

Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto

Antonio Ayrton Morceli Junior¹
Antonio Orlando Di Mauro¹
Sandra Helena Unêda-Trevisoli²
Franco Romero Silva Muniz¹
Marcelo Marchi Costa¹
Thaiza Galhardo Silva Morceli¹

RESUMO

Em estudos de gerações precoces, as estimativas de parâmetros genéticos são de suma importância para que se possa direcionar o programa de melhoramento em relação ao processo de seleção dos genótipos mais promissores. Sendo assim, o presente trabalho teve como objetivo estimar os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito entre e dentro de famílias de progênies de soja. As famílias são oriundas de populações F_3 , com fonte de resistência ao nematóide de cisto (raça 3), sendo os genótipos resistentes detectados por análise molecular com o marcador microssatélite Sat_162. O experimento foi conduzido no esquema de famílias com testemunhas intercalares, sendo avaliados os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIV), número de nós (NN), número de vagens por planta (NVP), número de sementes por planta (NSP), produção de grãos (PG) e valor agrônômico (VA). Foram encontradas diferenças altamente significativas entre as famílias. De maneira geral, os coeficientes de herdabilidade foram maiores na seleção entre famílias que na dentro de famílias, indicando seleção mais efetiva nessa situação.

Palavras chave: *Heterodera glycines*, herdabilidade, *Glycine max*.

ABSTRACT

Genetic analysis in soybean crosses with resistance source to the cyst nematode

In studies of early generations, the estimation of genetic parameters is highly important to direct the breeding program in the selection of the most promising genotypes. Thus, the aim of this work was to estimate the heritabilities in broad sense, narrow sense among and within families. The soybean populations evaluated were in F_3 generation carrying resistance to cyst nematode (race 3). The resistant genotypes were selected through molecular analysis by the microsatellite marker Sat_162. The experiment was conducted using the family design with intercalated checks including the agronomic characters: plant height at maturity (APM), height of first pod insertion (AIV), number of nodes (NN), number of pods per plant (NVP), number of seeds per plant (NSP), grain production (PG) and agronomic value (VA). We found highly significant differences among families. The heritability coefficients were highest for selections among families than selection within families, indicating effective selection in this situation.

Key words: *Heterodera glycines*, heritability, *Glycine max*.

¹ UNESP/Jaboticabal. Departamento de Produção Vegetal. Via de Acesso Prof. Paulo Donato Castellane, s/n, CEP 14884-900, Jaboticabal, SP. Email: morceli@fcav.unesp.br

² APTA Regional Centro Leste. Av. Bandeirantes, 2419, CEP 14001-970, Ribeirão Preto, SP.

INTRODUÇÃO

O crescimento da produção e o aumento da capacidade competitiva da soja brasileira sempre estiveram associados aos avanços científicos e à disponibilização de tecnologias para o setor produtivo.

As doenças constituem um dos principais fatores limitantes do rendimento e da qualidade da produção e, também, são os fatores que exigem maior conhecimento técnico para o seu controle. A estratégia mais eficaz e econômica de controle de doenças é o uso de cultivares resistentes. Sabe-se que as fontes de resistência podem ser efêmeras, pela habilidade do patógeno em desenvolver novas raças ou biotipos, a cada vez que sofre pressão de seleção com um novo gene de resistência na cultura. Esses casos exigem monitoramento contínuo do quadro de raças e desenvolvimento de novas cultivares (Nass *et al.*, 2001). De maneira geral, as perdas causadas por doenças anualmente estão em torno de 15 a 20%, entretanto, algumas doenças podem causar perdas de até 100% (Embrapa, 2005).

O nematóide do cisto da soja (*Heterodera glycines* Ichinohe) constitui-se em um dos principais problemas da cultura da soja, pelos prejuízos que pode causar aliado à facilidade de disseminação. No Brasil, desde a sua constatação na safra 1991/92 (Lima *et al.*, 1992; Lordello *et al.*, 1992; Monteiro & Moraes, 1992) este nematóide vem se expandindo muito rapidamente por todo o território.

A fecundação cruzada deste patógeno é a razão da sua elevada variabilidade genética, determinando a existência de raças (Tihohod, 1993). No Brasil, a raça 3 é predominante, embora já tenham sido identificadas as raças 1, 2, 4, 5, 6, 9, 10 e 14 (Noel *et al.*, 1994; Wain & Silva, 1996), além das raças 4⁺ e 14⁺ capazes de quebrar a resistência do cultivar Hartwig, até então resistente a todas as raças (Embrapa, 1999).

As estratégias de controle incluem a rotação de culturas, o manejo do solo e a utilização de cultivares de soja resistentes, sendo o último o método mais econômico e eficiente (Embrapa, 2005). Atualmente estima-se que a área com o nematóide de cisto raça 3 seja superior a 2 milhões de hectares. Sendo assim, muitos melhoristas vêm se dedicando à obtenção de cultivares resistentes para as áreas infectadas.

A importância do conhecimento da variabilidade genética do germoplasma disponível em um programa de melhoramento e o quanto dessa variabilidade é devida à diferença genética ou ambiental são fundamentais, pois permite conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para a seleção (Ramalho *et al.*, 1996). De acordo com o mesmo autor, um dos parâmetros genéticos de maior utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade – h^2 . Isto porque ela permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada.

As dificuldades na obtenção de genótipos desejáveis devem-se a alguns fatores, entre eles podem-se citar: ao grande número de genótipos existentes e a dificuldade na detecção da expressão do fenótipo, que pode mascarar o

valor genotípico dos indivíduos (Destro & Montalván, 1999). Dessa maneira, a determinação das diferenças entre os indivíduos é de fundamental importância para a estimação dos ganhos genéticos e a escolha dos métodos de seleção a serem aplicados (Reis *et al.*, 2002b).

O objetivo do presente trabalho consiste em avaliar os parâmetros genéticos de herdabilidade e ganho genético em cinco populações de soja com fonte de resistência ao nematóide do cisto raça 3.

MATERIAL E MÉTODOS

Instalação e condução do experimento

O presente trabalho foi conduzido na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, UNESP, Câmpus de Jaboticabal, SP. Foram avaliadas 124 famílias de progênie F₃ oriundas de cinco cruzamentos biparentais (Tabela 1). O número de famílias por cruzamento é variável, uma vez que foi feita seleção dos melhores genótipos na geração F₂, a partir dos quais foram compostas as famílias F₃. Na geração F₂, ainda foram avaliadas e selecionadas as melhores plantas, que foram resistentes ao nematóide do cisto (raça 3), detectadas por análise molecular utilizando o marcador microssatélite Sat 162 (Mauro *et al.*, 2004).

A área experimental foi preparada seguindo a metodologia convencional, ou seja, uma aração profunda e duas gradagens, com o objetivo de eliminar torrões e ervas invasoras. O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados com testemunhas intercalares, em que cada parcela representou uma família e ou genótipo (cultivares Conquista e Msoy 8400). As parcelas constituíram-se de linhas de 5 m, espaçadas de 0,5 m entre linhas, contendo 20 a 25 plantas por metro linear (Mauro, 1984; Carnielli, 1989).

A adubação foi efetuada diretamente nos sulcos de plantio, previamente abertos e com 6-8 cm de profundidade, e a quantidade de adubo foi determinada por análises de solo. Todas as práticas culturais recomendadas para a cultura da soja foram observadas.

Após a semeadura manual, foi efetuada a aplicação de herbicidas, visando controle inicial de plantas invasoras, com capinas manuais periódicas. Sempre que necessário, foi efe-

Tabela 1. Genealogias dos cruzamentos contrastantes para reação de resistência ao nematóide do cisto (raça 3) e número de famílias (NF) correspondentes para cada cruzamento

Cruzamentos	Genealogia (R x S)*	NF
1	MGBR 95 20937 x IAC Foscarin 31	18
2	MGBR 95 20937 x IAC 17	27
3	BRSMG Renascença x IAC 17	36
4	Liderança x BRS 137	21
5	Liderança x MGBR 95 20937	22

* R = resistente e S = suscetível.

tuada pulverização com inseticida na dosagem comercial, objetivando o controle das principais pragas da soja.

Caracteres avaliados

- Altura da planta na maturidade (APM): caráter avaliado no estágio R_8 de desenvolvimento da planta, compreendendo a distância da haste principal entre o colo e a inserção da vagem mais distal, sendo expressa em cm.

- Altura de inserção da primeira vagem (AIV): distância medida em centímetros, na época da maturação R_8 desde a superfície do solo até a inserção da primeira vagem, sendo expressa em cm.

- Número de vagens por planta (NVP): contagem realizada após a colheita correspondendo ao número de vagens produzidas por cada planta.

- Número de sementes por planta (NSP): contagem do número de sementes produzidas por cada planta.

- Número de nós (NN): contagem do número de nós das plantas por ocasião da maturidade.

- Valor agrônomico (VA): caráter avaliado no estágio R_8 de desenvolvimento da planta, por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônomicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agrônomicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais adaptativos: arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade.

- Produtividade de grãos (PG): caráter obtido através do peso dos grãos da área útil da parcela, após a colheita, beneficiamento das plantas e posterior secagem dos grãos (até a umidade de 13%). Os dados obtidos em gramas por parcela foram transformados para quilogramas por hectare (kg/ha).

Análises Estatísticas

O modelo estatístico considerado para a realização das análises de variância de cada caráter para cada progenitor (testemunha) e para a geração segregante foi:

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

em que:

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

μ = média geral da geração (genitor ou família);

f_i = efeito genético atribuído à i-ésima família (inexistente para os genitores), com $i = 1, 2, \dots, F$;

e_i = efeito ambiental entre fileiras (de um genitor ou de famílias);

p_{ij} = efeito genético atribuído à j-ésima planta da i-ésima família (inexistente para os genitores), com $i = 1, 2, \dots, F$ e $j = 1, 2, \dots, P$; e

δ_{ij} : efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de um genitor ou de famílias).

Na Tabela 2 encontra-se o esquema de análise de variância para a população segregante ($Ft+1 = F_3$) e para os genitores 1 e 2.

Estimativas dos parâmetros genéticos

Herdabilidade

Sabe-se que três princípios podem definir, de forma geral, o conceito de herdabilidade: a) como medida de semelhança entre pai e filho; b) como porção genética no sentido amplo; e c) como porção genética no sentido restrito, ressaltando que a herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada (Jacquard, 1983).

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

Herdabilidade no sentido amplo:

$$\text{- Entre famílias: } h_{AE}^2 = \frac{\hat{\sigma}_{gc}^2}{\hat{\sigma}_{jc}^2}$$

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

Herdabilidade no sentido restrito:

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

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

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

Tabela 2. Esquema da análise de variância, em que f = número de famílias segregantes em $Ft + 1$, p_1 = número de repetições do genitor 1, p_2 = número de repetições do genitor 2, N = número total de plantas da geração segregante $Ft + 1$, N_1 = número total de plantas do genitor 1 e N_2 = número total de plantas do genitor 2.

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

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

Ganho esperado com a seleção

Para as estimativas do ganho esperado com a seleção foram utilizados os métodos de seleção direta e indireta, entre e dentro de famílias e seleção massal. A seleção direta objetiva ganhos diretos para o caráter em questão, a indireta tem por objetivo estimar os ganhos indiretos dos outros caracteres que não foram considerados na seleção direta.

Na seleção entre e dentro de famílias, os ganhos esperados com a seleção direta no caráter *i* podem ser estimados por:

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

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

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

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

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

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

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

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

h_{REj}^2 = herdabilidade restrita entre famílias para o caráter *j*;

$h_{RD_j}^2$ = herdabilidade restrita dentro de famílias para o caráter *j*; e

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

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

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

GS = ganho esperado pela seleção massal;

h_{RT}^2 = herdabilidade restrita total; e

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

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

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A altura da planta (APM) e a altura de inserção da primeira vagem (AIV) são caracteres de importância em relação à colheita mecanizada. A altura mínima desejável situa-se em torno de 50 a 60 cm, e as plantas muito acima de 100 cm tendem ao acamamento, dificultando a eficiência das colheitadeiras. Em relação à altura da inserção da primeira vagem, é desejável que esteja entre 10 e 12 cm (Sedyama, 1999).

A Tabela 3 apresenta as estimativas dos coeficientes de herdabilidade (h^2) no sentido amplo entre famílias (h_{AE}^2) e dentro de famílias (h_{AD}^2), no sentido restrito entre famílias (h_{RE}^2) e dentro de famílias (h_{RD}^2) e restrito total (h_{RT}^2) para os sete caracteres avaliados nos cinco cruzamentos. Foram obtidos alguns coeficientes de herdabilidade ne-

Tabela 3. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade (h^2) no sentido amplo entre famílias (h_{AE}^2) e dentro de famílias (h_{AD}^2), no sentido restrito entre famílias (h_{RE}^2) e dentro de famílias (h_{RD}^2) e restrita total (h_{RT}^2) para os sete caracteres avaliados nos cinco cruzamentos

Cruz.	Caracteres							
	h^2	APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
1	h_{AE}^2	0.90	0.12	0.58	0.96	0.91	0.96	0.70
	h_{AD}^2	0.86	0.89	0.49	0.95	0.97	0.96	0.70
	h_{RE}^2	—	—	0.51	—	0.18	0.21	0.13
	h_{RD}^2	—	—	0.33	—	0.06	0.06	0.04
	h_{RT}^2	—	—	0.43	—	0.11	0.12	0.07
2	h_{AE}^2	0.98	0.55	0.71	0.97	0.96	0.99	0.69
	h_{AD}^2	0.83	0.86	0.48	0.94	0.97	0.97	0.65
	h_{RE}^2	1.08	0.44	0.77	0.11	0.75	0.89	0.24
	h_{RD}^2	1.30	0.18	0.71	0.03	0.47	0.67	0.78
	h_{RT}^2	1.15	0.03	0.75	0.06	0.63	0.80	0.14
3	h_{AE}^2	0.95	0.28	0.46	0.98	0.95	0.98	0.71
	h_{AD}^2	0.66	0.79	0.32	0.95	0.97	0.97	0.56
	h_{RE}^2	0.99	—	0.45	0.59	0.53	0.82	0.51
	h_{RD}^2	0.82	—	0.30	0.26	0.23	0.53	0.22
	h_{RT}^2	0.93	—	0.38	0.41	0.37	0.69	0.35
4	h_{AE}^2	0.96	0.26	0.86	0.97	0.89	0.97	0.14
	h_{AD}^2	0.78	0.91	0.22	0.94	0.97	0.97	0.14
	h_{RE}^2	0.84	—	0.14	0.30	—	0.06	—
	h_{RD}^2	0.51	—	0.11	0.96	—	0.02	—
	h_{RT}^2	0.69	—	0.13	0.18	—	0.03	—
5	h_{AE}^2	0.94	0.14	0.40	0.96	0.92	0.97	0.14
	h_{AD}^2	0.73	0.73	0.36	0.94	0.97	0.96	0.24
	h_{RE}^2	0.82	—	—	—	0.25	0.54	—
	h_{RD}^2	0.46	—	—	—	0.82	0.23	—
	h_{RT}^2	0.65	—	—	—	0.15	0.37	—

*(%) Valores negativos.

gativos, a saber: no cruzamento 1 para APM, AIV e NVP, no cruzamento 3 para AIV, no cruzamento 4 para AIV, NN, NSP e VA e no cruzamento 5 para AIV e VA, indicando que a variância ambiental foi superestimada, provavelmente, por problemas relacionados com a incidência de ferrugem asiática da soja neste campo experimental, conforme sugerido por Azevedo (2000). De maneira geral, para NVP, NSP e PG foram obtidos os maiores coeficientes de herdabilidade, isso ocorre pela alta variância genotípica destas características devido à marcante superioridade de alguns indivíduos e de algumas famílias em relação à média populacional. (Costa, 2004).

De forma geral, observou-se ampla variação dos coeficientes de herdabilidade. A herdabilidade ampla entre famílias variou de 0,12 (AIV no cruzamento 1) a 0,99 (PG no cruzamento 2) concordando com os dados obtidos por Backes *et al.* (2002) para APM, NVP e PG. As estimativas para APM, NVP, NSP e PG assemelham-se àquelas de Reis *et al.* (2002a) para APM, AIV, NVP, NSP, PG e VA; a variação foi semelhante às encontradas por Costa (2004) para APM, AIV e PG. Resultados inferiores foram obtidos por Muniz (2002) para todos os caracteres avaliados.

A herdabilidade ampla dentro de famílias apresentou variação de 0,14 a 0,97 resultados que se assemelham aos de APM, NVP e PG obtidos por Backes *et al.* (2002). Por sua vez, os resultados obtidos para APM, AIV, NVP, NSP, PG e VA foram semelhantes aos de Costa (2004).

A herdabilidade restrita entre famílias variou de 0,06 (PG no cruzamento 4) a 1,08 (APM no cruzamento 2), cujos resultados assemelham-se aos obtidos por Costa (2004) para APM, AIV e VA, sendo ligeiramente superiores para NVP, NSP e PG, como nos resultados obtidos por Reis *et al.* (2002a).

A herdabilidade restrita dentro de famílias foi a que resultou na maior variação entre os cinco cruzamentos, apresentando valores desde 0,04 (VA no cruzamento 1) a 1,30 (APM no cruzamento 2). O mesmo ocorreu para APM, AIV, NN, NVP, NSP, PG e VA no trabalho de Costa (2004). Por sua vez, foram ligeiramente inferiores para NVP e PG, quando comparados aos resultados de Backes *et al.* (2002). Para APM, NVP, NSP e PG, esta variação também se assemelha à de Reis *et al.* (2002a), e para PG, valores semelhantes foram encontrados por Reis *et al.* (2002b).

Estimativas dos ganhos por seleção

As Tabelas 4 a 8 apresentam as estimativas dos ganhos esperados na seleção dos cinco cruzamentos avaliados para os sete caracteres em questão, pelos métodos de seleção direta e indireta, considerando as seleções entre e dentro de famílias e massal. De maneira geral, os maiores ganhos diretos foram observados para NVP, NSP e PG, fato já esperado, pois a seleção foi feita priorizando tais caracteres.

Considerando o caráter NVP, a seleção direta massal resultou em maiores ganhos nos cruzamentos 2 e 3, e para os outros cruzamentos a seleção entre e dentro de famílias mostrou-se superior. Para NSP, os ganhos com a seleção direta massal foram superiores em todos os cruzamentos, exceto para os cruzamentos 4 e 5, que obtiveram maiores ganhos com a seleção direta entre e dentro de famílias.

Tabela 4. Estimativas de ganhos por seleção (GS) para o cruzamento 1 (MGBR 95 20937 x IAC Foscarin 31) de soja

Caráter	Método	GS						
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
APM	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
AIV	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NN	ED	-2,32	-1,92	1,67	-2,29	-0,28	-0,06	0,01
	M	5,56	0,75	1,80	1,29	-3,64	-0,42	0,05
NVP	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NSP	ED	0,07	2,84	0,09	-8,78	5,46	0,50	0,05
	M	-0,26	-0,39	0,05	4,16	6,32	0,50	0,10
PG	ED	0,07	2,84	0,09	-8,78	5,46	0,50	0,05
	M	-0,35	-0,39	0,03	4,30	6,71	0,58	0,10
VA	ED	-0,56	4,42	-0,14	-8,79	2,95	0,25	0,09
	M	-	-	-	-	-	-	-

*(%) Valores negativos.

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

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

*APM = altura da planta; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NN = número de nós; NVP = número de vagens por planta; NSP = número de sementes por planta; PG = produção de grãos; e VA = valor agrônomico.

Tabela 5. Estimativas de ganhos por seleção (GS) para o cruzamento 2 (MGBR 95 20937 x IAC 17) de soja

Caráter	Método	GS						
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
APM	ED	31,60	0,60	2,47	0,99	6,37	1,59	-0,03
	M	35,42	2,12	4,33	11,67	23,12	4,22	-0,15
AIV	ED	9,55	2,29	0,71	-0,92	-17,34	-2,69	-0,14
	M	0,42	0,28	0,05	-0,30	-0,69	-0,09	0,00
NN	ED	23,48	0,65	3,20	1,27	5,65	1,05	0,03
	M	18,11	1,51	3,86	6,55	3,15	1,34	0,14
NVP	ED	10,17	-0,23	1,26	2,56	32,42	4,54	0,26
	M	0,25	-0,06	0,09	3,08	3,78	0,37	0,03
NSP	ED	6,07	-0,66	0,27	1,62	44,29	5,58	0,15
	M	4,26	-1,34	0,51	24,64	52,11	5,27	0,04
PG	ED	2,85	-0,98	-0,13	1,60	43,72	5,71	0,13
	M	11,46	-2,11	1,25	27,20	61,29	7,53	-0,09
VA	ED	-1,07	0,52	0,32	0,18	-6,44	-1,50	0,47
	M	0,33	0,25	0,23	2,56	-0,80	-0,15	0,16

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

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

*APM = altura da planta; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NN = número de nós; NVP = número de vagens por planta; NSP = número de sementes por planta; PG = produção de grãos; e VA = valor agrônomico.

Analisando o caráter PG, a seleção direta massal resultou em ganhos superiores para todos os cruzamentos, exceto no cruzamento 4, em que as estimativas foram exatamente as mesmas em relação à seleção direta entre e dentro de famílias. Em VA, a seleção direta massal mostrou resultados superiores nos cruzamentos 1, 3 e 5, enquanto nos cruzamentos 2 e 4 os maiores valores foram obtidos na seleção entre e dentro de famílias.

Analisando os ganhos obtidos neste trabalho e comparando-os com aqueles encontrados por Reis *et al.* (2001), observa-se que os resultados foram em geral inferiores para APM, exceto para a seleção massal direta no cruzamento 4. Com relação ao NN, seus resultados foram, em geral, superiores, com exceção do cruzamento 2, tanto para a seleção massal quanto para a seleção entre e dentro de famílias. Em relação à NVP, os resultados obtidos foram superiores nos cruzamentos 1, 2 e 5, enquanto nos cruzamentos 3 e 4 os ganhos foram inferiores nas seleções massal e entre e dentro de famílias. Os ganhos obtidos para PG, em geral, foram inferiores, exceto no cruzamento 2 para a seleção direta massal.

Quando comparado ao trabalho de Mauro *et al.* (2000), para o caráter APM os resultados foram, em geral, inferiores, exceto nos cruzamentos 1 para seleção massal e entre e dentro de famílias e cruzamento 4 para seleção massal. Para AIV, seus resultados foram superiores em geral, exceto para o cruzamento 2 na seleção entre e dentro de famílias. No caráter PG, seus ganhos foram superiores para todos os cruzamentos (Mauro *et al.*, 2000).

Tabela 6. Estimativas de ganhos por seleção (GS) para o cruzamento 3 (BRSMG Renascença x IAC 17) de soja

Caráter	Método	GS						
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
APM	ED	13,43	-0,54	0,53	-0,95	-0,38	0,14	-0,01
	M	18,96	3,86	2,29	-8,20	-12,89	-1,33	-0,02
AIV	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NN	ED	6,62	-0,10	1,12	3,37	7,16	1,59	0,04
	M	4,69	0,99	1,51	3,98	5,94	0,48	0,11
NVP	ED	-0,07	0,41	0,28	22,17	31,05	4,99	0,24
	M	0,44	-0,93	0,37	26,24	41,26	3,86	0,34
NSP	ED	0,26	0,35	0,37	20,75	33,31	5,45	0,22
	M	0,29	-0,88	0,29	22,22	40,26	3,61	0,29
PG	ED	1,47	0,45	0,36	17,22	28,27	5,66	0,05
	M	0,66	0,41	0,36	24,07	36,84	7,01	0,24
VA	ED	1,84	0,10	0,46	14,72	19,63	3,12	0,36
	M	0,52	-0,44	0,34	16,61	25,68	2,11	0,42

*(%) Valores negativos.

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

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

*APM = altura da planta; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NN = número de nós; NVP = número de vagens por planta; NSP = número de sementes por planta; PG = produção de grãos; e VA = valor agrônomico.

Tabela 7. Estimativas de ganhos por seleção (GS) para o cruzamento 4 (BRS 137 x Liderança) de soja

Caráter	Método	GS						
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
APM	ED	11,28	-1,08	0,05	-3,33	-0,40	0,01	0,04
	M	-1,52	0,11	-1,95	-1,22	4,36	0,33	-0,26
AIV	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NN	ED	4,83	-0,24	0,27	1,83	-2,63	0,06	0,01
	M	-2,05	-0,26	-0,10	0,56	2,18	0,22	-0,04
NVP	ED	-1,98	0,68	0,05	28,59	-6,52	0,16	-0,11
	M	-4,78	-0,63	-0,51	8,10	11,17	1,08	0,04
NSP	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
PG	ED	0,63	0,56	0,10	23,32	-8,40	0,23	-0,07
	M	-0,73	-0,12	-0,08	1,07	2,11	0,23	0,00
VA	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-

*(%) Valores negativos.

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

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

*APM = altura da planta; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NN = número de nós; NVP = número de vagens por planta; NSP = número de sementes por planta; PG = produção de grãos; e VA = valor agrônomico.

Tabela 8. Estimativas de ganhos por seleção (GS) para o cruzamento 5 (MGBR 95 20937 x Liderança) de soja

Caráter	Método	GS						
		APM	AIV	NN	NVP	NSP	PG	VA
APM	ED	11,26	-0,56	-0,38	-1,48	16,98	1,26	-0,01
	M	12,60	1,18	1,03	3,64	21,89	2,26	-0,03
AIV	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NN	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NVP	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-
NSP	ED	5,71	-0,56	-0,37	-2,21	32,99	1,97	-0,01
	M	1,03	-0,10	0,21	5,36	10,92	0,91	0,07
PG	ED	5,64	-0,55	-0,37	-2,15	30,47	2,00	-0,01
	M	3,44	-0,14	0,64	12,71	24,10	2,42	0,13
VA	ED	-	-	-	-	-	-	-
	M	-	-	-	-	-	-	-

*(%) Valores negativos.

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

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

*APM = altura da planta; AIV = altura de inserção da primeira vagem; NN = número de nós; NVP = número de vagens por planta; NSP = número de sementes por planta; PG = produção de grãos; e VA = valor agrônomico.

Comparando-se esses resultados com os valores observados por Campos *et al.* (2002), conclui-se que, para APM, seus ganhos foram inferiores de maneira geral, exceto para o cruzamento 1 na seleção massal e entre e dentro de famílias e no cruzamento 4 para seleção massal. No caráter AIV, seus ganhos foram inferiores aos obtidos no cruzamento 2, sendo superiores nos demais cruzamentos. Para PG, os ganhos observados foram superiores em todos os cruzamentos avaliados.

Muniz *et al.* (2002) encontrou resultados para APM em geral inferiores, com exceção dos valores obtidos no cruzamento 1 para seleção massal e entre e dentro de famílias e cruzamento 4 para seleção massal, em que estes foram superiores. Para AIV, NN e NVP, seus resultados foram superiores para todos os cruzamentos avaliados. No caráter NSP, seus ganhos foram superiores em relação aos cruzamentos 1, 4, e 5 e inferiores nos cruzamentos 2 e 3, tanto na seleção massal quanto na seleção entre e dentro de famílias. Para PG, seus ganhos foram superiores nos cruzamentos 1, 4 e 5, e nos cruzamentos 2 e 3 seus resultados foram inferiores aos encontrados.

CONCLUSÕES

Os coeficientes de herdabilidade foram maiores para a seleção entre famílias que na seleção dentro de famílias, apresentando-se mais promissores.

Os cruzamentos 2 e 3 apresentaram-se melhores de acordo com os parâmetros obtidos, em relação a NSP e PG, de acordo com o direcionamento das seleções efetuadas.

As progênies com maior valor agrônômico tendem a ser mais produtivas podendo esta característica ser um indicador fenotípico de alta produtividade.

Os ganhos esperados por seleção na maioria dos cruzamentos e caracteres, foram superiores para seleção massal, em relação à seleção entre e dentro de famílias, o que indica que mesmo empregando métodos de seleção considerados mais simples, pode-se obter ganhos satisfatórios, para este caso.

REFERÊNCIAS

- Azevedo VH (2000) Herança da resistência da soja ao *Diaporthe phaseolorum* f.sp. *meridionalis* e eficiência na seleção de caracteres agrônômicos. Dissertação de Mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 102p.
- Backes RL, Reis MS, Sedyama T, Cruz CD, Teixeira RC (2002) Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. Revista Ceres, 49:201-216.
- Campos FL, Di Mauro AO, Oliveira RC, Uneda-Trevisoli SH (2002) Análises genéticas de soja na região de Jaboticabal-SP. Acta Scientiarum, 10:81-89.
- Carnielli A (1989) Representatividade de parcelas com tamanho reduzido para avaliação de caracteres agrônômicos de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Dissertação de Mestrado. Piracicaba, Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". 121p.
- Costa MM (2004) Parâmetros genéticos em gerações precoces de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto (raça 3). Dissertação de Mestrado. Jaboticabal, FCAV – UNESP. 84 p.
- Destro D & Montalvan R (1999) Melhoramento Genético de Plantas. Londrina, UEL. 818p.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Soja. (1999) Recomendações técnicas para a cultura da soja na região central do Brasil 1999/2000. Londrina, EMBRAPA-CNPSo. 226 p.
- Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Centro Nacional de Pesquisa de Soja. (2005) Tecnologia de produção de soja região central do Brasil. Londrina, EMBRAPA-CNPSo. 239 p.
- Jacquard A (1983) Heritability: one word, three concepts. Biometrics, 39: 465-477.
- Lima RD, Ferraz S, Santos JM (1992) Ocorrência de *Heterodera* sp. no triângulo mineiro. In: 16º. Congresso Brasileiro de Nematologia, Lavras. Anais, Sociedade Brasileira de Fitopatologia. Não paginado.
- Lordello AI, Lordello RRA, Quaggio JA (1992) *Heterodera* sp. reduz produção de soja no Brasil. In: 16º. Congresso Brasileiro de Nematologia, Lavras. Anais, Sociedade Brasileira de Fitopatologia. Não paginado.
- Mauro AO (1984) Parcelas experimentais na estimação de parâmetros genéticos em soja. Dissertação de Mestrado. Viçosa, Universidade Federal de Viçosa. 94 p.
- Mauro, A. O. Di, Oliveira, R. C., Marcondes, A. F., Sedyama, T. (2000) Ganho genético por seleção em linhagens de soja. Revista CERES 47:135-144.
- Mauro AO Di, Unêda-Trevisoli SH, Mauro SMZ Di, Costa MM, Oliveira RC, Arantes NE (2004). Efficiency of microsatellites markers for resistance to soybean cyst nematode (race 3). Crop Breeding And Applied Biotechnology 4:28 - 34.
- Monteiro AR, Morais SRAC (1992) Ocorrência do nematóide do cisto da soja, *Heterodera glycines* Ichinohe 1952, prejudicando a cultura da soja no Mato Grosso do Sul. In: 16º. Congresso Brasileiro de Nematologia, Lavras. Anais, Sociedade Brasileira de Fitopatologia. Não paginado.
- Muniz FRS, Mauro AO, Unêda-Trevisoli SH, Oliveira JA, Bárbaro IM, Arriel NHC, Costa MM (2002) Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibras 6:615-622.
- Nass LL, Valosis ACC, Melo IS, Valadares-Ingils MC (2001) Recursos genéticos e melhoramento – planta. Rondonópolis – Fundação MT. 1183 p.
- Noel G, Mendes ML, Machado CC (1994) Distribution of *Heterodera glycines* races in Brazil. Nematropica, 24:63-68.
- Ramalho MAP, Santos JB dos, Pinto CABP (2004) Genética na agropecuária. 3nd. ed. São Paulo, Lavras: Fundação de Apoio ao Ensino, Pesquisa e Extensão. 472p.
- Reis, E. F.; Reis, M. S.; Cruz, C. D.; Sedyama, T.; Sedyama, S. S. (2001) Resposta esperada à seleção correlacionada em uma população F₆ de soja. Revista Ceres, 48:169-179.
- Reis EF, Reis MS, Sedyama T, Cruz CD (2002a) Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). Ciência e Agrotecnologia, 26:749-761.
- Reis EF, Reis MS, Cruz CD, Sedyama T, Teixeira RC (2002b) Predicted and realized gains of different selection strategies in soybean populations: a comparative study. Crop breeding and Applied Biotechnology, 2:61-70.
- Sedyama T, Teixeira RC, Reis MS (1999) Melhoramento da soja. In: Borém A. Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa, UFV, p. 487-533.
- Tihohod D (1993) Nematologia Agrícola Aplicada. Jaboticabal, FUNEP. 372p.
- Wain A & Silva JF (1996) Survey of *Heterodera glycines* races in Brazil. In: 3rd. International Nematology Congress, Gosier-Guadalupe. Proceedings. p.150.