



XIII SIGM

International symposium on
genetics and breeding

SELEÇÃO DE LINHAGENS F_{4:7} DE SOJA QUANTO À ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE PRODUTIVA VIA METODOLOGIA DE MODELOS MISTOS

XIII International Symposium on Genetics and Breeding, 13ª edição, de 25/10/2022 a 27/10/2022
ISBN dos Anais: 978-65-5465-014-4

ROSMANINHO; Lucas Barbosa de Castro¹, FERREIRA; Dalton de Oliveira Ferreira², CONDÉ; Samyra Alves Condé³, SANTOS; Samíria Pinheiro dos Santos⁴, CARNEIRO; Ana Laura Nicomedes Carneiro⁵, PAULA; Bruna Stephani de Paula⁶, MARTINIANO; Jean Faria Martiniano⁷, SILVA; Felipe Lopes da Silva⁸

RESUMO

A interação genótipos x ambientes (GxA) é um grande desafio dos programas de melhoramento genético da soja, visto que pode levar a estimação errônea e imprecisa de ganhos genéticos, dificultando a seleção e recomendação de genótipos. Uma forma de mitigar seus efeitos é identificar linhagens que associem adaptabilidade e estabilidade produtiva. No contexto dos modelos mistos, isso é possível, pelo procedimento BLUP sob médias harmônicas, que permite o ordenamento de linhagens simultaneamente para produtividade e estabilidade (MHVG), pela adaptabilidade através dos ambientes (PRVG) e pela seleção simultânea quanto à produtividade, adaptabilidade e estabilidade (MHPRVG), contornando os inconvenientes da interação genótipos x ambientes. Assim, o objetivo do presente trabalho foi a seleção de linhagens F_{4:7} de soja, com base na adaptabilidade (PRVG), estabilidade (MHVG) e as que reúnem simultaneamente adaptabilidade e estabilidade produtiva (MHPRVG), via modelos mistos. Os ensaios experimentais foram implantados e conduzidos no Centro de Experimentação, Pesquisa e Extensão do Triângulo Mineiro – CEPET/UFV (Capinópolis - MG) e na Unidade Experimental de Pesquisa e Extensão (UEPE – Horta Nova) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (Viçosa - MG), na safra 2021/2022. Foram avaliadas 104 linhagens F_{4:7} de soja sob o Delineamento de Blocos Aumentados (DBA), com quatro repetições para as cinco cultivares comerciais utilizadas como testemunhas. A produção total de grãos por parcelas foi obtida com o auxílio de uma balança digital de precisão e extrapolada para produtividade em sacas por hectare. A estimação dos parâmetros genéticos e ambientais e a predição dos valores genéticos das linhagens, a partir dos dados fenotípicos, foram obtidos com o emprego da metodologia de modelos mistos, via procedimento REML/BLUP. Para as análises estatísticas foi utilizado o modelo 75 (testemunha como efeito aleatório) do software Selegen-REML/BLUP. O coeficiente de variação experimental observado foi de 40,27%. A variância dos efeitos genotípicos (24765.55) apresentou magnitude superior à variância dos efeitos da interação GxA (977.48), representando 34,04 e 1,34% da variância fenotípica, respectivamente. A herdabilidade de parcelas individuais estimada foi considerada moderada

¹ Universidade Federal de Viçosa, lucasbcrosmaninho@hotmail.com

² Universidade Federal de Viçosa, dalton.ferreira@ufv.br

³ Universidade Federal de Viçosa, samyra.conde@ufv.br

⁴ Universidade Federal de Viçosa, samiria.santos@ufv.br

⁵ Universidade Federal de Viçosa, ana.nicomedes@ufv.br

⁶ Universidade Federal de Viçosa, bruna.s.paula@ufv.br

⁷ Universidade Federal de Viçosa, jean.martiniano@ufv.br

⁸ Universidade Federal de Viçosa, felipe.silva@ufv.br

(44,55%), associadas a uma alta correlação genotípica entre o desempenho nos ambientes avaliados (0,96). O ranqueamento de seleção das linhagens foi idêntico pelos métodos PRVG e MHPRVG e muito próximo pelo método MHVG, havendo bastante concordância nas indicações dos melhores e piores genótipos. As linhagens 165, 162, 120, 135, 58, 155, 71, 187, 189 e 7 se destacaram na seleção via MHPRVG, apresentando médias de produtividade superiores a todas as testemunhas em estudo. Conclui-se, com os resultados obtidos, que os métodos utilizados são eficientes na seleção de linhagens de soja de alto rendimento, boa previsibilidade e ampla adaptabilidade, cooperando com o sucesso dos programas de melhoramento.

PALAVRAS-CHAVE: Glycine max (L.) Merri, biometria, interação genótipos x ambientes, ganhos genéticos