

Parâmetros genéticos de caracteres de fase vegetativa em soja

Alex Júnio de Oliveira Santana¹ e-mail: alexjunio315@gmail.com, Ana Paula Oliveira Nogueira², Daniel Jasmo Gomes de Souza¹, Bruno de Moraes Nunes¹, Bruna Alves Mundim Borges³, Breno Augusto Abdala Goya¹, Nicollas Souza Almeida Nicodemos¹

¹ Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Instituto de Ciências Agrárias,

² Professora Orientadora, Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Ciências Agrárias

³ Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, Instituto de Biotecnologia.

RESUMO: A soja está entre as principais culturas agrícolas no Brasil e o melhoramento genético tem contribuído de forma a atender o mercado atual. Alguns autores identificaram caracteres da fase vegetativa para distinção de genótipos de soja, entre eles, o comprimento do hipocótilo (CH), comprimento pecíolo da folha trifoliolada (CPT), comprimento da raque (CR) e comprimento do primeiro internódio (CPI) como sendo caracteres úteis para descritores adicionais. O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para caracteres de estagio vegetativo em soja. O experimento foi realizado em campo e as cultivares comerciais BMX Desafio e BRSGO 7560 foram utilizadas para o cruzamento biparental para a produção da população segregante e dos retrocruzamentos e foram dispostas em campo em esquema de plantio em cova, com um espaçamento de 30 cm entre plantas e 0,5 m entre linhas. Os caracteres foram mensurados com o auxílio de uma régua graduada em centímetros em seguida as análises estatístico-genéticas foram realizadas, utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2013). Foi possível obter para todos os caracteres em estudos foi possível estimar maiores efeitos do ambiente para a influência das características dado a herança poligênica das mesmas sendo inviável a seleção destes em gerações precoces.

Palavras-chave: Melhoramento genético, genética quantitativa, estudo de herança.

INTRODUÇÃO

A soja está entre as principais culturas agrícolas no Brasil e o melhoramento genético tem contribuído para o aumento dos locais de adaptação no país, aumento da produtividade de grãos, e desenvolvimento de cultivares mais precoces que atendam aos interesses do mercado atual (MATSUO et al., 2012; BORÉM e MIRANDA, 2013; VAL et al., 2014). Para lançar e proteger a nova cultivar, desenvolvida a partir do melhoramento genético, é necessário comprovar que ela é distinta, homogênea e estável. A diferenciação de cultivares é realizada por meio de descritores específicos de cada espécie. Atualmente, são usados 37 descritores para diferenciar cultivares de soja, entretanto, estes ainda são insuficientes, existindo a necessidade de ampliar a lista de descritores utilizados.

Alguns autores identificaram caracteres da fase vegetativa para distinção de genótipos de soja, entre eles, o comprimento do hipocótilo (CH), comprimento pecíolo da folha trifoliolada (CPT), comprimento da raque (CR) e comprimento do primeiro internódio (CPI) como sendo caracteres úteis para descritores adicionais (ROSSINI et al., 1995; ALCIVAR et al., 2007; NOGUEIRA et al., 2008; MATSUO et al., 2012).

O objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos para o comprimento do hipocótilo, comprimento pecíolo da folha trifoliolada, comprimento da raque e comprimento do primeiro internódio, em população segregante de soja.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado em campo, estação experimental Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia – UFU, no município de Uberlândia, Minas Gerais.

As cultivares comerciais BMX Desafio e BRSGO 7560 foram utilizadas para o cruzamento biparental. Essas cultivares foram selecionadas com base na precocidade existente entre elas, sendo contrastante para a resistência à ferrugem asiática, cor de flor, cor de hipocótilo e cor de hilo.

Os cruzamentos, para a obtenção das sementes da geração F1, foram feitos em casas de vegetação no ano agrícola de 2016. O avanço da geração F1 para obter a geração F2 e os retrocruzamentos foram realizados em 2017 e a semeadura ocorreu no dia 13 de abril de 2018. O conjunto de materiais utilizados, composto pelos genitores e as gerações deles obtidas, e a amostragem avaliada constam na Tabela 1.

Tabela 1 – Conjunto de materiais utilizados, incluindo genitores e as gerações derivadas (F2 e os retrocruzamentos), e amostragem avaliada para cada um deles.

Populações	Número de indivíduos
P1 – BMX Desafio	40 plantas
P2 – BRSGO 7560	40 plantas
F2 – autofecundação de F1 (BMX Desafio x BRSGO 7560)	457 plantas
RC1 – BMX Desafio x F1	47 plantas
RC2 – BRSGO 7560 x F1	30 plantas

A população foi disposta em campo em esquema de plantio em cova, com um espaçamento de 30 cm entre plantas e 0,5 m entre linhas. Os parentais foram intercalados no meio da população para melhor estimar as variâncias ambientais. Todos os caracteres foram avaliados com o auxílio de uma régua graduada em centímetros em plantas individuais em estágio vegetativo V2-V3.

A partir dos dados obtidos dos genitores, e F2 e retrocruzamentos foram feitos estudos com médias e variâncias, e calculado herdabilidade no sentido amplo e restrito, variância aditiva, e número de genes relacionados às características. As análises

estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o programa computacional GENES (CRUZ, 2013)

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os componentes de variância estimados para o comprimento dos caracteres CH, CPT, CR e CPI estão representados na Tabela 2, assim como as estimativas da herdabilidade e número de genes. De acordo com a Tabela 2 é possível observar que para os caracteres CH e CPT as variâncias ambientais foram as principais responsáveis pelas variações observadas e para CR e CPI as variações genéticas tiveram um maior peso nas variações dos dados.

Conforme Falconer e Mackay (1996) a herdabilidade é um parâmetro que expressa a proporção da variância fenotípica que é devido às causas genética. No presente estudo a estimativa deste parâmetro variaram de 37,35% a 55,47% indicando uma herdabilidade no sentido amplo de baixa magnitude significando que a maior parte das variações fenotípicas são atribuídas à causas ambientais.

Tabela 2. Componentes de variância, herdabilidade no sentido amplo, e número de genes do número de vagens obtidos na geração F2 em soja cultivada em campo, na safra 2017/2018 no município de Uberlândia – MG

Parâmetros	Caracteres			
	CH	CPT	CR	CPI
σ_F^2	0,50	2,22	0,13	0,13
σ_G^2	0,20	0,83	0,07	0,07
σ_E^2	0,30	1,39	0,06	0,06
H_a^2	40,37%	37,35%	55,47%	55,47%
H_r^2	12,27%	27,44%	44,41%	44,41%
Nº de Genes	77,00	21,00	52,00	52,00

σ_F^2 : variância fenotípica; σ_G^2 : Variância genotípica; σ_E^2 : Variância ambiental; H_a^2 : herdabilidade no sentido amplo H_r^2 : herdabilidade no sentido restrito; CH: comprimento do hipocótilo; CPT: Comprimento do pecíolo da trifoliolada; CR: comprimento da raque; CPI: comprimento do primeiro internódio.

. Como relata Borém e Miranda (2009), a herdabilidade no sentido restrito é mais útil, uma vez que ela quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração, este parâmetro variou de 12,27% a 44,41% estes valores também foram baixo e este fato indica que haverá dificuldade e baixa resposta na seleção de plantas superiores para os caracteres em gerações iniciais devendo esta ser realizada apenas em gerações avançadas exigindo maior tempo como pode ser observado em trabalho realizado por Nogueira et al. (2008) que ao avaliarem o

Simpósio de Ciências Agrárias e Ambientais 2018

VI SIMPÓSIO DA AGRONOMIA
IV SIMPÓSIO DA ENGENHARIA FLORESTAL

comprimento do hipocotilo de 11 cultivares de soja em quatro épocas diferentes obtiveram valores de coeficientes de determinação genotípico (H^2) oscilando de 71,09 e 98,19%.

Cruz et al. (2004) recomendam cautela ao interpretar o número de genes (Tabela 2), pois o mesmo é apenas um indicio de uma natureza monogênica, oligogênica ou poligênica, neste estudo foi possível observar herança poligênica para todos os caracteres variando de 21 a 52 genes.

CONCLUSÃO

Para todos os caracteres em estudos foi possível estimar maiores efeitos do ambiente para a influência das características dado a herança poligênica das mesmas sendo inviável a seleção destes em gerações precoces.

AGRADECIMENTOS

A Universidade Federal de Uberlândia e aos órgãos de fomentos CAPES, FAPEMIG, CNPq.

REFERÊNCIAS

ALCIVAR, A.; JACOBSON, J.; RAINHO, J.; et al. Genetic Analysis of Soybean Plant Height, Hypocotyl and Internode Lengths. **Journal Agricultural Food and Environmental Sciences**, v.1, n.1, p.1-20, 2007.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5ª Ed. Viçosa, UFV. 2013. 523p.

COSTA, J. A.; PIRES, J. L. F.; THOMAS, A. L.; ALBERTON, M. Comprimento e índice de expansão radial do hipocótilo de cultivares de soja. **Ciência Rural**, v.29, n.4, 1999.

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

MATSUO, E; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, v.42, n.2, p.189-196, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; PEREIRA, D. G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural**, v.38, n.9, p.2427-2433, 2008.

Simpósio de Ciências Agrárias e Ambientais 2018



VI SIMPÓSIO DA AGRONOMIA
IV SIMPÓSIO DA ENGENHARIA FLORESTAL

ROSSINI, M.C. et al. Caracterização de 26 cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] recomendadas para a região Sul – Brasil. **Revista Brasileira de Sementes**, v.17, n.2, p. 227-235, 1995.

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia**, v.6, n.1, p.72-83, 2014.