



IGOR OLIVERI SOARES

**POTENTIAL OF RECURRENT SELECTION FOR SOYBEAN
IMPROVEMENT**

**LAVRAS - MG
2018**

IGOR OLIVERI SOARES

POTENTIAL OF RECURRENT SELECTION FOR SOYBEAN IMPROVEMENT

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

Orientador

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi

LAVRAS - MG

2018

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Soares, Igor Oliveri.

Potential of recurrent selection for soybean improvement / Igor
Oliveri Soares. - 2018.

64 p.

Orientador(a): Adriano Teodoro Bruzi.

.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2018.
Bibliografia.

1. Glycine max. 2. Melhoramento genético. 3. Parâmetros
genéticos e fenotípicos. I. Bruzi, Adriano Teodoro. . II. Título.

IGOR OLIVERI SOARES

POTENTIAL OF RECURRENT SELECTION FOR SOYBEAN IMPROVEMENT

**POTENCIAL DA SELEÇÃO RECORRENTE PARA O MELHORAMENTO DA
SOJA**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia/Fitotecnia, área de concentração em Produção Vegetal, para a obtenção do título de Doutor.

APROVADA em 15 de Maio de 2018

Dra. Ângela de Fátima Barbosa Abreu	EMBRAPA
Dra. Flávia Maria Avelar Gonçalves	UFLA
Dr. Pedro Milanez de Rezende	UFLA
Dr. Renzo Garcia Von Pinho	UFLA

Orientador

Prof. Dr. Adriano Teodoro Bruzi

LAVRAS - MG

2018

Aos meus pais, Antonio Celio e Maria José, pelo amor, carinho, compreensão, confiança e pela oportunidade que me foi dada.

Com todo amor, respeito, admiração e gratidão,

DEDICO.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, pois nem a folha de uma árvore cai se Ele não permitir.

À Universidade Federal de Lavras e ao Departamento de Agricultura, pela oportunidade concedida para realização do doutorado.

Aos meus pais, Antonio Celio e Maria José, e minha irmã Amanda, pelo apoio incondicional e valores transmitidos.

A minha namorada Mariane, pelo amor, dedicação e companheirismo em todos os momentos.

Aos meus demais familiares, especialmente aos meus avós.

Ao Professor Doutor Adriano Teodoro Bruzi pela orientação, amizade, total disponibilidade e ensinamentos que me acompanharão por toda a vida.

Ao Professor Doutor Pedro Milanez de Rezende, pelos conselhos valorosos e prazerosa convivência desde a graduação.

À Iowa State University e à Dr. Silvia Cianzio por abrirem as portas mim permitindo a realização de um sonho.

A todos os amigos/irmãos da Pesquisa Soja pela maravilhosa convivência e amizade durante 9 anos de caminhada.

Aos funcionários do setor de grandes culturas, em especial Antônio, Edésio e Ezequiel, que não mediram esforços na condução do trabalho.

Aos companheiros do curso de agronomia que me acompanham desde a turma 2009/1.

Aos colegas do curso de pós-graduação em Fitotecnia pela prazerosa convivência.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

À CAPES pela concessão da bolsa de estudos internacional.

Sem vocês esse sonho não seria possível!

RESUMO

A região sul de Minas Gerais vem se destacando nos últimos anos na produção de soja. Contudo, ainda são escassos os trabalhos de melhoramento que visam desenvolver cultivares específicas para esta região, visto que a mesma não é tradicionalmente produtora da cultura. No melhoramento genético da soja, vários atributos agronômicos têm sido alvo de estudo dos melhoristas visando a obtenção de cultivares superiores. Dentre os principais caracteres pode-se destacar a produtividade de grãos e a maturação absoluta. Estes são quantitativos. Quando se deseja realizar o melhoramento para um ou mais caracteres, controlados por vários genes, é impossível se obter sucesso em um único ciclo seletivo. A principal alternativa é o emprego da seleção recorrente. Muito embora a seleção recorrente tenha sido proposta para culturas alógamas, esta vem sendo amplamente utilizada no melhoramento de plantas autógamas. No caso da soja, existem relatos do emprego da seleção recorrente no exterior para teor de proteína nos grãos. Contudo, um programa de seleção recorrente visando a produtividade de grãos em soja é algo inédito no Brasil. Assim, objetivou-se com este trabalho estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados às progênies do programa de seleção recorrente para produtividade de grãos em soja da UFLA; e selecionar progênies geneticamente superiores, com bons atributos agronômicos para a região sul de Minas Gerais / Campo das Vertentes. Foram avaliadas progênies $S_{0:1}$ no município de Lavras, ano agrícola 2015/2016. Por seu turno, as progênies $S_{0:2}$ foram avaliadas na safra de verão 2016/2017 nos municípios de Lavras, Nazareno e Itutinga. Foram avaliados os caracteres dias para o florescimento, maturação absoluta, altura de inserção do primeiro legume, altura da planta, índice de acamamento e produtividade de grãos. Os dados foram analisados usando a abordagem de modelos mistos. As estimativas dos componentes de variância evidenciam a existência de variabilidade entre as progênies possibilitando a seleção de genótipos superiores. As progênies avaliadas apresentam boa performance agronômica. Ao se selecionar as progênies mais produtivas, houve um acréscimo nos valores de maturação absoluta, dias para o florescimento, altura de plantas e altura de inserção do 1º legume. A seleção recorrente figura-se como uma estratégia promissora para o melhoramento da soja no Brasil, não somente pela capacidade de geração de cultivares superiores, como também pela redução da complexidade dos programas de melhoramento convencionais.

Palavras-chave: *Glycine max*. Melhoramento genético. Parâmetros genéticos e fenotípicos. Produtividade de grãos.

ABSTRACT

South region of Minas Gerais state has been emphasizing in the last years in the soybean crop. However, there are still few breeding works that aim to develop specific cultivars for this region. In the soybean breeding, several agronomic attributes have been studied by the breeders in order to release superior cultivars. Among the main traits can be highlighted grain yield and full maturity. These are quantitative. When it is desired to perform the plant breeding for one or more traits, controlled by several genes, it is impossible to succeed in a single selective cycle. The main alternative is recurrent selection. Although recurrent selection has been proposed for cross-pollinated crops, it has been widely used in the autogamous plants breeding. In the case of soybean, there are reports of the use of recurrent selection abroad for protein content in grains. However, a recurrent selection program aimed for soybean grain yield is unprecedented in Brazil. Thus, the purpose of this work was to estimate genetic and phenotypic parameters associated to the progenies of the recurrent selection program for grain yield in soybean at UFLA; and to select genetically superior progenies, with good agronomic attributes for the southern region of Minas Gerais / Campo das Vertentes. $S_{0:1}$ progenies were evaluated in the municipality of Lavras, 2015/2016 crop season. The $S_{0:2}$ progenies were evaluated in the next crop season, 2016/2017, in the municipalities of Lavras, Nazareno and Itutinga. Were evaluated the traits: days for flowering, full maturity, height of insertion of the first pod, height of the plant, lodging score and grain yield. The data were analyzed using the mixed model approach. The estimates of the components of variance show the existence of variability among the progenies making possible the selection of superior genotypes. The evaluated progenies present good agronomic performance. When selecting the highest grain yield progenies, there was an increase in the values of full maturity, days for flowering, height of plants and height of insertion of the 1st pod. Recurrent selection is a promising strategy for the improvement of soybeans in Brazil, not only for the ability to generate superior cultivars, but also for reducing the complexity of conventional breeding programs.

Keywords: *Glycine max.* Genetic plant breeding. Genetic and phenotypic parameters. Grain yield.

SUMÁRIO

	CAPÍTULO 1.....	10
1	INTRODUÇÃO	10
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	12
2.1	Melhoramento genético da soja no Brasil.....	12
2.2	Métodos de melhoramento aplicado em plantas autógamas.....	14
2.3	Emprego da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas.....	16
2.5	Interação genótipos x ambientes na cultura da soja	20
2.6	Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos	22
	REFERÊNCIAS	26
	CAPÍTULO 2 – ESTIMATE OF GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS ASSOCIATED WITH SOYBEAN PROGENIES IN A RECURRENT SELECTION PROGRAM.....	32
1	INTRODUCTION	35
2	MATERIALS AND METHODS.....	36
2.1	The recurrent selection program	36
2.2	Conducting the experiments	38
2.3	Data analysis.....	39
2.4	Estimate of the genetic and phenotypic components.....	40
3	RESULTS	43
4	DISCUSSION	50
5	CONCLUSION.....	55
	REFERÊNCIAS	56
	ANEXOS.....	59

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO

A região sul de Minas Gerais / Campo das Vertentes tem obtido destaque nos últimos anos na produção da soja. Já tradicional produtora de café e milho, a região encontrou na oleaginosa uma alternativa interessante para aumentar a rentabilidade dos produtores e ainda uma parceira perfeita na sucessão e rotação de culturas com o milho, cultura já estabelecida. Apesar do crescimento expressivo da cultura, a região não é tradicionalmente produtora de soja, o que faz com que as empresas de melhoramento genético não desenvolvam cultivares específicas para esta região. Além disso, na regionalização dos testes de VCU (valor de cultivo e uso) e da indicação de cultivares, o sul de Minas Gerais não é contemplado na macrorregião sojícola três (MRS 3) (KASTER; FARIAS, 2012). Isto implica na introdução de cultivares recomendadas para outras regiões com semelhanças edafoclimáticas, com posterior avaliação da adaptabilidade do genótipo no sul de Minas Gerais.

No melhoramento genético da soja, vários atributos agrônômicos têm sido alvo de estudo dos melhoristas visando a obtenção de cultivares superiores. Dentre os principais caracteres pode-se destacar a produtividade de grãos e a maturação absoluta. Estes são quantitativos, isto é, apresentam distribuição contínua, são altamente influenciados pelos fatores ambientais, e normalmente existem vários genes relacionados à expressão fenotípica do caráter.

Neste contexto, quando se deseja realizar o melhoramento para um ou mais caracteres, controlados por vários genes, é impossível se obter sucesso em um único ciclo seletivo. A principal alternativa é o emprego da seleção recorrente (RAMALHO, et al., 2012), isto é, um sistema cíclico e dinâmico que visa aumentar gradativamente a frequência de alelos favoráveis, por meio de repetidos ciclos de seleção, avaliação e recombinação (BORÉM; MIRANDA, 2013). Muito embora a seleção recorrente tenha sido proposta para culturas alógamas, esta vem sendo amplamente utilizada no melhoramento de plantas autógamas (GERALDI, 2005; BOTELHO et al., 2007; MENEZES JUNIOR et al., 2008; PIRES et al., 2013).

No caso da soja, existem relatos do emprego da seleção recorrente no exterior para teor de proteína nos grãos (WILCOX, 1998; MILLER; FEHR, 1979) e produtividade de grãos (POSADAS et al., 2014; WERNER; WILCOX, 1990; BURTON et al., 1990; SUMARNO; FEHR, 1982; KENWORTHY; BRIM, 1979). Contudo, é oportuno destacar que no intuito de se ampliar a variabilidade genética da população base do programa de seleção recorrente, os

autores utilizaram germoplasma exótico, isto é, com baixa adaptabilidade, e por consonância menor frequência de alelos favoráveis. No Brasil não foram encontrados relatos do emprego da seleção recorrente visando o incremento da produtividade de grãos, isto é, esta estratégia é inédita frente aos programas de melhoramento da soja.

Visando o sucesso na seleção de genótipos superiores é fundamental a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidade, correlação genotípica e ganho esperado com a seleção. Estas possibilitam a tomada de decisão do melhorista e são essenciais para se quantificar o sucesso de um programa de melhoramento.

Ante ao exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados às progênes do programa de seleção recorrente para produtividade de grãos em soja da UFLA; e selecionar progênes geneticamente superiores, com bons atributos agronômicos para a região sul de Minas Gerais / Campo das Vertentes.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético da soja no Brasil.

Logo após a introdução da soja na Bahia em 1882, a cultura vem sendo estudada e melhorada para as mais diversas regiões do país. O Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) foi o pioneiro no melhoramento da cultura no Brasil, realizando as primeiras avaliações de cultivares introduzidas no ano de 1892. Já em 1920, iniciaram-se os primeiros trabalhos com hibridação e seleção. Posteriormente, o IAC continuaria seus trabalhos utilizando os métodos genealógico e de população (bulk), obtendo cultivares como IAC-1 e Santa Rosa. Durante a década de 70, cultivares obtidas pelo Instituto em parceria com a Embrapa, como Doko e IAC-8 foram determinantes para a expansão da soja no Brasil central (SEDIYAMA, 2015).

Minas Gerais também é um estado pioneiro no melhoramento da soja no Brasil. Os primeiros trabalhos de avaliação e recomendação de cultivares introduzidas foram realizados ainda em 1920. A cultura mostrou-se promissora para a região, e a Universidade Federal de Viçosa iniciou suas primeiras pesquisas visando o melhoramento da soja na década de 1960 (SEDIYAMA, 2015). No ano de 1988 foi instituída a Fundação Triângulo de Pesquisa e Desenvolvimento. Entre as diversas cultivares obtidas por essa instituição, a que mais se destacou foi a MG/BR 46 Conquista, lançada em 1995, tornando-se uma das mais cultivadas no Brasil Central (FUNDAÇÃO TRIÂNGULO, 2016). Nos últimos anos, a Universidade Federal de Lavras também iniciou seu programa de melhoramento de soja visando obter cultivares precoces e produtivas adaptadas à região sul de Minas Gerais (SOARES et al., 2015; SILVA et al., 2016).

O Estado do Paraná também contribuiu amplamente com o melhoramento genético da soja no Brasil a partir do ano de 1976 com a criação do Centro Nacional de Pesquisa de Soja – CNPSo. Um de seus genótipos amplamente cultivados no cerrado foi a cultivar Doko (UNFRIED; BRAGA, 2011).

Responsável por aproximadamente 30% da soja produzida no Brasil (CONAB, 2017), o estado do Mato Grosso assumiu importante papel no melhoramento genético da cultura nos últimos anos, acompanhando a expansão da soja no centro-oeste brasileiro a partir das décadas de 1970 e 1980. No ano de 1993, foi instituída a Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso – Fundação MT, obtendo diversas cultivares adaptadas à região. A Fundação MT estabeleceu parceria com a Tropical Melhoramento Genético (TMG), no ano de 2001,

intensificando o desenvolvimento de cultivares no estado e tornando-se líder de mercado no Brasil central (FUNDAÇÃO MT, 2016).

A partir de 1990, todo o cenário do melhoramento genético da soja no Brasil se transformaria com a entrada das multinacionais no país. Em 1996, a Monsanto iniciou suas atividades com cultivares convencionais. No entanto, a partir de 2005, a principal base genética das cultivares de soja foi a transgênica denominada Roundup Ready RR (MONSANTO, 2016). As primeiras cultivares RR cultivadas comercialmente no Brasil foram procedentes da Argentina. Entre elas, a cultivar Anta foi amplamente cultivada, principalmente em razão de sua precocidade. Mais tarde, outras empresas como Pioneer, Syngenta, Basf e Bayer também implementaram os programas de melhoramento de soja transgênica. Atualmente, a soja transgênica ocupa mais de 90% das áreas cultivadas (CONAB, 2017).

Com o sucesso da tecnologia RR, as empresas de melhoramento genético voltaram seus esforços para a biotecnologia e o lançamento de novos eventos transgênicos. No ano de 2013 foi lançado pela Monsanto a cultivar Intacta RR2 PRO, conferindo além da resistência ao Glifosato, resistência à lagartas, devido a introdução do gene cry1Ac (MONSANTO, 2016). O evento logo teve adesão dos produtores e atualmente diversas empresas tem cultivares em seu portfólio que possuem a tecnologia. Para os próximos anos, as empresas almejam lançar no mercado novas cultivares que associem piramidação de proteínas, além de resistência à novos herbicidas (CTNBIO, 2017).

No início de 2016, foi lançada através de uma parceria entre BASF e Embrapa, a primeira cultivar de soja com a tecnologia Cultivance, que confere à soja resistência aos herbicidas do grupo químico das imidazolinonas, inibidores da enzima ALS (BASF, 2016). Ainda para o ano agrícola 16/17, a Bayer Cropscience disponibilizou em 11 cultivares a tecnologia Liberty Link™. A tecnologia, já comercializada em países como EUA e Canadá, confere resistência ao herbicida Glufosinato de Amônio (BAYER, 2016).

Uma nova tecnologia que também se propõe a dar auxílio ao controle de plantas daninhas resistentes ou tolerantes ao glifosato é a tecnologia Enlist E3, a qual vem sendo desenvolvida pela Dow AgroScience em parceria com a empresa TM Technologies. Trata-se de uma cultivar de soja que, pela primeira vez combina em um único produto a resistência a três herbicidas distintos: glifosato, Glufosinato e 2, 4-D (FUNDAÇÃO MT, 2016). A proposta da Monsanto para controlar o problema de plantas daninhas de difícil controle é a associação do gene de resistência ao glifosato com um novo gene capaz de degradar o herbicida Dicamba

na planta, tornando-o inativo, e desta forma, conferindo resistência à soja quando o produto for aplicado em pós-emergência (MONSANTO, 2016).

2.2 Métodos de melhoramento aplicado em plantas autógamas

Entende-se por plantas autógamas, aquelas que se reproduzem preferencialmente por autofecundação, ou seja, sua frequência de polinização cruzada é inferior a 5% (BORÉM; MIRANDA, 2013). A soja, o feijão e o arroz destacam-se como as autógamas mais cultivadas.

Populações de plantas autógamas tendem a ser endogâmicas. A endogamia consiste no acasalamento de indivíduos aparentados. Seu grau varia em função do tipo de parentesco, sendo a autofecundação a forma mais intensa. Em uma população de plantas autógamas, a cada geração de autofecundação, a frequência do heterozigoto reduz-se à metade e a frequência dos homozigotos cresce na mesma proporção. Portanto, em uma geração F_{∞} espera-se que os indivíduos heterozigotos desapareçam, e que a frequência dos homozigotos dominantes e recessivos corresponda a $\frac{1}{2}$ cada um (RAMALHO et al., 2012).

No melhoramento de plantas autógamas, são utilizados métodos que exploram a variabilidade natural (introdução de germoplasma e seleção de linhas puras), e os métodos que ampliam a variabilidade existente, isto é, hibridação com posterior condução das populações segregantes (massal, genealógico, população, SSD, retrocruzamento e seleção recorrente).

Segundo Allard (1999), a Introdução de germoplasma pode propiciar ganhos semelhantes aos de um programa de melhoramento, portanto deve ser considerada como um método de melhoramento. Este método possui pouca expressão para programas de melhoramentos já consolidados, no entanto, a introdução de germoplasma foi uma ferramenta de extrema importância no passado e continua a desempenhar um importante papel, na identificação de novas espécies e germoplasmas para desenvolvimento de cultivares. A introdução de espécies cultivadas em outras regiões ou países possibilita a recomendação de cultivares superiores (BORÉM; MIRANDA, 2013).

É importante ressaltar que algumas das principais espécies cultivadas no Brasil não são originárias de nosso país, como o café, o milho, o arroz e o feijão. A soja é outro clássico exemplo de introdução de germoplasma bem sucedida. Introduzida na Bahia em 1882, hoje o Brasil possui mais de 30 milhões de hectares cultivados com a oleaginosa (CONAB, 2017).

Além da introdução de germoplasma, outra estratégia que visa explorar a variabilidade natural é a seleção de linhas puras (JOHANNSEN, 1903). Dentre os principais exemplos de

sucesso utilizando o método das linhas puras destaca-se a obtenção da cultivar de café Mundo Novo (CARVALHO et al., 1952) e do feijão carioca (ALMEIDA et al., 1971).

Como já comentado, além dos métodos que exploram a variabilidade natural, a hibridação pode ser considerada como a principal estratégia de melhoramento aplicada à cultura da soja (SEDIYAMA, 2015). Neste método, após o cruzamento as populações segregantes são conduzidas até atingirem um nível satisfatório de homozigose. Posteriormente, as linhagens são avaliadas em vários locais e anos agrícolas, visando a recomendação de novas cultivares (BERNARDO, 2010).

O esquema para um programa de melhoramento de soja nos EUA está apresentado na tabela 1.

Tabela 1 Programa Comercial de melhoramento da cultura da soja. Adaptado de Bernardo (2010). Lavras, MG, 2018.

Estação	Atividades
Inverno 1a	(1) Semeio e condução de 200 populações F_2 ou BC_1 (ou seja, geração S_0), obtidas de anos anteriores. (2) Avanço das plantas S_0 para geração S_1 através do método Single Pod Descent, na qual uma única vagem é colhida.
Inverno 1b	(1) Para cada população, as sementes S_1 são semeadas em bulk. (2) As sementes S_2 (autofecundação das plantas S_1) de 200 a 500 plantas, em cada população, são colhidas e armazenadas.
Verão - 1	(1) Avaliação de 70.000 famílias S_2 em 1 ou 2 locais, sem repetição. (2) Seleção das 5000 melhores famílias S_2 com base nos dados de produtividade. (3) As sementes S_3 , das melhores famílias S_2 , são colhidas e armazenadas.
Verão - 2	(1) Avaliação das 5000 famílias S_3 em ensaios de produtividades realizados em 3 a 5 locais. (2) Seleção das 200 melhores famílias S_3 com base na produtividade. (3) As sementes S_4 , das melhores famílias S_3 , são colhidas e armazenadas.

Tabela 1 Continuação

Verão - 3	(1) Avaliação das 200 famílias S ₃ em ensaios de produtividades realizados em 15 a 25 locais. (2) Seleção das melhores famílias S ₄ (ou seja, linhas experimentais) com base nos dados de produtividade.
Inverno	Multiplicação das sementes das famílias linhas experimentais.
Verão – 4	(1) Ensaios de produtividade das linhas experimentais em 20 a 40 locais. (2) Ensaios “On-farm” das linhas experimentais, em parcelas de 150 a 300 m ² , em 20 a 100 locais.
Verão – 5	(1) Ensaios de produtividade das linhas avançadas em 20 a 50 locais. (2) Ensaios “On-farm” linhas avançadas, em parcelas de 150 a 300 m ² , em 30 a 500 locais.
Outono	Lançamento de 0 – 5 linhas como novos cultivares.

O retrocruzamento e a seleção recorrente são estratégias que também são apregoadas para o melhoramento de plantas autógamas. O retrocruzamento é utilizado para a reciclagem de linhagens, incorporação de alelos de resistência, como também transgenia (SEDIYAMA, 2015). A seleção recorrente inicialmente proposta para plantas alógamas, também vem sendo amplamente empregada em plantas autógamas. Mais detalhes acerca desta técnica serão apresentados nessa revisão.

2.3 Emprego da seleção recorrente no melhoramento de plantas autógamas

A seleção recorrente consiste em um sistema cíclico de melhoramento que tem a finalidade de aumentar a frequência de alelos favoráveis, envolvendo obtenção de famílias, avaliação e intercruzamentos das melhores (RAMALHO et al, 2012). A primeira citação da terminologia foi feita por Hull (1945). Embora a seleção recorrente seja mais usual em plantas alógamas, seu uso no melhoramento de plantas autógamas tem aumentado nos últimos anos.

A primeira etapa se inicia com a seleção e a recombinação dos genitores para formar a

população-base, que por sua vez deve apresentar média alta para os caracteres de interesse e variabilidade genética suficiente para que ocorra ganho com a seleção (RAMALHO et al, 2012). Para a escolha de genitores do programa de seleção recorrente, embora a variabilidade genética seja fundamental, a média associada às linhagens sempre deve ser considerada como o principal fator para a tomada de decisão. Vieira et al. (2005) sugerem a utilização de 12 a 20 genitores para constituir a população-base. Ao se trabalhar com um número pequeno de genitores, também é menor a probabilidade de reunir a maioria dos alelos favoráveis para a característica de interesse. Por outro lado, um número excessivo de genitores despenderá em desperdício de recursos, devido à grande dificuldade em se realizar os cruzamentos e conduzir as populações bases. Não se deve esquecer que o melhorista também é um gestor de recursos.

A etapa seguinte da seleção recorrente consiste na avaliação e seleção dos melhores indivíduos ou famílias a serem recombinados. A seleção pode ser massal ou através da avaliação de famílias. A seleção massal ou fenotípica no âmbito de indivíduo é recomendada somente para caracteres de alta herdabilidade, e tem demonstrado sucesso para características como arquitetura de planta (KELLY; ADAMS, 1987), mancha-angular (AMARO et al., 2007) e precocidade (SILVA et al, 2007).

No entanto, para caracteres quantitativos, a seleção é mais eficiente através da avaliação de progênies. Desta forma, as famílias endogâmicas devem ser avaliadas por duas ou mais gerações, em ensaios com repetições (RAMALHO et al, 2012). Assim, a estimativa dos valores genotípicos é mais precisa, uma vez que as contribuições dos efeitos ambientais e residuais e da interação genótipos x ambientes são reduzidas (SILVA, 2009; ALVES, 2012).

Após a avaliação, os melhores indivíduos são inter cruzados para formarem um novo ciclo de seleção. O processo de avaliação e seleção de indivíduos ou famílias e recombinação das progênies superiores é repetido a cada 2 ou 3 anos, formando então um novo ciclo de seleção.

Na literatura existem diversos outros argumentos destacando as vantagens da Seleção Recorrente em plantas autógamas (GERALDI, 2005; BOTELHO et al., 2007; MENEZES JUNIOR et al., 2008; PIRES et al., 2013). Ramalho et al. (2012) destacam que a maioria dos caracteres de importância econômica são quantitativos e geralmente são considerados mais de um caráter no processo de seleção, portanto, a probabilidade de se obter uma única linhagem que possua todos os alelos favoráveis em um único ciclo seletivo é praticamente nula. Assim, é possível concluir que a melhor maneira de reunir alelos favoráveis em uma população é por

meio de sucessivos ciclos de seleção e recombinação das melhores famílias, ou seja, seleção recorrente.

Uma das críticas feitas ao emprego da Seleção Recorrente é a demora no processo. No entanto, trata-se de uma crítica infundada, pois a cada ciclo o método possibilita a obtenção de linhagens melhores e o tempo para se atingir esse objetivo é o mesmo de qualquer processo de melhoramento que envolva hibridações.

2.4 Progresso genético no melhoramento de plantas autógamas

A estimativa do progresso genético é fundamental para se quantificar o sucesso de um programa de melhoramento. Esta deve ser realizada periodicamente, com objetivo de orientar o melhorista na tomada de decisão para a condução dos ciclos seguintes, buscando alternativas para incremento do ganho genético (MENEZES JÚNIOR et al., 2008).

O progresso genético diz respeito às alterações obtidas no desempenho médio dos genótipos durante cada ciclo de seleção, para as características de interesse. Essas alterações podem ocorrer em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia e dos critérios de seleção utilizados. Nesse contexto, em um programa de melhoramento, uma das atribuições do melhorista é identificar critérios de seleção capazes de ocasionar alterações na direção desejada, para as características de interesse (REIS et al., 2004).

No melhoramento de plantas alógamas, a estimativa do progresso genético com a seleção recorrente é facilmente obtida quando são utilizadas populações dos diferentes ciclos, uma vez que a cada recombinação tem-se condição de equilíbrio de Hardy-Weinberg. Assim, as frequências alélicas e genotípicas não se alteram (RAMALHO et al, 2012).

No entanto, no melhoramento de autógamas essa estratégia não se aplica, uma vez que os cruzamentos não ocorrem ao acaso, portanto o equilíbrio não é mantido. A endogamia não altera a frequência alélica, e sim a frequência genotípica. Dependendo da ocorrência da dominância no controle do caráter, a média pode ser alterada. Assim, avaliar as populações de diferentes ciclos como ocorre em plantas alógamas, pode não fornecer uma estimativa precisa do progresso genético (RAMALHO et al, 2012).

Diante desse fato, algumas metodologias são empregadas para estimar o progresso genético em plantas autógamas. Uma delas consiste em avaliar linhagens obtidas ao final de cada ciclo seletivo, em experimentos com repetição e boa precisão, uma vez que obtidas as linhagens, as mesmas podem ser consideradas como populações em equilíbrio.

Outra metodologia bastante empregada, consiste na estimação do progresso genético a partir da avaliação de progênies com testemunhas comuns. Este método tem a vantagem de não ser necessária a condução de experimentos específicos com essa finalidade, sendo possível utilizar os dados da própria avaliação das progênies em cada ciclo, poupando-se assim tempo e recursos. O melhorista deve realizar a análise de variância combinada, utilizando as testemunhas comuns como medida do ajuste experimental. A partir da comparação das médias ajustadas das progênies dos diferentes ciclos é possível se estimar o progresso genético. Pode-se também utilizar o método dos modelos mistos, em especial, o BLUP para realizar análise sequencial, conforme realizado por Bruzi (2008).

Na tabela 2, é possível observar o progresso genético obtido com a seleção recorrente, para diferentes espécies autógamas. Em todos os casos os resultados foram expressivos. Desta forma, fica evidente o quão poderosa é esta ferramenta, desde que se disponha de uma boa população base, experimentos precisos, e persistência para se atingir o objetivo almejado (RAMALHO et al., 2012).

Tabela 2 Resultados de programas de seleção recorrente em espécies autógamas, para vários caracteres. Lavras, MG, 2018.

Cultura	Caráter selecionado	Unidade seletiva	Nº de ciclos	Progresso genético/ciclo	Fonte
Trigo	Resistência a <i>Fusarium</i>	Indivíduos F ₁	4	25%	Yang et al. (2000)
Trigo	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	8	4,5%	Wiersma et al.(2001)
Trigo	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	7	0,94%	Solis-Moya et al. (2002)
Soja	Teor de proteína	Progênes S _{0:1}	2	43,1%	Miller e Fehr (1979)
Soja	Teor de proteína	Indivíduos S ₀	8	5,8 g.kg ⁻¹	Wilcox (1998)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	3	5,3%	Kenworthy e Brim, (1979)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:4} e S _{0:5}	3	4,2%	Sumarno e Fehr (1982)
Soja	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	4	4,2%	Burton et al. (1990)
Soja	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	3	5,4 g/planta	Werner e Wilcox (1990)
Soja	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₃	3	567 kg.ha ⁻¹ .ciclo ⁻¹	Posadas et al. (2014)
Aveia	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1}	3	2,6% por ano	Holland et al. (2000)
Arroz	Ciclo precoce e médio	Progênes S _{0:2}	1	4,9% e 6,0%	Rangel et al. (1998)
Feijão	Produtividade de grãos	Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	4	5,7%	Ramalho et al. (2005)
Feijão	Produtividade de grãos	Indivíduos S ₀	6	2,1%	Amaro et al. (2007)
Feijão	Porte, Produção e tipo de grão	Progênes S _{0:1} e S _{0:2}	2	3,1%	Cunha (2005)
Feijão	Porte, Produção e tipo de grão	Progênes S _{0:1} , S _{0:2} e S _{0:3}	3	3,1%	Menezes Junior et al. (2008)

2.5 Interação genótipos x ambientes na cultura da soja

Devido a diversidade de ambientes de cultivo da soja, a obtenção de genótipos com uma ampla adaptação ambiental e alta produtividade perfaz-se de grande importância. O fenótipo de um indivíduo é influenciado pelo genótipo que é a constituição genética do mesmo, e pelo ambiente que pode ser definido como o conjunto das condições que afetam o crescimento e

desenvolvimento do organismo. Dessa forma, o fenótipo (F) a ser obtido será o resultado da ação do genótipo (G) e do ambiente (A), ou seja, $F = G + A$ (RAMALHO et al., 2012).

Entende-se por interação genótipos x ambientes o comportamento diferente de genótipos quando cultivados em ambientes distintos. Essas variações podem ser classificadas como: previsíveis, quando decorrem de fatores ambientais sistemáticos ou estão sob o controle do homem, como épocas de plantio, espaçamento, níveis de adubação, tipo de solo, entre outros; ou imprevisíveis, quando flutuam de forma inconsistente ao longo dos anos, como precipitação pluviométrica, ventos, incidência de insetos-praga e doenças, etc. (ALLARD; BRADSHAW, 1964).

A natureza da interação G x A tem sido considerada como um dos principais complicadores dos trabalhos de melhoristas na recomendação de cultivares. Segundo Robertson (1959), a interação é considerada simples quando não causa mudanças na classificação dos genótipos em diferentes ambientes, podendo sua recomendação ser de forma mais generalizada, visto que estes genótipos se adaptam a uma ampla faixa de ambientes. Por outro lado, a interação do tipo complexa provoca a alteração na classificação dos genótipos nos ambientes e, por isso, a recomendação é mais restrita devido ao genótipo exigir adaptação a ambientes específicos.

A interação G x A pode afetar um grande número de características, alterando a produtividade da soja drasticamente. O crescimento e desenvolvimento da cultura e, conseqüentemente, o rendimento de grãos resultam da interação entre as cultivares e fatores decorrentes do meio, como a sensibilidade ao fotoperíodo e à temperatura do ar que induzem o florescimento.

De acordo com Sedyama et al. (2009), a altitude também influencia no florescimento da soja. Cultivares têm seu ciclo prolongado com temperaturas amenas em altas altitudes (>700 m), ou reduzido com temperaturas elevadas e altitudes baixas.

Ainda destacam-se como fatores ambientais determinantes para altas produtividades, a umidade, indispensável para o perfeito desenvolvimento da planta (CASAGRANDE, 2001) e também uma melhor distribuição do arranjo de plantas na área (PIRES et al., 2000).

Devido à influência dos fatores ambientais na expressão fenotípica, espera-se que exista interação dos genótipos x ambientes, isto é, que o comportamento das diferentes linhagens e/ou cultivares não seja coincidente nos ambientes avaliados (RAMALHO et al., 2012).

Na presença da interação é possível de se adotar três estratégias distintas, isto é, identificação de cultivares específicas para cada ambiente; realizar a estratificação ambiental

em regiões as quais o componente da interação é minimizado; avaliação e identificação de cultivares com mais adaptabilidade/estabilidade fenotípica (PELUZIO et al., 2008).

Existem diversos métodos para se estudar a estabilidade de cultivares (RAMALHO et al., 2012; CRUZ et al., 2004; KANG; GAUCH, 1996). Vários trabalhos foram realizados visando estudar a adaptabilidade, a estabilidade e a interação de genótipos de soja em diferentes ambientes. Carvalho et al. (2002), Lima et al. (2008), Vasconcelos et al. (2010), Barros et al. (2012) e Marques et al. (2011) detectaram interação significativa entre cultivares x ambientes, evidenciando que o comportamento das cultivares não foi coincidente nos diferentes ambientes testados. Bueno et al. (2013), ressaltam ainda a influencia da interação genótipo x ambiente no incremento de teor de óleo, teor de proteína e rendimento de grãos.

Com o crescimento da soja na região Sul de Minas Gerais, alguns trabalhos foram realizados com intuito de estudar o efeito da interação genótipos x ambientes nessa região do estado. Soares et al. (2015), Gesteira et al. (2015), Silva et al. (2016) e Ribeiro et al. (2017) observaram interação genótipos x ambientes significativa para todas as condições avaliadas, evidenciando mais uma vez a importância de se estudar o comportamento dos genótipos quando cultivados em diferentes locais, anos agrícola ou condições de cultivo.

2.6 Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos

Através das estimativas de herdabilidade, variâncias genotípicas e fenotípicas, coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental; entre outros parâmetros genéticos é possível se conhecer a variabilidade fenotípica. Estes parâmetros refletem a natureza do genótipo e a ação ambiental, possibilitando a predição dos ganhos oriundos da seleção e a definição das estratégias que serão utilizadas no programa de melhoramento (ROSSMAN, 2001).

O emprego da variância no estudo dos caracteres quantitativos permite estimar a herdabilidade e o ganho genético com a seleção, e ainda possibilita se obter a estimativa sem o cancelamento dos desvios genéticos de sinais opostos, pois esses são elevados ao quadrado. Porém, o emprego da variância exige cuidados especiais, uma vez que a mesma é associada a erros acentuados, porque os desvios são elevados ao quadrado (RAMALHO et al, 2012).

Um dos parâmetros de maior utilidade para os melhoristas é a herdabilidade (h^2), uma vez que esta permite prever a possibilidade de sucesso com a seleção, pois reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada (RODRIGUES et al., 2011). Ramalho et al. (2012) ainda conceitua a herdabilidade como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total e destaca que é possível obtê-la de dois tipos: herdabilidade no sentido amplo

(h_a^2), que é definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica; e também a herdabilidade no sentido restrito (h_r^2), que por sua vez é a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica.

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como no restrito, assume valores compreendidos entre zero a um. Valores iguais a um indicam que as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Já valores iguais a zero indicam que a variabilidade do caráter não é de origem genética, ou seja, não existe correlação alguma entre o valor genético e o valor fenotípico (ALLARD, 1971).

A herdabilidade no sentido restrito é mais desejada pelos melhoristas, pois através dela é possível quantificar a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração. Já a herdabilidade no sentido amplo assume maior importância em plantas de propagação vegetativa, em que o genótipo é transmitido integralmente pelos descendentes (ROSSMAN, 2001).

Em situações em que herdabilidade é alta, a seleção nas gerações iniciais de autofecundação é considerada eficiente. Porém, caso seu valor seja baixo, é necessário que se realize a seleção apenas nas gerações mais avançadas, pois o aumento da homozigose, devido a autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (FEHR, 1987).

A herdabilidade geralmente é estimada a partir de uma análise de variância. É comum a ocorrência de erros associados às estimativas de herdabilidades e de outros componentes da variância genética, portanto estas estimativas requerem certo cuidado. Ainda que para o mesmo caráter, as estimativas de herdabilidade podem variar devido à amostragem, às diferenças populacionais e às diferenças ambientais (BÁRBARO, 2006).

Para o melhorista é de extrema importância conhecer a correlação entre os caracteres, em especial se um dos caracteres for de baixa herdabilidade ou difícil identificação. Assim, caso este caráter esteja correlacionado à um segundo caráter de alta herdabilidade, torna-se possível a obtenção de progressos mais rápidos no programa de melhoramento (CRUZ; REGAZZI, 1994).

A produtividade de grãos é o caráter mais importante no melhoramento genético da soja, por se tratar de um caráter quantitativo, o mesmo apresenta baixa herdabilidade, portanto, o estudo da correlação entre características que influenciam na produtividade de grãos é indispensável para a que os melhoristas obtenham sucesso na seleção de genótipos superiores.

Dentre as diversas contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas, destaca-se a possibilidade de se preverem os ganhos obtidos por determinada estratégia

de seleção. Desta forma, é possível traçar estratégias efetivas para o programa de melhoramento, prever o sucesso do esquema de seleção adotado e determinar quais as técnicas de maior eficácia (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Os fatores que mais influenciam de maneira direta ou indireta no ganho obtido por seleção são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção está diretamente relacionado com o diferencial de seleção, que consiste na diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Assim, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial de seleção. Porém, caso seja adotado uma pressão de seleção alta existe o risco de redução acentuada da variabilidade genética. Populações mais heterogêneas aumentam as probabilidades de ganho com a seleção, uma vez que este ganho é baseado em diferenças genéticas. O ambiente é outro fator que influi sobre ganho obtido por seleção (ROSSMAN, 2001).

Desta forma, fica evidente a importância da estimação de parâmetros genéticos e fenotípicos na seleção de genótipos superiores. Na tabelas 3 e 4 são apresentadas algumas estimativas de parâmetros genéticos obtidos para a cultura da soja, abordados neste tópico.

Tabela 3 Estimativa de parâmetros genéticos encontrados na literatura para alguns caracteres agronômicos da cultura da soja. Lavras, MG, 2018.

Caráter	Fonte	Parâmetros Genéticos			
		IS%	h^2 (%)	$\widehat{\sigma}_G^2$	GS (%)
Produtividade	Trevisoli et al. (2012)	10	66,0	-	27,9
	Rossmann (2001)	20	72,2	2409,9	57,38
	Leite et al. (2016)	18,5	53,0	-	16,71
Ciclo	Trevisoli et al. (2012)	10	40,0	-	-3,91
	Rossmann (2001)	20	82,2	17,14	-
	Santos (2016)	-	90,0	40,77	-
Altura de plantas	Trevisoli et al. (2012)	10	71,0	-	21,45
	Rossmann (2001)	20	93,9	213,1	23,57
	Santos (2016)	-	91,0	61,17	-
	Leite et al. (2016)	18,5	85,0	-	-4,88
Acamamento	Trevisoli et al. (2012)	10	58,0	-	-23,89
	Rossmann (2001)	20	88,6	0,05	-
Inserção do 1º legume	Leite et al. (2016)	18,5	81,0	-	-1,2
	Leite et al. (2015)	-	70,6	1,97	-
	Mauro et al. (1995)	30	70,0	-	3,7

IS – Intensidade de seleção; h^2 – herdabilidade; $\widehat{\sigma}_G^2$ – variância genética; e GS – ganho com a seleção.

Tabela 4 Valores encontrados na literatura das correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) entre os caracteres avaliados. Lavras, MG, 2018.

Caracteres avaliados		Autores			
		Lopes (2002)	Miranda (2006)	Cunha (2011)	Nogueira et al. (2012)
1	rf	0,86	0,59	0,48	0,86
	rg	0,88	0,74	0,52	0,88
2	rf	0,71	-	0,29	0,65
	rg	0,71	-	0,37	0,69
3	rf	0,63	-	0,24	0,59
	rg	0,65	-	0,24	0,64
4	rf	0,42	0,40	0,46	0,78
	rg	0,43	0,67	0,47	0,79
5	rf	-	0,13	0,0046	0,77
	rg	-	0,25	-0,0931	0,82
6	rf	0,26	0,26	0,49	0,65
	rg	0,26	0,39	0,50	0,68
7	rf	-	-0,06	0,03	0,65
	rg	-	-0,04	0,02	0,70
8	rf	0,85	-	0,17	0,65
	rg	0,89	-	0,17	0,69

1 = Número de dias no florescimento e número de dias para maturidade; 2 = Número de dias no florescimento e produtividade de grãos; 3 = Número de dias para maturação e produtividade de grãos; 4 = Número de dias no florescimento e altura de plantas na maturidade; 5 = Número de dias para florescimento e altura da inserção do primeiro legume; 6 = Dias para maturação e altura da planta; 7 = Número de dias para maturação e inserção do primeiro legume; 8 = Produção e altura da planta na maturação

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- ALLARD, R.W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: Edgar Blucer, 381p. 1971
- ALLARD, R.W. **Principles of Plant Breeding**. 2^a. ed. New York: John Wiley and Sons. 264p. 1999.
- ALMEIDA, L. D'A. de; LEITÃO FILHO, H. F.; MIYASAKA, S. Características do feijão carioca, um novo cultivar. **Bragantia**. v30. 1971
- ALVES, A. F. **Dois ciclos de seleção recorrente no melhoramento de feijão carioca**. 2012. 61 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 2012.
- AMARO G. B.; ABREU A. F. B.; RAMALHO M. A. P.; SILVA F. B. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, p. 584-588, 2007.
- BÁRBARO, I. M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. Tese (Doutorado). Jaboticabal, 75 f, 2006.
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T ; FIDELIS, R. R. ; CAPONE, A. .Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja por meio de métodos uni e multivariado. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v. 3, p. 49-58, 2012.
- BASF. **Agricultura**. Brasil, 2016. Disponível em: <<https://www.basf.com/br/pt/products-and-industries/agriculture.html>>. Acesso em: 22 nov 2016
- BAYER. **Liberty Link**. Brasil, 2016. Disponível em: <<https://www.agro.bayer.com.br/produtos/liberty-link>>. Acesso em: 15 out 2010
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 Ed., Woodbury, Minnesota: Editora Stemma Press, p.400, 2010.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 6 Ed., Viçosa: Editora UFV, 529p., 2013
- BOTELHO, F. B. S.; RAMALHO, M.A.P.; ABREU, A.de F.B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro 'Carioca'. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 1437-1442, 2007.
- BRUZI, A. T. **Aplicações da análise de modelos mistos em programa de seleção recorrente no feijoeiro comum**. 71 p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 2008

BUENO, R. D.; BORGES, L. L.; ARRUDA, K. M. A.; BEHRING, L. L.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8 p. 4853-4859, 2013.

BURTON, J.W.; KOINANGE, E.M.K.; BRIM, C.A. Recurrent selfed progeny selection for yield in soybean using genetic male sterility. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 6, p. 1222-1226, Nov./Dec. 1990.

CARVALHO, A.; KRUG, C.A.; MENDES, J.E.T.; ANTUNES FILHO, H; MORAES, H. de; ALOISI SOBRINHO, J.; MORAES, M.V. de & ROCHA, T.R. da. Melhoramento do cafeeiro: IV. Café Mundo Novo. **Bragantia**, Campinas, 12:97-129, 1952

CARVALHO, C. G. P. de; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; ALMEIDA, L. A. de; KIIHL, R. A. S.; OLIVEIRA, M. F. de. Interação genótipo x ambiente no desempenho produtivo da soja no Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n.n. 7, p. 989-1000, 2002.

CASAGRANDE, E.C. et al. Expressão gênica diferencial durante déficit hídrico em soja. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v.13, n.2, p.168-184. 2001.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Safra grãos**. Brasília, 2017. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 02 dez. 2017.

COMISSÃO TÉCNICA NACIONAL DE BIOSSEGURANÇA. **Processo de OGM**. Brasília, 2017. Disponível em: <<http://ctnbio.mcti.gov.br/processo-de-ogm>>. Acesso em: 08 jul. 2017

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. Ed. Viçosa: Editora UFV, 480 p, 2004.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, Imprensa Universitária. Cap.3, p.73-101: Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente, 1994.

CUNHA, M.C.G. **Desempenho de 79 progênies de soja na geração F6 e correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais**. 60 p. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Uberlândia, 2011.

CUNHA, W. G. **Seleção recorrente em feijão do tipo carioca para porte ereto**. 2005. 130p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG. 2005

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

FUNDAÇÃO DE APOIO À PESQUISA AGROPECUÁRIA DO MATO GROSSO. Fundação MT. **Boletim de pesquisa de soja 2015/2016**. Rondonópolis, 492 p. 2016.

FUNDAÇÃO TRIÂNGULO. **Institucional**. Uberaba, 2016
<<http://www.fundacaotriangulo.com.br/>> Acesso em: 30 out 2016.

GERALDI, I. O. Por que realizar seleção recorrente? In: SIMPÓSIO DE ATUALIZAÇÃO EM GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS, 9., 2005, Lavras. **Anais...** Lavras: UFLA, p. 1-8. 2005

GESTEIRA, G. de S.; ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. de; SILVA, K. B. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para a região Sul de Minas Gerais. **Revista Agrogeoambiental**, Pouso Alegre, v. 7, n. 3, p. 79-88, set. 2015.

HOLLAND, J.B. et al. Recurrent selection in oat for adaptation to diverse environments. **Euphytica**, v. 113, n. 1, p. 195-205, 2000.

HULL, F. H. Recurrent selection and specific combining ability in corn. **J. Am. Soc. Agron.**, v. 37, p. 134-145, 1945.

JOHANNSEN, W. L. **Veber erblichkeit in populationen and in reinem leinem**. Gustav, Jena. 1903.

KANG, M. S.; GAUCH Jr., H. G. **Genotype by environment interaction**. New York: CRC Press, 416 p. 1996.

KASTER, M.; FARIAS, J. R. B. **Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja - terceira aproximação**. Londrina: Embrapa Soja .69 p. (Embrapa Soja. Documentos, 330). 2012.

KELLY, J. D.; ADAMS, M. W. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. **Euphytica**, Wageningen, v. 36, n. 1, p. 69-80, 1987.

KENWORTHY, W.J.; BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 3, p. 315-318, May/June 1979.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Com. Sci.**, Bom Jesus, v.7, n.3, p.302-310, Ago./Out. 2016.

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. G. P.; PRETE, C. E. C.; ARIAS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. F. F. Interação genótipo-ambiente da soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná, Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 729-736, 2008.

LOPES, A.C.A. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

- MARQUES, M. C.; HAMAWAKI, O. T.; SEDIYAMA, T.; BUENO, M. R.; CRUZ, C. D.; REIS, M.S.; NOGUEIRA, A.P.O. . Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura. **Bioscience Journal** (UFU. Impresso), v. 27, p. 59-69, 2011.
- MAURO, A. O.; SEDYIAMA. T.; SEDYIAMA, C. S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 30, n. 5, p. 667-672, 1995.
- MENEZES JÚNIOR, J. Â. N. ; RAMALHO, M. A. P. ; ABREU, A. F. B. Seleção Recorrente para três caracteres do feijoeiro. **Bragantia** (São Paulo), v. 67, p. 833-838, 2008.
- MILLER, J.E.; FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 19, n 1, p. 101-106, Jan./Feb. 1979.
- MIRANDA, F. D. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão da soja: herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores**. 91 p. Tese (doutorado) – Universidade Federal de Viçosa, 2006.
- MONSANTO DO BRASIL. **História**. Brasil, 2016. Disponível em: <<http://www.monsanto.com/global/br/quem-somos/pages/historia.aspx>>. Acesso em: 12 jun 2016.
- NOGUEIRA, A. P. O. et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Biosci. J**, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.
- PELUZIO, J. M. et al. Análise de regressão e componentes principais para estudo da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agrária**, v. 09, n. 04, p. 455-462, 2008.
- PIRES, J.L.F. et al. Efeito de populações e espaçamentos sobre o potencial de rendimento da soja durante a ontogenia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.8, p.1541-1547, 2000.
- PIRES, L. P. M. ; RAMALHO, M. A. P. ; ABREU, A. F. B. . Efficiency of phenotypic recurrent selection for plant architecture in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 56, p. 143, 2013.
- POSADAS, L. G.; ESKRIDGE K. M.; SPECHT J. E., GRAEF G. L. Elite Performance for Grain Yield from Unadapted Exotic Soybean Germplasm in Three Cycles of a Recurrent Selection Experiment. **Crop Science**. 54:2536-2546. 2014
- RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA. v.1, p. 365, 2012.
- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. **Euphytica**, Wageningen, v. 144, n. 1/2, p. 23-29, 2005.
- RANGEL, P.H.N.; ZIMMERMANN, F.J.P.; NEVES, P.C.F. Estimativas de parâmetros genéticos e resposta à seleção nas populações de arroz irrigado CNA – IRAT 4 PR e cna – irat 4 me. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 33, n. 6, p. 905-912. 1998.

- REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, 2004.
- RIBEIRO, A. B M. et al. Productive performance of soybean cultivars grown in different plant densities. **Cienc. Rural**, Santa Maria, v. 47, n.7, 2017.
- ROBERTSON, A. The sampling variance of the genetic correlation coefficient. **Biometrics**, v. 15, n. 3, p. 469-485, 1959.
- RODRIGUES, F.; VON PINHO, R. G.; ALBUQUERQUE, C. J. B.; VON PINHO, E. V. R. Index of selection and estimation of genetic and phenotypical parameters for traits related with the production of vegetable corn. **Cienc. agrotec.**, Lavras, v. 35, n. 2, p. 278-286, mar./abr., 2011.
- ROSSMAN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 91 f. Dissertação (mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2001.
- SANTOS, E.R. **Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agronômicas em baixas latitudes**. 172 p. Tese (doutorado) – Universidade de Brasília, 2016.
- SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Editora Mecenaz, Londrina - PR, 352 p, 2015.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BARROS, H.B. Cultivares. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, p.77-91, 2009.
- SILVA, K.B. ; BRUZI, A.T. ; ZAMBIAZZI, E.V. ; SOARES, I.O. ; PEREIRA, J.L.A.R. ; CARVALHO, M.L.M. . Adaptability and stability of soybean cultivars for grain yield and seed quality. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1, 2016.
- SILVA, C. A.; ABREU, A. F. B.; RAMALHO, M. A. P. Associação entre arquitetura de planta e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro de porte ereto e prostrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1647-1652, 2009.
- SILVA, F. B.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Seleção recorrente fenotípica para florescimento precoce de feijoeiro “carioca”. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1437-1442, 2007.
- SOARES, I.O.; REZENDE, P.M. ; BRUZI, A.T. ; ZAMBIAZZI, E.V. ; ZUFFO, A.M. ; SILVA, K.B. ; GWINNER, R. . Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 8995-9003, 2015.
- SOLIS-MOYA, E.; et al. Selección massal visual recorrente para rendimento de grano em una población androestéril de trigo harinero. **Agrociencia**, v. 36, n. 2, p. 191-200, Mar./Abr. 2002.
- SUMARNO; FEHR; W. R. Response to recurrent selection for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 2, p. 295-299, Mar./Apr. 1982.

- TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; VILLELA, O. T.; ARAÚJO, L. C. A.; MAURO, A. O. Estimativa de parâmetros genéticos em linhagens precoces de soja com aptidão para áreas de reforma de canavial. **Ciência & Tecnologia**, v. 4, 2012.
- UNFRIED, J. R.; BRAGA, N. R. Os desafios da soja tropical no Brasil. **Boletim de Pesquisa de Soja**, 2011. Fundação-MT, 2011.
- VASCONCELOS, E.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D.; SEDIYAMA, T.; SCAPIM, C. A. Adaptability and stability of semilate and late maturing soybean genotypes in Minas Gerais state. **Acta Scientiarum**. Maringá, v. 32, n. 3, p. 411-415, 2010
- VIEIRA, C.; BORÉM, A.; RAMALHO, M. A. P.; CARNEIRO, J. E. S. Melhoramento do Feijão. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. 2. ed. Viçosa: UFV, 2005. p. 301-392.
- WERNER, B. K.; WILCOX, J. R. Recurrent selection for yield in *Glycine max* using genetic male- sterility. **Euphytica**, Wageningen, v. 50, n. 1, p. 19-26, 1990.
- WIERSMA, J.J.; BUSCH, R.H.; FULCHER, G.G.; HARELAND, G.A. Recurrent selection for kernel weight in spring wheat. **Crop Science**, v. 41, n. 4, p. 999-1005, July/Aug. 2001.
- WILCOX, J.R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 1536-1540, 1998.
- YANG,Z.P.; YANG, X.Y.; HUANG, D.C. Improvement of resistance to *Fusarium* head blight by recurrent selection in an intermating breeding spring wheat population using the dominant male-sterile gene *ms₂*. **Euphytica**, v. 112, n. 1, p. 79-88, 2000

**CAPÍTULO 2 – ESTIMATE OF GENETIC AND PHENOTYPIC PARAMETERS
ASSOCIATED WITH SOYBEAN PROGENIES IN A RECURRENT SELECTION
PROGRAM**

RESUMO

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos é fundamental para se assegurar o sucesso de um programa de melhoramento, pois estas auxiliam na tomada de decisão do melhorista e na seleção de genótipos superiores. Ante ao exposto, objetivou-se estimar parâmetros genéticos e fenotípicos associados às progênes do programa de seleção recorrente para produtividade de grãos em soja da UFLA; e selecionar progênes geneticamente superiores, com bons atributos agrônômicos para a região sul de Minas Gerais / Campo das Vertentes. Foram avaliadas progênes $S_{0:1}$ no município de Lavras, ano agrícola 2015/2016. Adotou-se parcela de 1 linha de 2,0 metros com duas repetições, látice simples 12x12 (131 progênes + 13 parentais). As progênes $S_{0:2}$ foram avaliadas na safra de verão 2016/2017 nos municípios de Lavras, Nazareno e Itutinga. Para as avaliações, adotou-se látice triplo 8x8 (51 progênes + 13 parentais), utilizando-se 1 linha de 3 metros. Foram avaliados os caracteres dias para o florescimento, maturação absoluta, altura de inserção do primeiro legume, altura da planta, índice de acamamento e produtividade de grãos. Os dados foram analisados usando a abordagem de modelos mistos. Foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos, ganho esperado e realizado com a seleção, correlação genética, resposta correlacionada, além da distribuição de frequência das médias ajustadas. As estimativas dos componentes de variância evidenciam a existência de variabilidade entre as progênes possibilitando a seleção de genótipos superiores. Verificou-se efeito da interação genótipos x ambientes para todos os caracteres avaliados. Todas progênes avaliadas apresentam bom desempenho agrônômico, com produtividade superior à média nacional. A partir da análise de correlação genotípica foi possível observar estimativas significativas entre os caracteres maturação absoluta e inserção do 1º legume com o caráter dias para o florescimento, bem como entre acamamento e os caracteres maturação absoluta e dias para o florescimento. Ao se selecionar as progênes mais produtivas, houve um acréscimo nos valores de maturação absoluta, dias para o florescimento, altura de plantas e altura de inserção do 1º legume. Também foi possível de se obter ganhos com a seleção para produtividade de grãos, para todas as intensidades de seleção. Contudo, fica evidente que os maiores ganhos estão associados à menor intensidade de seleção.

Palavras-chave: *Glycine max.* Melhoramento genético. Resposta correlacionada. Herdabilidade. Ganho com a seleção

ABSTRACT

Obtaining estimates of genetic and phenotypic parameters is fundamental to ensure success in a breeding program because they assist the breeder in making decisions and in selecting superior genotypes. Thus, the aim of this study was to estimate genetic and phenotypic parameters associated with progenies from the recurrent selection program for grain yield in soybean from the Universidade Federal de Lavras (UFLA); as well as select genetically superior genotypes with good agronomic attributes for the southern region of Minas Gerais / Campo das Vertentes. The evaluation of $S_{0:1}$ progenies was conducted in the city of Lavras in the 2015/2016 crop year. Plots consisted of 1 row of 2-meter length with two replications in a 12 x 12 simple lattice design (131 progenies + 13 parental lines). The $S_{0:2}$ progenies were evaluated in the 2016/2017 summer crop season in the cities of Lavras, Nazareno, and Itutinga. For the evaluations, an 8 x 8 (51 progenies + 13 parent lines) triple lattice design was adopted, using plots of 1 row of 3-meter length. The following traits were evaluated: days to flowering, days to full maturity, bottom pod height, plant height, lodging score, and grain yield. The data were analyzed using a mixed-model approach. The genetic and phenotypic parameters, gain expected and gain achieved from selection, genetic correlation, correlated response, and the frequency distribution of the adjusted means were estimated. Estimates of the variance components show variability among the progenies, making selection of superior genotypes possible. An effect of the genotype x environment interaction was found for all the traits evaluated. All the progenies evaluated show good agronomic performance, with yield higher than the Brazilian average. From analysis of genotypic correlation, significant estimates were found between the traits of days to full maturity and bottom pod height and the trait of days to flowering, as well as between the lodging score and the traits of days to full maturity and days to flowering. In selecting the highest yielding progenies, the values of days to full maturity, days to flowering, plant height, and bottom pod height increased. Moreover, it was possible to obtain gains from selection for grain yield for all selection intensities. Nevertheless, it is clear that higher gains are associated with lower selection intensity.

Keywords: *Glycine max.* Plant breeding. Correlated response. Heritability. Gain from selection.

1 INTRODUCTION

The hybridization method is the strategy most used in soybean breeding programs in Brazil. In these programs, various biparental crosses are carried out annually for the purpose of obtaining segregating populations. After that, they are usually conducted by the bulk method for two or three generations of inbreeding. In later steps, the progenies / lines are evaluated aiming to select superior genotypes. The cultivars that are recommended through the Value for Cultivation and Use (VCU) trials are incorporated in crossing blocks to obtain new populations and once more carry out the steps already mentioned. It is clear that, even though this is a cyclical process, the recombination of superior genotypes occurs only after 6 or 8 generations, which attenuates an increase in the frequency of favorable alleles.

With the aim of maximizing resources, as well as efficient use of the time necessary for identification of superior genotypes for recombination, recurrent selection is a useful strategy. Although this strategy has been promoted for breeding of allogamous plants, its use is reported in the literature in autogamous plants like common bean (MENEZES JUNIOR et al., 2008; AMARO et al., 2007; RAMALHO et al., 2005; CUNHA, 2005) and soybean (POSADAS et al., 2014; BURTON et al., 1990; WERNER; WILCOX, 1990). Reports regarding the use of this technique for the purpose of increasing grain yield in Brazil were not found in the literature.

Obtaining estimates of genetic and phenotypic parameters, such as genetic and phenotypic variances, heritability, genetic and phenotypic correlations, and gains expected from selection are essential for success of plant breeding programs because the breeder makes decisions based on them. Authors highlight the importance of obtaining parameters from experimental data coming from more than one environment (year/location) because the parameters estimated from only one environment are considerably influenced by the interaction effect, and may lead to mistakes in making decisions related to genotype selection.

Thus, the aim of this study was to estimate genetic and phenotypic parameters associated with the progenies of the recurrent selection program for grain yield in soybean and select genetically superior progenies with good agronomic attributes.

2 MATERIALS AND METHODS

2.1 The recurrent selection program

The following crosses using the lines (CD250 RR, TMG7161 RR, CD237 RR, M7908 RR, CD2630 RR, CD215, 5G830, BRS FAVORITA RR, V-TOP RR, NK7074 RR, NA 5909 RG, BMX Força RR, 5D690RR) gave rise to $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ segregating progenies.

The crosses were carried out in a greenhouse in the 2013/2014 summer season adopting the top crosses scheme. Manual hybridization followed a procedure similar to that described by Borém et al. (2009). Seeds of the F_1 generation were multiplied in the 2014 winter crop season in a greenhouse, growing two plants per pot. In the 2014/2015 summer crop season, the S_0 population was sown in 14 rows of 5-meter length, considering 15 seeds/meter as sowing density. At physiological maturity, individual plants were pulled, aiming to obtain the $S_{0:1}$ progenies. The plants were manually threshed individually.

The $S_{0:1}$ progenies were evaluated in the 2015/2016 summer crop season in the city of Lavras at the *Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Muquém*, at 21°14' S, 45°00' W, and 918 m AMSL. A plot consisted of 1 row of 2.0-meter length, with two replications, considering a 12 x 12 simple lattice design (131 progenies + 13 parent lines).

The $S_{0:2}$ progenies were evaluated in the 2016/2017 summer crop season in the city of Lavras at the *Centro de Desenvolvimento Científico e Tecnológico em Agropecuária - Fazenda Muquém*, at 21°14' S, 45°00' W, and 918 m AMSL; in the city of Itutinga at *Fazenda Milanez*, at 21°17'52" S, 44°39'28" W, and 969 m AMSL; and in the city of Nazareno at *Fazenda Grupo G7*, at 21°12'59" S, 44°36'41" W, and 935 m AMSL. For the evaluations, an 8 x 8 triple lattice design was used (51 progenies + 13 parental lines). One row of 3-meter length was used as the experimental plot.

The climatological data of the experimental environments are shown in Figures 1, 2, 3, and 4.

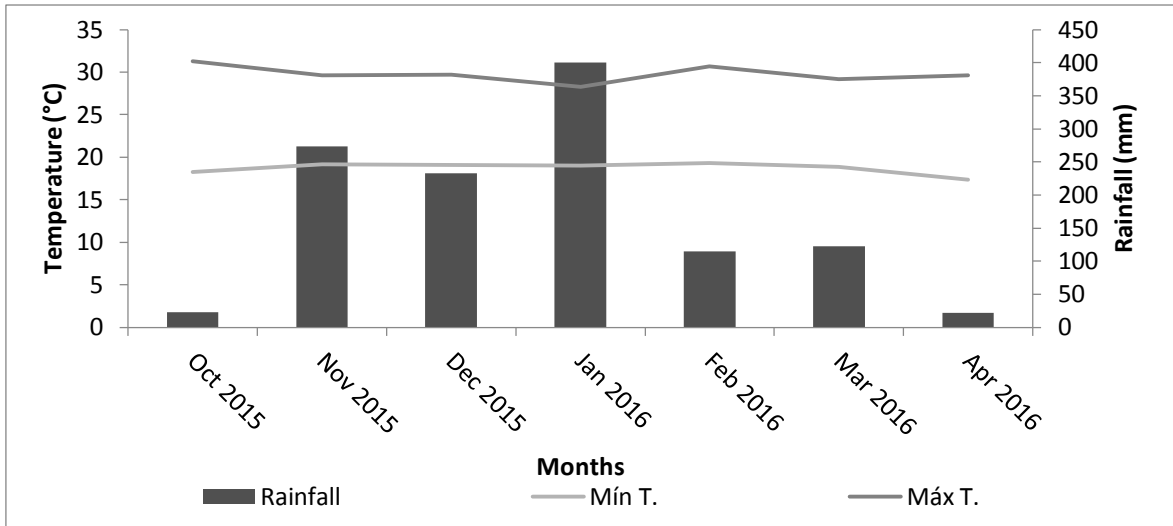


Figure 1 Monthly variations of rainfall, maximum temperature, and minimum temperature in the period from October to April of the 2015/2016 crop season in the city of Lavras, MG, Brazil. Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (2018).

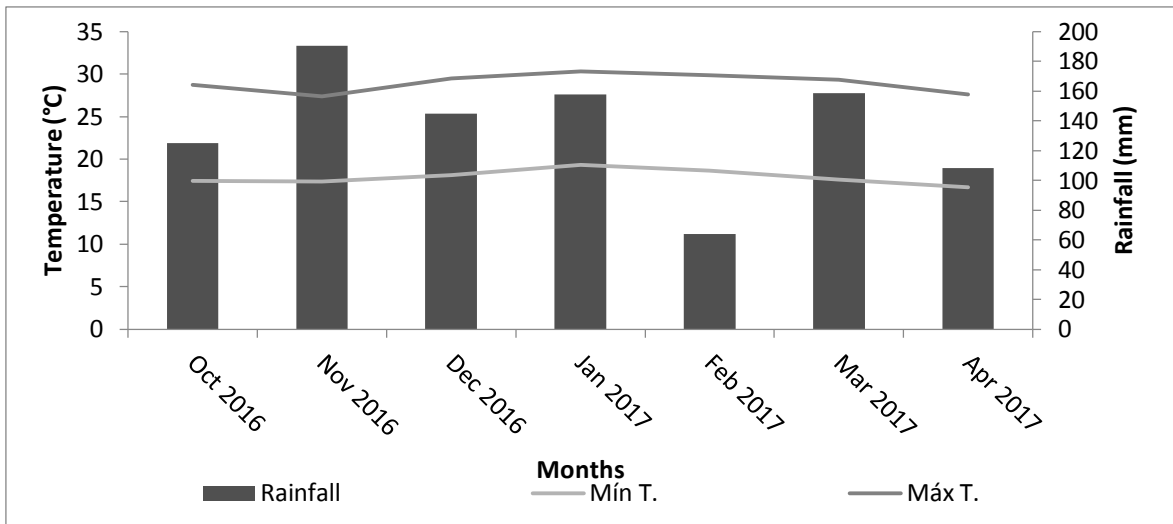


Figure 2 Monthly variations of rainfall, maximum temperature, and minimum temperature in the period from October to April of the 2016/2017 crop season in the city of Lavras, MG, Brazil. Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (2018).

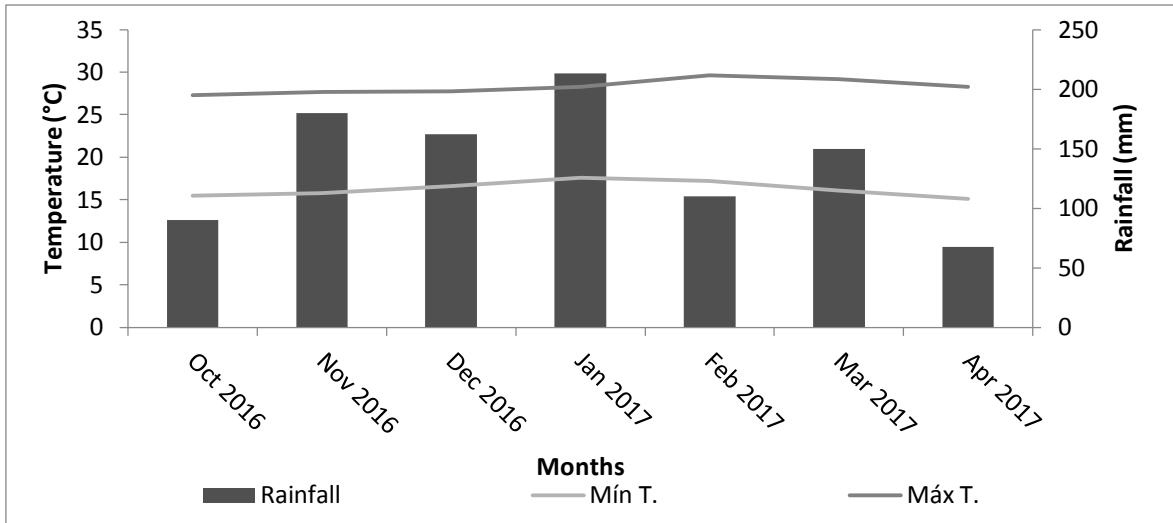


Figure 3 Monthly variations of rainfall, maximum temperature, and minimum temperature in the period from October to April of the 2016/2017 crop season in the city of Nazareno, MG, Brazil. Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (2018).

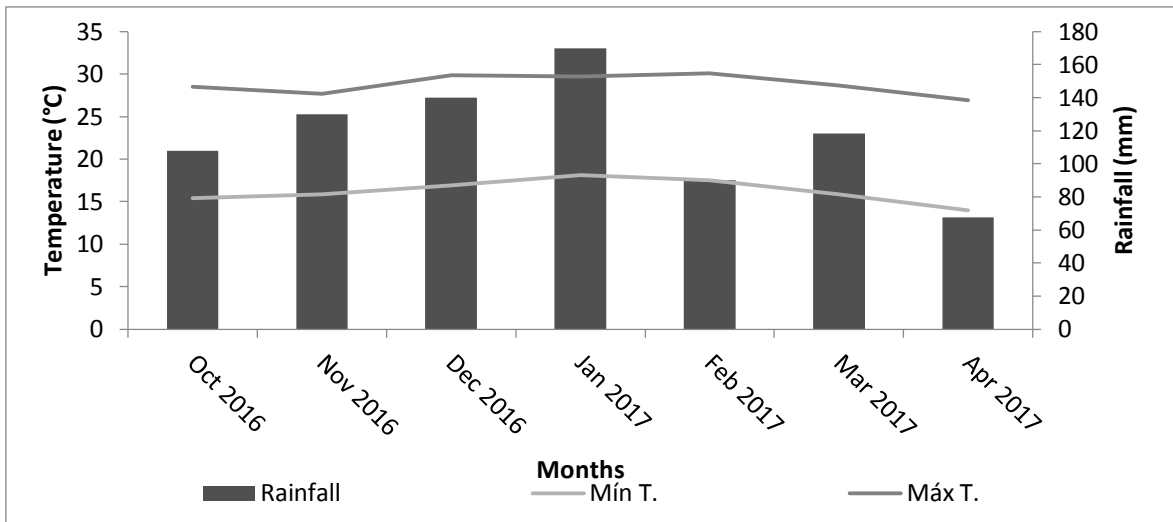


Figure 4 Monthly variations of rainfall, maximum temperature, and minimum temperature in the period from October to April of the 2016/2017 crop season in the city of Itutinga, MG, Brazil. Instituto Nacional de Meteorologia - INMET (2018).

2.2 Conducting the experiments

In all the environments evaluated, a no-tillage system was used, with plant rows spaced at 0.50 m. Inoculation was performed in the line at the time of planting using *Bradyrhizobium japonicum* in a liquid inoculant form at a proportion of 1,200,000 bacteria per seed. Seeds were sown manually and thinned at 25 days after germination, ensuring the stand desired in each one

of the experiments. The other crop treatments were carried out according to the procedure presented by Soares et al (2015).

The following traits were evaluated:

- Days to flowering: 50% of the plants of the plot in full bloom, R2 stage;
- Days to full maturity: 90% of the plants of the plot in the R8 stage (full maturity);
- Bottom pod height: distance from the plant root collar to the lowest node which had pods, in centimeters, of 5 plants taken at random;
- Plant height: distance from the plant root collar to the tip of the main stem, in centimeters, measured in 5 plants taken at random;
- Lodging score: evaluated according to Bernard et al. (1965) with the following scores: 1, for all upright plants; 2, for some leaning or slightly lodged plants; 3, for all the plants moderately leaning or 25-50% lodged; 4, for all the plants severely leaning or 50-80% lodged; and 5, for more than 80% of the plants lodged;
- Grain yield: value in bags.ha⁻¹ after conversion to 13% moisture content.

2.3 Data analysis

Data were analyzed with the assistance of the R Development Core Team (2016) software through the mixed-model approach (BERNARDO, 2010). This type of approach was developed for animal breeding, but it has been widely used in plant breeding (PIEPHO; MOHRING, 2008) since it is quite advantageous when data are unbalanced.

First, individual analysis was performed for each one of the environments according to the model presented below:

$$y_{ijk} = \mu + p_i + r_j + b_{k(j)} + e_{ijkl}$$

where:

y_{ijk} : observation of the plot that received progeny i in block k within replication j ;

μ : general constant associated with all the observations;

p_i : random effect of progeny i

r_j : random effect of replication j ;

$b_{k(j)}$: random effect of block k within replication j ;

e_{ijkl} : random experimental error associated with observation y_{ijk} .

After that, joint analysis involving the four environments of evaluation was carried out, considering the model:

$$y_{ijkl} = \mu + p_i + r_{j(l)} + b_{k(jl)} + a_l + (ta)_{il} + e_{ijkl}$$

where:

y_{ijkl} : observation in reference to progeny i , in replication j , in block k , in environment l ;

μ : general constant associated with all the observations;

p_i : random effect of progeny i ;

$r_{j(l)}$: random effect of replication j within environment l ;

$b_{k(jl)}$: random effect of block k within replication j in environment l ;

a_l : fixed effect of environment l ;

$(ta)_{il}$: random effect of the progeny x environment interaction;

e_{ijkl} : random experimental error associated with observation y_{ijkl} .

2.4 Estimate of the genetic and phenotypic components

The variance components were estimated through the restricted maximum likelihood (REML) method. To assess experimental quality, the coefficient of variation and selective accuracy were estimated. Selective accuracy was determined by the following estimator (GEZAN; MUNOZ, 2014):

$$r_{\hat{g}g} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_G^2} \right)}$$

where:

PEV : prediction error variance of the BLUP;

σ_G^2 : genotypic variance.

The estimates of coefficient of variation were obtained by:

$$CV = \frac{\sqrt{\sigma_E^2}}{\bar{x}}$$

where:

σ_E^2 : environmental variance;

\bar{x} : mean.

For the purpose of obtaining estimates of association between the traits analyzed, genotypic correlation analyses were made according to the expression:

$$r_{xy} = \frac{Cov_{Gxy}}{\sqrt{\sigma_{Gx}^2 \sigma_{Gy}^2}}$$

where:

Cov_{Gxy} = estimate of genotypic covariance between the variables X and Y;

$\sigma_{Gx}^2, \sigma_{Gy}^2$ = estimates of the genotypic variances of the X and Y variables, respectively.

Correlation analyses were carried out through the contribution of software R Development Core Team (2016). Significance was checked by the Mantel test.

The heritabilities (h^2) on the progeny level were obtained in accordance with the estimator proposed by Piepho and Mohring (2007)::

$$h^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \frac{\sigma_{GA}^2}{n} + \frac{\sigma_E^2}{nr}}$$

where:

σ_G^2 : genotypic variance;

σ_{GA}^2 : variance of the genotype x environment interaction;

σ_E^2 : environmental variance;

n : number of environments;

r : harmonic mean in the number of replications.

The genetic gain expected from selection (GE) was estimated for all the traits based on deviation from the genotypic values of the progenies, as well as gain achieved (GA) for yield at seven selection intensities (1%, 5%, 10%, 15%, 20%, 25%, and 30%) (RAMALHO et al.,

2012). Considering the grain yield trait, the genotypes with the highest means of BLUP in generation i were selected, and their mean in generation j was verified at the seven selection intensities already mentioned. The estimates of gain achieved (GA%) were obtained by the following estimator:

$$GA(\%) = \frac{\overline{BLUP}_{j/i}}{\bar{y}_j} \times 100$$

where:

$\overline{BLUP}_{j/i}$ = means of BLUP of the genotypes in generation j, by selection made in generation i;

\bar{y}_j = overall mean of the genotypes in generation j;

For the estimates of correlated response (CR%), the following estimator was used:

$$CR_{y/y'}(\%) = \frac{\overline{BLUP}_{y/y'}}{\bar{y}} \times 100$$

where:

$\overline{BLUP}_{y/y'}$ = means of BLUP of the genotypes for trait y, by selection carried out for trait y';

\bar{y} = overall mean of the genotypes for trait y.

3 RESULTS

The estimates of the genetic and phenotypic parameters for all the traits evaluated, which were obtained from the $S_{0:1}$ progenies in the Lavras 2015/2016 environment, and the $S_{0:2}$ progenies in the Lavras 2016/2017, Nazareno 2016/2017, and Itutinga 2016/2017 environments are shown in Tables 1A, 2A, 3A, and 4A in the appendix.

Experimental accuracy varied in accordance with the environments and the traits. The accuracy estimates ranged from 35.77% (grain yield, Itutinga 2016/2017) (Table 4A) to 98.00% (days to full maturity, Lavras 2016/2017) (Table 2A). The environmental coefficient of variation also showed variations according to the environments and the traits evaluated. The estimates were 2.49% (days to maturity, Lavras 2016/2017) (Table 2A) to 60.83% (lodging, Nazareno 2016/2017) (Table 3A).

Heritability allows the possibility of success from selection to be predicted because it reflects the proportion of phenotypic variation that can be inherited. The estimates obtained range from 0.13 (yield, Itutinga 2016/2017) (Table 4A) to 0.96 (days to maturity, Lavras 2016/2017) (Table 2A).

The estimates of the variance components associated with the progenies confirm variability. Among all the estimates of genetic variances obtained (Tables 1A, 2A, 3A, and 4A), only the estimate for the grain yield trait in Itutinga 2016/2017 (Table 4A) did not show a significant difference at 5% probability by the maximum likelihood ratio test.

The maximum, minimum, and mean values and amplitude of variation of the individual BLUP mean values for all the traits and environments evaluated are shown in Tables 6A, 7A, 8A, and 9A, in the appendix. The mean yield estimates ranged from 46.92 bags.ha⁻¹ (Itutinga 2016/2017) (Table 9A) to 83.72 bags.ha⁻¹ (Lavras 2015/2016) (Table 6A). The variation observed between the estimates of the mean denotes the environment effect, in this case not only the effect of the location/crop year, but also the generation effect (Tables 6A, 7A, 8A, and 9A).

Upon obtaining estimates of genetic and phenotypic parameters considering only one environment, it is not possible to isolate the component of the interaction. Thus, the estimates of genetic variance may be over- or underestimated. To isolate the component of the interaction, at least two genotypes and two environments are necessary. Thus, in the present study, joint analyses were carried out involving the three environments of the $S_{0:2}$ generation as well as with all the environments/generations evaluated in the present study. First, the joint estimates of the

genetic and phenotypic parameters will be approached for all the traits evaluated that were obtained from the $S_{0:2}$ progenies in the 2016/2017 crop year, Table 5A of the appendix.

Except for the trait of bottom pod height, all the traits exhibited accuracy estimates of high magnitude, higher than 80%. The coefficient of variation ranged from 3.09 (days to maturity) to 51.92 (lodging) (Table 5A). The heritability estimates showed variation from 0.17 (bottom pod height) to 0.96 (days to flowering) (Table 5A).

Except for the bottom pod height trait, the estimates of genetic variance for the traits were other than zero. It can also be inferred that most of the variation observed occurred due to the genotype effect and not due to the genotype x environment interaction effect (Table 5A). Nevertheless, it is necessary to emphasize that the genotype x environment effect was significant for all the traits, except for yield, confirming the environment effect on progeny performance (Table 5A).

In regard to joint estimates of the BLUP means, the values obtained for the yield trait ranged from 52.74 to 84.69 bags.ha⁻¹. A wide amplitude for the other traits can also be seen (Table 10A).

In the present study, the combined estimates of the genetic and phenotypic parameters for all the traits were also obtained from the $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ progenies in all the environments evaluated. They are shown in Table 5. The accuracy estimates for combined analysis ranged from 58.78% (bottom pod height) to 97.12% (days to flowering). Except for bottom pod height, all the other traits exhibited accuracy estimates above 80%. The coefficient of variation, for its part, ranged from 3.26% (days to maturity) to 48.07% (lodging) (Table 5).

Interaction variance was significant for all the traits evaluated (Table 5). From this, it can be inferred that progeny performance did not coincide in the environments evaluated for the different traits. It can also be inferred that there is a significant difference among the progenies since the estimates of genetic variance were other than zero for all the traits in combined analysis (Table 5). Variability can be confirmed by the heritability estimates. This parameter ranged from 0.33 (bottom pod height) to 0.95 (Table 5).

Table 5 Estimates of genetic and phenotypic parameters for the traits of yield (Yield), days to maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), bottom pod height (BPH), and lodging (Lodg.). Data refer to S_{0:1} and S_{0:2} progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop years.

	Yield (bags.ha⁻¹)	DFM (days)	DTF (days)	PH (cm)	BPH (cm)	Lodg.
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	65.09*	41.38*	20.06*	40.44*	0.91*	0.20*
$\widehat{\sigma}_{GxE}^2$	25.53*	10.02*	1.54*	12.43*	2.89*	0.17*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	203.39	18.81	5.41	54.14	10.38	0.66
h²	0.70	0.90	0.95	0.82	0.33	0.65
r_{gg}%	83.25	94.34	97.12	90.22	58.78	80.77
CV%	19.70	3.26	4.08	7.59	17.63	48.07

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - genetic variance; $\widehat{\sigma}_{GxA}^2$ - variance of genotype x environment interaction; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - environmental variance; **h²** - heritability; **r_{gg}%** - accuracy; **CV%** - coefficient of variation; * Significant at 5% probability by the maximum likelihood ratio test.

The frequency distributions, just as the maximum, minimum, and mean values and amplitude of variation of the combined BLUP means for all the traits and environments evaluated are shown in Figure 1 and Table 6, respectively. The combined BLUP means, detailed by progeny, are shown in Table 11A, in the appendix.

Just as the estimates of the variance components, the frequency distributions of the BLUP means confirm variability among the progenies and also denote the quantitative nature of the traits due to continuous distribution (Figure 1).

The amplitude of variation for grain yield was 31.95 bags.ha⁻¹ (Table 6). All the progenies evaluated had performance higher than the Brazilian average of 56.06 bags.ha⁻¹ (CONAB, 2017) (Table 11A). The lowest value obtained, 52.74 bags.ha⁻¹, corresponds to the control CD 250, and not to the progenies (Table 11A). It is also important to emphasize that 79% of the progenies had yield higher than 70 bags.ha⁻¹, exhibiting their high yield potential (Table 11A; Figure 5).

For the trait of days to maturity, the values ranged from 121 to 146 days, and for days to flowering, 47 to 65 days. It is noteworthy that 53% of the progenies reached their full maturity in 135 days, making a second crop season in the region feasible (Table 6).

For plant height, the progenies ranged from 77.10 to 109.09 cm. For bottom pod height, variation from 18.27 to 20.34 cm was found (Table 6). The lodging scores were from 1 to 3 (Table 6); however, it should be noted that score 3 was observed for only one progeny; the others had scores 1 or 2 (Table 11A; Figure 5).

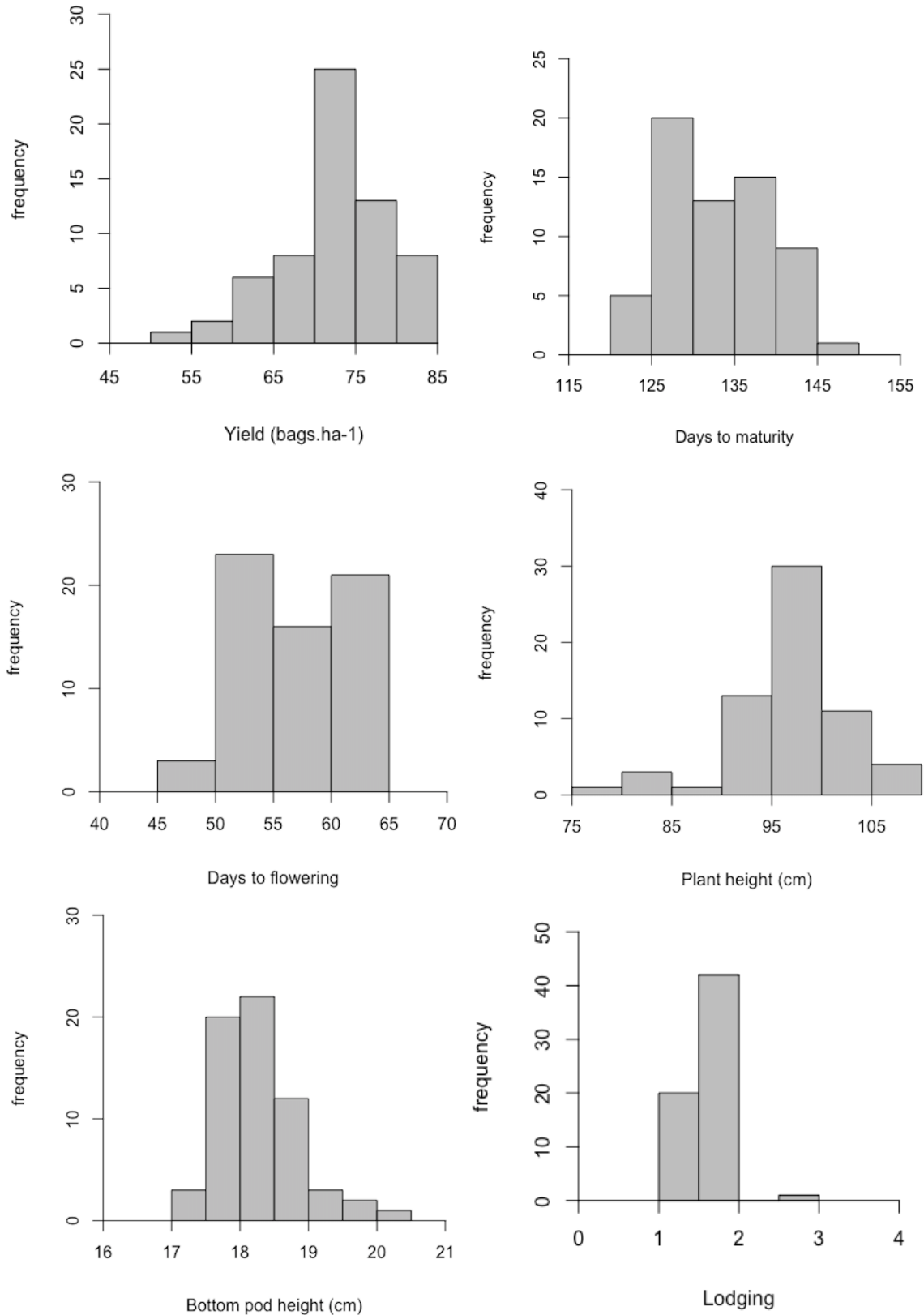


Figure 5 Frequency distribution for combined BLUP means of the $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop years.

Table 6 Combined estimates of the maximum, minimum, and mean values and the amplitude of variation of the traits of yield (Yield), days to maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), bottom pod height (BPH), and lodging (Lodg.). Data refer to the S_{0:1} and S_{0:2} progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop years.

	Yield (bags.ha⁻¹)	DFM (days)	DTF (days)	PH (cm)	BPH (cm)	Lodg.
Maximum	84.69	146	65	109.09	20.34	3.00
Minimum	52.74	121	47	77.10	17.37	1.00
Mean	72.38	133	57	96.87	18.27	1.69
Amplitude	31.95	25	18	31.99	2.97	2.00

The estimates of genotypic correlation for all the traits evaluated are shown in Table 7. Analysis of genotypic correlation shows significant estimates between the traits of days to maturity and days to flowering, between bottom pod height and days to flowering, and between lodging and the traits of days to maturity and days to flowering (Table 7). The significant values ranged from 0.3274, for correlation between lodging and days to maturity, to 0.4441, for lodging and days to flowering (Table 7).

Table 7 Estimates of genotypic correlation between progenies for the traits of yield (Yield), days to maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), bottom pod height (BPH), and lodging (Lodg.). Data refer to the S_{0:1} and S_{0:2} progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop years.

Variables	Yield (bags.ha⁻¹)	DFM (days)	DTF (days)	PH (cm)	BPH (cm)	Lodg.
Yield	-	0,0964	-0,1853	-0,0822	-0,1492	-0,2127
DFM		-	0,3226*	0,2191	0,1862	0,3274*
DTF			-	-0,0540	0,4350*	0,4441*
PH				-	-0,0206	0,0336
BPH					-	-0,0126
Lodg.						-

* Significant at 5% probability by the Mantel test.

When progenies/lines are evaluated, it is fitting to obtain gain from selection of the superior genotypes. In this study, estimates were obtained considering selection at different intensities. The estimates of gain expected and gain achieved from selection of the S_{0:1} progenies are shown in Table 8, and the combined estimates of gain expected from selection for the S_{0:2} generation are shown in Table 9. The combined estimates of gain expected from selection, for the two generations, are shown in Table 10.

The estimates varied according to the selection intensities used. As expected, with greater intensity of selection, i.e., when fewer individuals were selected, greater gain was

achieved, though with reduced variability (Tables 8, 9, and 10). It is also important to emphasize that the gain expected from selection for the traits of days to full maturity, days to flowering, and bottom pod height have negative values, since selection for these traits is carried out to reduce them (Tables 8, 9, and 10).

For the $S_{0:1}$ generation, in addition to the estimates of gain expected from selection, the estimates of gain achieved from selection were obtained for the grain yield trait, because the progenies advanced to the $S_{0:2}$ generation were selected based on this trait. The estimates of gain achieved are lower than the estimates of gain expected from selection (Table 9). The difference in magnitude of the values of gain expected from selection between the $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ generations is noteworthy, especially for the grain yield trait (Tables 8 and 9).

Table 8 Estimates of gain expected (GE) and gain achieved (GA) from selection for the traits of yield (Yield), days to maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), and bottom pod height (BPH) at different selection intensities (SI%). Data refer to the $S_{0:1}$ progenies in the 2015/2016 crop year.

SI%	Yield (bags.ha ⁻¹)		DFM (days)	DTF (days)	PH (cm)	BPH (cm)
	GE%	GA%	GE%	GE%	GE%	GE%
1%	41.43	39.79	-6.69	-10.46	38.42	-21.38
5%	33.30	31.79	-5.61	-10.15	17.89	-17.77
10%	30.07	28.61	-5.06	-10.05	14.82	-15.72
15%	27.41	26.00	-4.62	-9.92	13.01	-14.15
20%	25.67	24.30	-4.38	-9.83	11.81	-13.31
25%	23.83	22.49	-4.18	-9.72	10.64	-12.34
30%	21.74	20.42	-4.06	-9.63	9.82	-11.50

Table 9 Estimates of gain expected from selection for the traits of yield (Yield), days to maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), and bottom pod height (BPH) at different selection intensities (SI%). Data refer to the $S_{0:2}$ progenies in the 2016/2017 crop year.

SI%	Yield (bags.ha ⁻¹)	DFM (days)	DTF (days)	PH (cm)	BPH (cm)
	GE%	GE%	GE%	GE%	GE%
1%	12.04	-6.90	-9.20	9.78	-0.42
5%	11.07	-5.88	-8.91	7.82	-0.36
10%	10.65	-5.51	-8.55	6.62	-0.33
15%	9.56	-5.26	-8.10	5.42	-0.31
20%	8.14	-5.15	-7.91	4.78	-0.30
25%	7.86	-5.00	-7.63	3.91	-0.27
30%	7.29	-4.93	-7.43	3.49	-0.26

Table 10 Estimates of gain expected from selection for the traits of yield (Yield), days to full maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), and bottom pod height (BPH) at different selection intensities. Data refer to S_{0:1} and S_{0:2} progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop years.

SI%	Yield	DFM	DTF	PH	BPH
	(bags.ha ⁻¹)	(days)	(days)	(cm)	(cm)
	GE%	GE%	GE%	GE%	GE%
1%	11.47	-8.69	-16.41	9.45	-1.66
5%	10.82	-6.68	-13.13	8.23	-1.49
10%	9.98	-6.14	-11.82	7.43	-1.40
15%	8.86	-5.34	-9.86	6.36	-1.24
20%	8.15	-5.07	-9.20	5.61	-1.15
25%	7.31	-4.76	-8.60	4.82	-1.06
30%	6.74	-4.58	-8.22	4.38	-0.99

The estimates of correlated response, shown in Table 11, allow progeny performance to be evaluated for different traits in regard to selection made for grain yield. The results show that once the highest yielding progenies were selected for all the selection intensities, there was also an increase in the values of plant height and bottom pod height, as well as an increase in the number of days to flowering and days to full maturity (Table 11).

Table 11 Estimates of correlated response for selection in regard to yield for the traits of days to full maturity (DFM), days to flowering (DTF), plant height (PH), and bottom pod height (BPH) at different selection intensities (SI%). Data refer to S_{0:1} and S_{0:2} progenies in the 2015/2016 and 2016/2017 crop seasons.

SI%	DFM	DTF	PH	BPH
	(days)	(days)	(cm)	(cm)
1%	0.51	-2.27	10.56	1.66
5%	2.30	2.02	4.42	1.58
10%	3.20	2.63	3.47	1.24
15%	3.56	2.92	3.06	0.98
20%	3.71	2.76	2.97	1.06
25%	3.37	2.80	2.98	0.97
30%	3.41	2.95	2.80	0.93

4 DISCUSSION

In plant breeding programs, comparing genotypes in field experiments is common for the purpose of identifying differences and selecting superior individuals. Therefore, for success in selection, it is essential that these experiments have high experimental accuracy (CARGNELUTTI FILHO et al., 2012). Accurate experiments ensure more accurate estimates and, consequently, more reliable recommendations. In this study, accuracy was assessed through the coefficient of experimental variation and of selective accuracy. Experimental accuracy assessed by the coefficient of variation is considered excellent when less than 10%, good from 10% to 20%, average from 20% to 30%, and bad when greater than 30% (PIMENTEL GOMES, 2009). Accuracy estimates are considered of high magnitude when higher than 70%, of average accuracy with values from 30% to 70%, and of low accuracy with values less than 30% (RESENDE; DUARTE, 2007).

In all the environments evaluated, differences could be observed in the magnitude of the estimates of CV and accuracy. However, the values were within the satisfactory interval for both the estimators, thus showing the experimental accuracy obtained in this study. High estimates of the coefficient of variation were observed only for the lodging score. High values of CV for this trait were also observed by Soares et al. (2015) and Amaral (2017). It is expected that higher values for attributes with lower mean values will be observed in CV estimates. When the mean value is near zero, the coefficient of variation will approximate infinity, and this is a possible explanation for the consistently low experimental accuracy observed for lodging (SOARES et al., 2015). In contrast, when experimental accuracy is assessed by the accuracy estimate, the effect of the mean is suppressed, and this is one of the main advantages of adopting this tool (RESENDE; DUARTE, 2007).

Although greater experimental accuracy is expected in combined analyses due to the higher number of replications (RAMALHO et al., 2012), the values found for CV and accuracy remained similar in the individual and combined analyses. A possible explanation for this consists of the size of the plots adopted. Although combined analyses have more replications, experimental plots of 1.5 m² were used, due to seed availability. Areas from 4 to 6 m² are recommended as the optimal plot size for experimentation with the soybean crop (GONZÁLEZ, 2013; MARTIN et al., 2005).

Genetic variability is fundamental for success in plant breeding programs (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012). This study showed that the components of

genetic variance among progenies were significant for a wide majority of the traits evaluated. Thus, genetic variability among the progenies can be inferred. The amplitude of variation found among the BLUP means, for all the traits evaluated, also denotes variability. The significance of the genetic variance component and the variability found are a result of the choice of parents. In this study, they were used to obtain an elite genotype base population with excellent agronomic performance in the region (GESTEIRA et al., 2015) and with separate genetic background coming from different companies (Coodetec, Tropical Melhoramento Genético, Monsoy, Embrapa, Nidera, Brasmax, and Dow Agrosience). The use of elite and contrasting genotypes as parents provided for variability and good agronomic performance among the progenies, and this led to success in selection of superior individuals (BERNARDO, 2010; RAMALHO et al., 2012).

In the present study, progenies were evaluated in different locations and in different crop years. Under these conditions, the influence of predictable and unpredictable environmental factors is expected (ALLARD; BRADSHAW, 1964). The crop year/location variation is clear upon observing the differences among climate data (Figures 1, 2, 3, and 4). It is also important to highlight that the environmental variation found in this study is not only due to the crop year/location effect, but also to the generation effect. The environmental variation associated with the variability among the progenies arose in the significance of the genotype x environment interaction for all the traits evaluated (Table 4). From this result, it can be inferred that in the soybean breeding programs in Brazil, quantification of the effect of the interaction is of crucial importance aiming at selection of superior genotypes. The genotype x environment interaction has been widely reported for the soybean crop in Brazil (BUENO et al., 2013; SOARES et al., 2015; SILVA et al., 2016) and confirms the results of the present study.

The correlations make it possible to measure the degree of association between two variables (BERNARDO, 2010; KEMPTHORNE, 1973). Correlations of high magnitude for two traits allow selection for a characteristic of interest, especially when it has complex inheritance through another correlated characteristic that is more easily measured. This strategy is an alternative to direct selection and aims at optimizing gains in plant breeding programs (CARVALHO et al., 2004). Correlation between two traits may be of a phenotypic, genotypic, or environmental nature. Only genotypic correlations involve an association of an inheritable nature, and these are of greater interest for breeding and are worked with in this study (FALCONER; MACKAY, 1996).

Analysis of genotypic correlation showed significant estimates between the traits of

days to full maturity and days to flowering, between bottom pod height and days to flowering, and between lodging and the traits of days to full maturity and days to flowering (Table 7). The significant values ranged from 0.3274, for the correlation between lodging and days to full maturity, to 0.4441, for the traits of lodging and days to flowering (Table 7). Correlations from 0.3 to 0.6 are considered of medium magnitude (CARVALHO et al., 2004). The significant correlation between days to full maturity and days to flowering was expected since the traits are directly related. The significant correlation between bottom pod height and days to flowering can be explained by the fact that genotypes that have a longer vegetative period tend to flower at a greater height and, consequently, their bottom pods are more distant from the ground. The positive correlations found between the lodging trait and the traits of days to full maturity and days to flowering were also expected because later maturing plants have a greater tendency to lodging. The results here corroborate the findings of Gesteira (2017) in the soybean crop in Minas Gerais.

Quantification of gain expected and achieved from selection is fundamental in selection of superior genotypes. The estimated values of gain achieved for the yield trait were always lower than the estimates of gain expected from selection (Table 9). This was expected and has also been observed by other authors. A possible cause would be the effect of the genotype x environment interaction (PEREIRA, 2016; AMARAL, 2017). Considering greater intensity of selection, i.e., when fewer individuals were selected, greater gain was obtained, since the individuals with greater frequency of favorable alleles are selected. Nevertheless, upon using greater selection intensity, there is reduction in variability. It is also necessary to highlight the difference in magnitude of the values of gain expected from selection between the $S_{0:1}$ and $S_{0:2}$ generations, especially for the grain yield trait (Tables 9 and 10). This fact occurs because, in the $S_{0:1}$ generation, it is not possible to isolate the component of the genotype x environment interaction; therefore, the genetic values may be inflated. Reports in the literature affirm that the effect of the interaction on the trait under study may under- or overestimate parameters such as gain expected from selection, thus corroborating the results of this study (PEREIRA, 2016; ROCHA; VELLO, 1999).

When diverse traits are considered in evaluation of progenies and selection of superior genotypes, as in the present study, it is fitting to estimate the correlated response; that is, the gain obtained in the secondary trait due to selection in the primary trait. Correlated response was carried out selecting the progenies with higher grain yield and the response for the other traits. From the results, it can be seen that once the highest yielding progenies were selected for

all the selection intensities, there was also an increase in the values of plant height, bottom pod height, number of days to flowering, and number of days to full maturity (Table 12). Higher yielding genotypes tend to have higher plant height and later maturity. Therefore, upon selecting the highest yielding progenies, an increase was observed for all the other characteristics. Similar results for the correlated response for grain yield and days to full maturity were reported by Pereira (2016).

Recurrent selection is a cyclical breeding process that involves obtaining progenies, evaluation, and recombination of the superior individuals. Thus, an increase in the frequency of favorable alleles is expected, making gains possible in the long term for quantitative traits (RAMALHO et al., 2012). It is a tool initially developed for allogamous crops; however, application in autogamous plants, such as wheat, oats, rice, and dry edible bean have increased in recent years (Table 2). In the case of soybean, there are reports of the use of recurrent selection outside of Brazil for grain protein content (WILCOX, 1998; MILLER; FEHR, 1979) and grain yield (POSADAS et al., 2014; WERNER; WILCOX, 1990; BURTON et al., 1990; SUMARNO; FEHR, 1982; KENWORTHY; BRIM, 1979). However, it is fitting to highlight that for the purpose of expanding the genetic variability of the base population of the recurrent selection program, the authors used exotic germplasm, i.e., germplasm with low adaptability and, likewise, lower frequency of favorable alleles. Reports were not found of the use of recurrent selection in Brazil with the aim of increasing grain yield, i.e., this strategy has not been used before in Brazilian soybean breeding programs.

Grain yield is a quantitative trait, controlled by many genes and strongly influenced by the environment. Thus, recurrent selection arises as an excellent alternative for obtaining consistent gains in the long term and maintaining variability in the population. When working with characteristics controlled by various genes, such as yield, an exorbitant number of plants would be necessary to select an individual with all the favorable alleles in only one generation, which would make the selection program unfeasible. Through recurrent selection, it is possible to undertake breeding in steps by means of successive selection cycles.

Selection followed by recombination of the best individuals allows the frequency of favorable alleles in the population to increase, and this increases the chances of selecting superior individuals and obtaining good lines. Geraldi (1997), cited by Ramalho et al. (2012), presents the following argumentation to justify selection followed by recombination and recurrent selection. The author considers the probability of obtaining an individual with at least 80% of the favorable alleles for a trait controlled by 20 genes and 5 populations that vary in

regard to the frequency of the favorable allele, and he clearly shows that through selection followed by recombination, the chances of obtaining good individuals are much greater.

It is fitting to comment that currently, not only in Brazil but also outside Brazil, the main strategy adopted in soybean breeding programs consists of hybridization of superior genotypes and then conducting the segregating populations by the bulk method (Table 1).

As already commented, reports of the use of recurrent selection in Brazil for soybean grain yield were not found. In the most recent study reported in the literature, they worked with plant introduction (POSADAS et al., 2014).

In our study, the best $S_{0:2}$ progenies will be crossed to obtain the first recurrent selection cycle. The program will use elite genotypes, with high frequency of favorable alleles. According to our results, the variability and high performance presented by progenies, indicate that will be possible to be successful in the implementation of the recurrent selection program.

Given the various reports of success obtained from recurrent selection in different autogamous crops (Table 2), this tool constitutes a promising strategy, not only through the capacity to generate superior cultivars, but also through reducing the complexity of conventional breeding programs (Table 1).

5 CONCLUSION

The estimates of the variance components show variability among the progenies, making it possible to select superior genotypes.

Upon selecting the highest yielding progenies, there was an increase in the values of days to full maturity, days to flowering, plant height, and bottom pod height.

The variability and high performance presented by progenies, indicate that will be possible to be successful in the implementation of the recurrent selection program.

Recurrent selection proves to be a promising strategy, not only through the capacity for generating superior cultivars, but also through reduction in the complexity of conventional breeding programs.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964.
- AMARAL, L. O. **Seleção de linhas puras na cultivar de soja BRS Favorita RR**. 46 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2017.
- BERNARD, R. L. et al. **Results of the cooperative uniform soybeans tests**. Washington: USDA, 1965. 134p.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 Ed., Woodbury, Minnesota: Editora Stemma Press, p.400, 2010.
- BORÉM, A. (Org.). **Hibridação Artificial de Plantas**. 2a. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, v. 1. 625p, 2009.
- BUENO, R. D.; BORGES, L. L.; ARRUDA, K. M. A.; BEHRING, L. L.; BARROS, E. G.; MOREIRA, M. A. Genetic parameters and genotype x environment interaction for productivity, oil and protein content in soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8 p. 4853-4859, 2013.
- BURTON, J.W.; KOINANGE, E.M.K.; BRIM, C.A. Recurrent selfed progeny selection for yield in soybean using genetic male sterility. **Crop Science**, Madison, v. 30, n. 6, p. 1222-1226, Nov./Dec. 1990.
- CARGNELUTTI FILHO, A. et al. Medidas de precisão experimental e número de repetições em ensaios de genótipos de arroz irrigado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 47(3), 336-343. 2012.
- CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; BENIN, G. **Estimativas e implicações da correlação no melhoramento vegetal**. Pelotas: Editora e Gráfica Universitária - UFPel, 141p, 2004.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Safra grãos**. Brasília, 2017. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 02 dez. 2017.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**, Ed. 4. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 464p, 1996
- GERALDI, I. O. Seleção recorrente no melhoramento de plantas. In: GUIMARÃES, E. P. (Ed.). **Seleção recorrente em arroz**. CIAT: Cali. p. 3-11. 1997
- GESTEIRA, G. de S. **Seleção de linhagens de soja precoce para produtividade e qualidade de grãos**. 58 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2017.

GESTEIRA, G. de S.; ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; REZENDE, P. M. de; SILVA, K. B. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para a região Sul de Minas Gerais. **Revista Agrogeoambiental**, Pouso Alegre, v. 7, n. 3, p. 79-88, set. 2015.

GEZAN; MUNOZ. **Analysis of Experiments using ASReml: with emphasis on breeding trials**. 2014

GONZÁLEZ, G. G. H. **Estimação do tamanho ótimo de parcelas com aplicação na cultura da soja**. 84 p. Dissertação (Mestrado em Estatística) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2013.

INSTITUTO NACIONAL DE METEOROLOGIA (INMET). Banco de Dados **Meteorológicos para Ensino e Pesquisa**. Disponível em: <<http://www.inmet.gov.br/portal/index.php?r=bdmep/bdmep>>. Acesso em: 03 jan. 2018.

KEMPTHORNE, O. **An introduction to genetic statistics**. Ames, Iowa: State University Press, 454p, 1973.

KENWORTHY, W.J.; BRIM, C.A. Recurrent selection in soybeans. I. Seed yield. **Crop Science**, Madison, v. 19, n. 3, p. 315-318, May/June 1979.

MARTIN, T. N. et al. Tamanho ótimo de parcela e número de repetições em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência Rural**, Santa Maria, v.35, n.2, p.271-276, mar-abr, 2005

MILLER, J.E.; FEHR, W.R. Direct and indirect recurrent selection for protein in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 19, n 1, p. 101-106, Jan./Feb. 1979.

PEREIRA, F. C. **Estratégias para seleção de progênies em soja**. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal de Lavras, 2016.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J. Computing Heritability and Selection Response From Unbalanced Plant Breeding Trials. **Genetics**, v. 177 n. 3, p. 1881-1888, 2007.

PIEPHO, H. P.; MOHRING, J.; MELCHINGER, A. E. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, Wageningen, v. 161, p. 209-228, 2008.

PIMENTEL GOMES, F. **Curso de estatística experimental**. Piracicaba: FEALQ, 15.ed., 451p 2009.

POSADAS, L. G.; ESKRIDGE K. M.; SPECHT J. E., GRAEF G. L. Elite Performance for Grain Yield from Unadapted Exotic Soybean Germplasm in Three Cycles of a Recurrent Selection Experiment. **Crop Science**. 54:2536-2546. 2014

R CORE TEAM (2016), R: **A Language and Environment for Statistical Computing**. R Foundation for statistical Computinh, Vienna, Austria. URL: <http://www.R-project.org/>.

RAMALHO, M. A. P. et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. UFLA. v.1, p. 365, 2012.

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de

avaliação de cultivares. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

ROCHA, M. D. M. ; VELLO, N. A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, v. 58, n. 1, p. 69–81, 1999.

SILVA, K.B. ; BRUZI, A.T. ; ZAMBIAZZI, E.V. ; SOARES, I.O. ; PEREIRA, J.L.A.R. ; CARVALHO, M.L.M. . Adaptability and stability of soybean cultivars for grain yield and seed quality. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, p. 1, 2016.

SOARES, I.O.; REZENDE, P.M. ; BRUZI, A.T. ; ZAMBIAZZI, E.V. ; ZUFFO, A.M. ; SILVA, K.B. ; GWINNER, R. . Adaptability of soybean cultivars in different crop years. **Genetics and Molecular Research**, v. 14, p. 8995-9003, 2015.

SUMARNO; FEHR; W. R. Response to recurrent selection for yield in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 22, n. 2, p. 295-299, Mar./Apr. 1982.

WERNER, B. K.; WILCOX, J. R. Recurrent selection for yield in Glycine max using genetic male- sterility. **Euphytica**, Wageningen, v. 50, n. 1, p. 19-26, 1990.

WILCOX, J.R. Increasing seed protein in soybean with eight cycles of recurrent selection. **Crop Science**, Madison, v. 38, p. 1536-1540, 1998.

ANEXOS

Tabela 1A Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.) e inserção do 1º legume (Ins.). Dados referentes às progênes S_{0:1}, no ambiente Lavras 2015/2016.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	482,95*	40,22*	26,56*	95,93*	6,90*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	241,61	18,65	5,99	28,39	6,06
h²	0,79	0,81	0,89	0,87	0,69
r_{gg}%	86,85	89,74	94,49	92,65	83,16
CV%	18,56	3,54	4,89	5,78	16,32

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; h² - herdabilidade; r_{gg}% - acurácia; CV% - Coeficiente de variação; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 2A Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.) e inserção do 1º legume (Ins.). Dados referentes às progênes S_{0:2}, no ambiente Lavras 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca.
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	58,13*	93,78*	17,01*	49,31*	1,89	0,09*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	114,53	11,32	4,68	44,49	6,11	0,31
h²	0,60	0,96	0,92	0,77	0,48	0,46
r_{gg}%	75,66	98,00	95,47	86,76	69,43	66,38
CV%	17,25	2,49	3,61	7,84	14,38	41,86

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; h² - herdabilidade; r_{gg}% - acurácia; CV% - Coeficiente de variação; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 3A Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.) e inserção do 1º legume (Ins.). Dados referentes às progênes S_{0:2}, no ambiente Nazareno 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca.
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	146,13*	48,53*	24,85*	45,06*	1,56*	0,88*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	303,27	18,09	4,40	73,99	11,24	1,35
h²	0,59	0,89	0,94	0,65	0,29	0,66
r_{gg}%	75,42	93,38	96,94	79,48	53,16	81,33
CV%	22,77	3,08	3,68	8,50	16,33	60,83

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; h² – herdabilidade; r_{gg}% - acurácia; CV% - Coeficiente de variação; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 4A Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.) e inserção do 1º legume (Ins.). Dados referentes às progênes S_{0:2}, no ambiente Itutinga 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca.
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	7,45	36,93*	27,63*	68,07*	8,35*	0,51*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	148,20	21,07	6,99	53,86	16,13	0,69
h²	0,13	0,84	0,92	0,79	0,61	0,69
r_{gg}%	35,77	90,26	95,74	87,45	77,59	81,99
CV%	25,94	3,42	4,48	7,25	19,56	43,49

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; h² – herdabilidade; r_{gg}% - acurácia; CV% - Coeficiente de variação; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 5A Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.), e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:2}, no ano agrícola 2016/2017.

	Prod. (scs.ha ⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca.
$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$	51,66*	53,18*	22,22*	39,86*	0,49	0,35*
$\widehat{\sigma}_{GxA}^2$	13,76	9,65*	0,80*	13,79*	3,49*	0,14*
$\widehat{\sigma}_{Ep}^2$	192,13	16,93	5,44	58,19	11,27	0,77
h²	0,66	0,91	0,96	0,82	0,17	0,72
r_{gg}%	80,04	94,79	97,51	87,35	40,85	84,14
CV%	19,15	3,09	4,09	7,87	18,37	51,92

$\widehat{\sigma}_{Gp}^2$ - variância genética; $\widehat{\sigma}_{GxA}^2$ - variância da interação genótipos x ambientes; $\widehat{\sigma}_{Ep}^2$ - variância ambiental; **h²** - herdabilidade; **r_{gg}%** - acurácia; **CV%** - Coeficiente de variação; * Significativo a 5% de probabilidade pelo teste de razão de máxima verossimilhança.

Tabela 6A Estimativas dos valores máximos, mínimos e a amplitude de variação dos caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (Mat.), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.) e inserção do 1º legume (Ins.). Dados referentes às progêneses S_{0:1} no ambiente Lavras 2015/2016.

	Prod. (scs.ha ⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)
Máximo	127,88	138	57	133,33	22,39
Mínimo	33,89	112	44	71,15	10,37
Média	83,72	122	50	92,21	15,08
Amplitude	93,99	26	17	62,18	12,02

Tabela 7A Estimativas dos valores máximos, mínimos e a amplitude de variação dos caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.) e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:2} no ambiente Lavras 2016/2017.

	Prod. (scs.ha ⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca.
Máximo	75,03	152	67	99,49	20,14	1,83
Mínimo	49,17	116	50	67,10	15,80	1,08
Média	62,05	135	60	85,09	17,18	1,33
Amplitude	25,86	36	17	32,39	4,34	0,75

Tabela 8A Estimativas dos valores máximos, mínimos e a amplitude de variação dos caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.) e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:2} no ambiente Nazareno 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca
Máximo	95,82	145	65	121,55	20,68	4,30
Mínimo	59,93	116	46	93,77	17,49	1,64
Média	76,47	138	57	107,18	18,79	2,91
Amplitude	35,89	29	19	27,78	3,19	2,66

Tabela 9A Estimativas dos valores máximos, mínimos e a amplitude de variação dos caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.) e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:2} no ambiente Itutinga 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca
Máximo	48,79	145	70	115,90	26,09	3,29
Mínimo	45,12	126	49	77,92	17,37	1,16
Média	46,92	134	59	101,20	20,53	1,91
Amplitude	3,67	19	21	37,98	8,72	2,13

Tabela 10A Estimativas conjuntas dos valores máximos, mínimos e a amplitude de variação dos caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.) e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:2}, no ano agrícola 2016/2017.

	Prod. (scs.ha⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca
Máximo	84,69	146	65	109,09	20,34	3,00
Mínimo	52,74	121	47	77,10	17,37	1,00
Média	72,38	133	57	96,87	18,27	1,69
Amplitude	31,95	25	18	31,99	2,97	2,00

Tabela 11A Tabela de médias conjuntas para os caracteres produtividade (Prod.), maturação absoluta (MA), dias para o florescimento (DPF), altura de plantas (Alt.), inserção do 1º legume (Ins.) e acamamento (Aca.). Dados referentes às progêneses S_{0:1} e S_{0:2}, nos anos agrícolas 2015/2016 e 2016/2017.

PROGÊNES	Prod. (scs.ha ⁻¹)	MA (dias)	DPF (dias)	Alt. (cm)	Ins. (cm)	Aca
41	84,69	128	55	100,43	18,26	1
40	83,94	128	54	99,03	17,90	1
FAVORITA*	83,48	129	55	99,10	17,78	1
38	83,43	136	62	97,91	20,34	2
30	82,27	128	55	100,80	18,17	1
33	81,43	126	51	94,25	17,67	1
BMX FORÇA*	81,26	130	53	94,71	17,37	1
2	81,21	129	55	99,42	17,94	1
NK7074*	81,01	138	59	91,22	17,67	2
V-TOP*	79,91	134	62	95,36	18,67	2
36	79,52	129	58	92,87	18,82	2
43	79,32	139	64	109,09	18,42	2
5G830 RR*	78,65	129	53	102,55	17,86	1
49	78,40	139	63	103,01	18,94	2
35	78,23	133	58	95,82	19,52	2
17	78,16	128	54	99,33	18,26	1
6	77,13	139	59	105,56	18,75	2
29	77,13	134	62	95,57	18,23	2
10	76,02	129	54	99,18	18,05	1
37	75,88	128	54	99,78	18,34	1
39	75,66	141	55	94,87	18,30	2
31	75,19	134	61	95,63	17,85	2
42	74,06	138	58	94,00	19,01	2
50	73,79	125	54	95,25	17,55	1
32	73,63	128	54	96,01	17,85	1
26	73,26	128	54	95,36	17,56	1
28	72,98	139	62	104,93	19,28	2
20	72,25	129	54	95,22	17,88	1
MSOY 7908*	72,24	130	53	95,84	17,64	1
16	72,19	133	62	94,07	18,61	2
27	72,17	140	56	100,62	18,60	2
22	72,16	132	62	98,93	18,73	2
8	72,10	129	54	99,09	18,36	1
1	71,93	139	61	90,19	18,67	2
18	71,71	135	61	97,00	18,28	2
21	71,58	131	63	92,94	18,13	2
45	71,49	141	60	103,13	18,42	2
51	71,24	136	62	97,05	18,42	2
3	70,86	126	52	103,71	18,46	2
34	70,84	129	55	100,17	18,23	1
24	70,82	146	65	106,99	18,42	2
13	70,69	141	59	98,37	17,68	2
12	70,67	134	58	91,01	18,62	2
44	70,65	135	63	93,89	18,32	2
4	70,43	142	60	96,62	17,61	2
CD 215*	70,25	121	53	86,95	17,88	1
48	70,05	136	62	90,70	18,30	2
14	69,74	137	60	96,76	19,03	2

Tabela 11A Continuação						
CD 2630*	68,79	141	58	104,18	18,03	3
CD 237*	68,02	137	62	100,17	19,68	2
25	67,96	126	51	106,84	17,96	2
11	66,56	143	56	98,02	17,90	2
19	66,16	133	62	97,71	18,58	2
9	66,11	135	62	95,08	18,49	2
5	65,44	139	59	99,67	17,97	2
7	64,14	134	62	94,47	18,25	2
23	63,83	141	63	101,07	18,79	2
TMG 7161*	63,35	128	55	82,31	17,82	2
5D690 RR*	63,21	142	59	97,15	18,57	2
15	61,36	121	48	84,83	17,42	1
47	60,61	142	59	98,25	18,20	2
46	59,97	140	52	98,34	18,07	2
NA5909 RG*	58,54	123	49	77,10	17,55	1
CD 250*	52,74	121	47	83,89	17,47	2

* Valores referentes às testemunhas