambiental; Nº genes: número de genes.

$h_a^2$ : herdabilidade sentido amplo.

A herdabilidade oscilou de 23,88% para número de vagens de 3 grãos, a 65,72% para o número de vagens de dois grãos. Analisando parâmetros genéticos de uma população F2 oriunda de UFUS 6901 e BR/MG Conquista, Teixeira et al. (2017) encontraram estimativa de herdabilidade de 60,20% para o número total de vagens, assemelhando-se à estimativa observado nesta pesquisa.



O número de genes variou de 7,1 a 13,79 respectivamente para os caracteres número de vagens de um e três grãos (Tabela 1), evidenciando a natureza quantitativa destes caracteres.

O ganho de seleção variou de 20,65% a 42,54% respectivamente para número de vagens de três grãos e número de vagens de dois grãos (Tabela 1).

## CONCLUSÕES

A herdabilidade em sentido amplo para o número de vagens em soja é de magnitude baixa a mediana; O número de genes para número de vagens oscila entre sete e onze; O ganho de seleção para o número de vagens total foi de 34,26% permitindo estimar média predita de 88 vagens por planta.

## AGRADECIMENTOS

À Fapemig, CAPES e CNPq.

## REFERÊNCIAS

CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, [s.l.], v. 5, n. 1, D102, 2018.

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

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BOREM, A. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015, 333 p.

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in response to sowing date in the lower latitude Brazilian Savannah Highlands. **The Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 153, n. 6, p. 1059-1068, 2014.

TEIXEIRA, F. G., HAMAWAKI, O. T., NOGUEIRA, A. P. O., HAMAWAKI, R. L., JORGE, G. L., HAMAWAKI, C. L. D., SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017.