



Avaliação do Comprimento do Hipocótilo em diferentes genótipos de soja

Universidade Federal de Viçosa- *Campus* Rio Paranaíba- MG, UFV/CRP

Paulo Henrique Frois Correa Barros¹, Eder Matsuo², Jorge Cunha Resende¹, Pedro Henrique Santos Sousa¹

¹Acadêmico do curso de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa *campus* Rio Paranaíba-MG, UFV/CRP. paulo.frois@ufv.br; jorge.cunha@ufv.br; pedro.sousa2@ufv.br

²Professor, Universidade Federal de Viçosa *campus* Rio Paranaíba-MG/ Instituto de Ciências Exatas e Tecnológicas, UFV/CRP. E-mail: edermatsuo@ufv.br

Área temática: Melhoramento genético

Categoria do trabalho: Pesquisa

Palavras chave: *Glycine max*; genótipo; DHE

Introdução

A cultura da soja (*Glycine max*) teve em um período de 40 anos de avaliações de novas cultivares, um aumento genético médio de 19 kg ha⁻¹ ano⁻¹. Isso permitiu que o Brasil alcançasse a posição de maior produtor de soja no mundo e tendo participação de 20% na exportações (US\$23,8 bilhões), de janeiro a julho de 2020 (MDIC(2020)).

Objetivo

Avaliar cultivares de soja com relação ao comprimento do hipocótilo no estágio de desenvolvimento V2, para obter dados sobre a estrutura vegetativa e identificar variação entre os genótipos.

Material e Métodos

- 30 genótipos de soja com 5 repetições.
- DIC- Delineamento Inteiramente Casualizado.
- Semeou-se a 2 cm de profundidade em vasos de 3dm³.
- Casa de vegetação da Universidade Federal de Viçosa.
- Avaliou-se o comprimento do hipocótilo em estágio de desenvolvimento V2.
- Coleta de dados com paquímetro digital.
- Analisou-se os dados através do Software R, utilizando o pacote ExpDes.pt, para proceder a análise de variância e o teste Scott-Knott (R Core Team (2020)).

Resultado e Discussão

Análise de variância não se identificou diferença significativa entre as médias dos genótipos com relação ao comprimento do hipocótilo em V2, no qual o valor do coeficiente de variação foi de 0,23%.

Já com o teste Scott-Knott as médias foram separadas em 5 grupos diferentes, o grupo A, representando 3,33% dos genótipos analisados. Os grupos B e C possuem 6 tratamentos cada, representando 20% o grupo B, 20% o grupo C. Já o grupo D possui 10 tratamentos, representando 33,33% dos genótipos e o grupo E de menor média contemplou 7 genótipos, 23,33%.

Grupos	Média do grupo	Amplitude	Número de genótipos
A	6,16	0	1
B	4,05	0,6	6
C	3,52	0,38	6
D	2,86	0,66	10
E	2,22	0,42	7

Média dos 30 genótipos distribuídas em 5 grupo pelo teste Scott-nott. $\alpha=0,05$

Conclusão

Foram encontradas diferenças significativas entre os 30 genótipos de soja analisados, quanto ao comprimento do hipocótilo.

Bibliografia

(MDIC(2020)).[http://www.mdic.gov.br/balanca/mes/2020/BCE_ISIC_ACU M.xlsx](http://www.mdic.gov.br/balanca/mes/2020/BCE_ISIC_ACU_M.xlsx).

(R Core Team (2020)). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-Project.org/>.

MATSUO, Éder et al. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. *Ciência Rural*, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.

Agradecimentos

Os autores agradecem a Universidade Federal de Viçosa - *campus* Rio Paranaíba, pela estrutura, suporte e apoio financeiro.