

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA**  
**INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**CURSO DE AGRONOMIA**

**BEATRIZ LARISSA VIEIRA**

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E CRUZAMENTOS**  
**POTENCIAIS PARA CICLO E PRODUTIVIDADE**

**UBERLÂNDIA - MG**  
**2020**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA**  
**INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS**  
**CURSO DE AGRONOMIA**

**BEATRIZ LARISSA VIEIRA**

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E  
CRUZAMENTOS POTENCIAIS PARA CICLO E PRODUTIVIDADE**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao curso de Agronomia, da Universidade Federal de Uberlândia, para obtenção do grau de Engenheiro Agrônomo.

Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Ana Paula Oliveira  
Nogueira

**UBERLÂNDIA - MG**  
**2020**

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA  
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS  
CURSO DE AGRONOMIA

**BEATRIZ LARISSA VIEIRA**

**DESEMPENHO AGRONÔMICO DE GENÓTIPOS DE SOJA E  
CRUZAMENTOS POTENCIAIS PARA CICLO E PRODUTIVIDADE**

Trabalho de conclusão de curso apresentado ao curso de Agronomia, da Universidade Federal de Uberlândia, para obtenção do grau de Engenheiro Agrônomo.

---

Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Polianna Alves Silva Dias  
Membro da Banca

---

Mestranda Solange Celestino Costa  
Membro da Banca

---

Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Ana Paula Oliveira Nogueira  
(Orientadora)

**UBERLÂNDIA - MG  
2020**

## DEDICATÓRIA

A Deus, meus pais e família  
**Dedico.**

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço, primeiramente a Deus, que me deu forças e guiou meus passos para chegar até aqui, me dando sabedoria e fê para enfrentar as barreiras ao longo desse caminho.

Aos meus pais Sandra Elena Ponciano Vieira e José Carlos Vieira, pelo apoio em cada escolha, pelo envolvimento direto e por depositarem tanta confiança e carinho nesse trabalho, por serem meu porto seguro e maior exemplo de vida.

A minha irmã Natalia Isabelle Vieira, pelo apoio e cumplicidade ao longo desses anos e principalmente pela participação nesse trabalho, por sempre estar ao meu lado e se alegrando com as minhas conquistas.

Ao meu namorado Elson Júnior, pela paciência, dedicação em me ajudar, amor e companheirismo, por sempre me apoiar e me motivar a ser uma pessoa melhor.

Aos meus amigos Nathalia Paiva, Victor Rocha e Igor Alvim, pelo apoio e por contribuir de forma direta na realização do meu trabalho.

As minhas amigas de graduação Morgana Fracásio, Daniela Valiati, Ana Karinne e Solange Costa, pelo carinho, incentivo e por fazerem parte da minha vida.

A minha orientadora Ana Paula Oliveira Nogueira, pela oportunidade de realizar esse importante trabalho e fazer parte do programa, pelo incentivo e orientações.

Aos meus familiares, amigos e a todos que acreditaram nos meus sonhos, sempre me apoiando e fazendo com que meus dias sejam mais leves e alegres e que em algum momento contribuíssem direta e indiretamente para a realização desse trabalho e para o meu crescimento como pessoa e profissional.

A todos os participantes do Programa de Melhoramento de Soja, principalmente ao Alex Júnio de Oliveira e Lorraine Cristina, que de alguma forma contribuíssem para a realização do meu trabalho.

## RESUMO

A soja é uma cultura de grande destaque por ser uma das principais *commodities* produzidas no mundo e por isso faz parte de atividades agrícolas em destaque no cenário mundial. Os programas de melhoramento genético de soja aliados à tecnologia de produção são os principais responsáveis pelo sucesso do agronegócio da cultura no país, objetivando o desenvolvimento de genótipos de soja mais produtivos, resistentes aos principais insetos-praga e doenças da cultura e adaptados as diferentes regiões de cultivo. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agrônômico, a diversidade genética e indicar cruzamentos promissores de linhagens e cultivares de soja, visando precocidade e produtividade de grãos. O experimento foi conduzido em campo na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliados 22 genótipos e três cultivares de soja, sendo elas, UFUS 6901, UFUS 7415 e TMG 801 (cultivar comercial), em delineamento em blocos ao acaso com três repetições e foram avaliados 12 caracteres agrônômicos: número de dias para maturidade (NDM), altura da planta no florescimento (APF), altura da planta na maturidade (APM), número de nós na haste principal no florescimento (NNF), número de nós na haste principal na maturidade (NNM), número de nós produtivos (NNP), número de vagens com 1 grão (NV1), número de vagens com 2 grãos (NV2), número de vagens com 3 grãos (NV3), número total de vagens (NTV), número de vagens sem grãos (NSV) e produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup> (PROD). Os genótipos apresentaram ciclo total variando entre 120 e 145 dias. Foi detectada existência de variabilidade genética ao nível de 5 % pelo teste F para os caracteres, com exceção do número de nós no florescimento. Os valores do coeficiente de variação genotípico variaram de 38,81% a 75,15 % para os caracteres NNF e NDM, respectivamente, e os genótipos mais produtivos foram: UFUS 04, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 6901, UFUS 7415 e UFUS B8. Os genótipos foram agrupados pelos métodos UPGMA e Tocher que obtiveram resultados distintos. Pelo método UPGMA foram formados cinco grupos e pelo método de Tocher foram formados três grupos. Os caracteres número de vagens com 2 grãos (UFUS 17) e número total de vagens (UFUS 04) foram os que mais contribuíram para a dissimilaridade genética entre os genótipos. Os genótipos UFUS 6901, UFUS 7415 e UFUS 12 foram os únicos selecionados para os caracteres NDM, NV3 e PROD, indicando que são genótipos com elevado potencial para produtividade e precocidade.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; melhoramento; precocidade; produtividade de grãos.

## ABSTRACT

Culture deserves great prominence as it is one of the main commodities produced in the world and for this reason it is part of agricultural activities with greater prominence in the world scenario. The soybean breeding programs combined with production technology are the main responsible for the success of crop agribusiness in the country, aiming at the development of more productive soybean genotypes, resistant to the main pest insects and crop diseases and adapted to different regions of cultivation. In view of this, the present study aimed to evaluate agronomic performance, genetic diversity and to indicate promising crosses of soybean lines and cultivars, aiming at precocity and grain yield. The experiment was carried out at Fazenda Capim Branco, belonging to the Federal University of Uberlândia. Twenty-two genotypes and three soybean cultivars were evaluated, UFUS 6901, UFUS 7415 and TMG 801 (commercial cultivar), in a randomized block design with three replications and 12 agronomic characters were evaluated: number of days to maturity (NDM), plant height at flowering (APF), plant height at maturity (APM), number of nodes on main stem at flowering (NNF), number of nodes on main stem at maturity (NNM), number of productive nodes (NNP), number of pods with 1 grain (NV1), number of pods with 2 grains (NV2), number of pods with 3 grains (NV3), total number of pods (NTV), number of pods without grains (NSV) and grain yield in kg ha<sup>-1</sup> (PROD). The genotypes showed a total cycle ranging from 120 to 145 days. The existence of genetic variability at the level of 5% was detected by the F test for the characters, except for the number of nodes in flowering. The values of the coefficient of genotypic variation varied from 38.81% to 75.15% for the characters NNF (number of nodes in the main stem at flowering) and NDM (number of days to maturity), respectively, and the most productive genotypes were: UFUS 04, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 6901, UFUS 7415 and UFUS B8. The genotypes were grouped by the UPGMA and Tocher methods, which obtained different results. By the UPGMA method, five groups were formed and by the Tocher method, three groups were formed. The characters number of pods with 2 grains (UFUS 17) and total number of pods (UFUS 04) were the ones that most contributed to the genetic dissimilarity between the genotypes. The genotypes UFUS 6901, UFUS 7415 and UFUS 12 were the only ones selected for the characters NDM, NV3 and PROD, indicating that they are genotypes with high potential for productivity and precocity.

**Keywords:** *Glycine max*; improvement; precocity; grain yield.

## SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO .....	9
2. REVISÃO DE LITERATURA .....	11
2.1. Origem e expansão da soja .....	11
2.2. Usos e importância econômica da soja .....	12
2.3. Caracterização botânica e morfologia da soja .....	12
2.4. Crescimento, desenvolvimento e fatores que influenciam na cultura .....	15
2.5. Melhoramento genético da soja .....	16
2.6. Diversidade genética .....	18
3. MATERIAL E MÉTODOS .....	19
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	23
5. CONCLUSÕES.....	32
6. REFERÊNCIAS .....	33



## 1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja (*Glycine max*) tem seu centro de origem na região nordeste da China, onde já são aceitas por pesquisas evidências que mostram seu uso em datas posteriores a 1100 a.C. (GAZZONI, 2018). Foi introduzida no Ocidente em latitudes similares ao seu centro de origem, iniciando-se na Europa em 1712 (GAZZONI, 2018). No século XX, após a Primeira Guerra Mundial, foi quando a soja obteve destaque efetivamente internacional (A SOJA, 2007).

No Brasil, a cultura da soja foi introduzida em 1882, no estado da Bahia, entretanto as cultivares que eram originárias dos Estados Unidos não obtiveram uma boa adaptação em relação à baixa latitude. Em 1891, novas cultivares foram introduzidas na região paulista, obtendo um melhor desempenho, e somente, em 1914, a soja foi introduzida no estado do Rio Grande do Sul, local onde as variedades trazidas dos Estados Unidos se adaptaram às condições edafoclimáticas, principalmente em relação ao fotoperíodo (BONETTI, 1981; COSTA; SANTANA, 2013; SEDIYAMA et al., 2013;).

A cultura merece grande destaque por ser uma das principais *commodities* produzidas no mundo e por isso faz parte de atividades agrícolas com maior destaque no cenário mundial. O Brasil é o maior produtor mundial, sendo que a produção, nessa safra, foi de 124,8 milhões de toneladas, recorde histórico, ganho de 4,3% em relação à safra 2018/19 (Companhia Nacional de Abastecimento, 2020). Mesmo apresentando boa produtividade de grãos, se comparado a outros países, o Brasil ainda tem a possibilidade de expansão, devido à disponibilidade de área agricultável, podendo consolidar o complexo agroindustrial da soja como principal exportador de produtos agropecuários (HIRAKURI; LAZZAROTTO, 2014). A fim de que disponham de um bom desempenho agrônômico, as cultivares de soja são dependentes da constituição genética da linhagem e das condições ambientais, considerando os fatores edafoclimáticos e manejos na cultura (GLASENAPP et al., 2015). Os programas de melhoramento genético de soja aliados à tecnologia de produção são os principais responsáveis pelo sucesso do agronegócio da cultura no país, objetivando o desenvolvimento de genótipos de soja mais produtivos, resistentes aos principais insetos-praga e doenças da cultura e adaptados às diferentes regiões de cultivo (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). De acordo com Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2017), de 1970 até a atualidade, a área cultivada com a cultura da soja apresentou um crescimento de cerca de 85%, principalmente devido ao melhoramento genético.

O processo de melhoramento genético se baseia na escolha dos genitores, a hibridação dos genitores, a obtenção de populações segregantes, a escolha do método de condução das

populações segregantes, os testes de desenvolvimento e desempenho agrônômico e a seleção das linhagens experimentais que levarão ao lançamento de novas cultivares comerciais (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Antes de serem registradas junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC) e lançadas no mercado, tais linhagens devem ser submetidas ao teste de VCU (Valor de Cultivo e Uso) para garantir a identidade e qualidade do material de multiplicação e reprodução do vegetal produzido, comercializado e utilizado em todo território nacional (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2020).

Diversos estudos têm comprovado que a base genética da soja brasileira é estreita. Os estudos sobre diversidade genética são imprescindíveis, pois dão auxílio na utilização, conservação e gerenciamento dos recursos genéticos. O uso de poucos genitores no início dos programas de melhoramento, tanto brasileiro como americano, levou a um estreitamento da base genética, trazendo consigo alguns riscos, como patamares de produtividade e suscetibilidade a doenças (WYSMIERSKI, 2011).

O estreitamento da base genética limita o desenvolvimento dos programas de melhoramento, pela menor adaptabilidade e pela limitação do potencial produtivo (PRIOLLI et al., 2002; HYTEN et al., 2006). Segundo Prioli et al. (2004) existe uma maior variação dentro do que entre os programas de melhoramento de soja no Brasil e afirmaram também que o germoplasma brasileiro de soja manteve a diversidade genética constante nos últimos 30 anos de melhoramento e expansão da cultura. Além disso, Oda et al. (2015) concluíram que, apesar da base ser estreita, a diversidade genética se manteve constante ao longo dos últimos 40 anos de melhoramento no Brasil, havendo ainda, para novas cultivares, variabilidade genética útil para programas de melhoramento genético de soja.

Esses estudos podem levar em conta as características agrônômicas, morfológicas ou até moleculares dos genótipos e permitem a seleção dos genitores potenciais que darão origem às combinações híbridas adequadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Tais estudos também têm grande importância para a seleção de genitores divergentes que resultem em uma população com maior variabilidade genética e maior possibilidade de um rearranjo alélico com combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011). Assim, com o auxílio das estimativas genéticas, é possível identificar genótipos superiores e selecionar os melhores genitores para futuras hibridações, além de ser possível escolher qual o melhor método de melhoramento (VILELA, 2008). Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar o desempenho agrônômico, a diversidade genética e indicar cruzamentos promissores de linhagens e cultivares de soja, visando precocidade e produtividade de grãos.

## **2. REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1. Origem e expansão da soja**

A cultura da soja é originária da região Central e Nordeste da China, mais precisamente na região da Manchúria, reconhecida como o centro de origem primário da planta. Considerada uma das culturas mais antigas do mundo e no passado vista com um dos grãos sagrados, juntamente com o arroz, trigo, cevada e milheto (BONETTI, 1981; MULLER, 1981; CHUNG; SINGH, 2008).

A introdução da soja no Ocidente ocorreu em latitudes similares ao seu centro de origem, iniciando-se na Europa em 1712, tendo sido descrita em 1737 por Linné (Linnaeus) na obra *Hortus Cliffortianus* (GAZZONI, 2018). Contudo, foi no século XX, após a Primeira Guerra Mundial que a soja obteve destaque efetivamente internacional, sendo que, na oportunidade a cultura ganhou tanto espaço que foi criada uma associação em torno de toda a cadeia da soja, conhecida hoje como ASA (*American Soybean Association*), operando em defesa da soja a partir de 1921 (A SOJA, 2007).

Inicialmente a soja foi explorada nos Estados Unidos como forrageira e só posteriormente como grão. Em meados de 1941, a área destinada a grão superou a área de forragem, cujo cultivo para esta finalidade declinou até desaparecer em 1960. Assim, a área de cultivo cresceu de forma exponencial não apenas nos EUA, mas também no Brasil e hoje são os principais produtores da cultura no mundo (Embrapa, 2013). O desenvolvimento de programas de melhoramento de soja no Brasil possibilitaram o avanço da cultura para diversas regiões de baixas latitudes, por meio da incorporação de genes que atrasa o florescimento mesmo em condições de fotoperíodo indutor, conferindo a característica de período juvenil longo nas cultivares (KIIHL; GARCIA, 1989).

A partir da década de 1960 com a interiorização da capital do Brasil, novas ofertas de infraestrutura para o escoamento da produção foram surgindo juntamente com as políticas públicas de incentivo ao agronegócio, possibilitando o aumento da produção de grãos no cerrado, segundo maior bioma brasileiro (QUEIROZ, 2004). De acordo com Freitas (2011), atualmente cerca de 50% da produção nacional de soja tem origem no cerrado. Em relação a expansão, também foi criado uma nova fronteira agrícola denominada de MATOPIBA, que contempla os estados de Mato Grosso, Tocantins, Piauí e Bahia, com grande destaque no mercado nacional de grãos (FREITAS, 2011).

## **2.2. Usos e importância econômica da soja**

O agronegócio da soja merece um grande destaque por se caracterizar como uma das principais commodities produzidas no mundo e por isso faz parte de atividades agrícolas com maior destaque no cenário mundial (HIRAKURI; LAZZAROTTO, 2014). Segundo os mesmos autores, o Brasil ainda apresenta altos níveis de produtividade de soja se comparado a outros países, ou seja, ainda têm a possibilidade de expansão, devido à disponibilidade de área agricultável, podendo consolidar o complexo agroindustrial da soja como principal exportador de produtos agropecuários.

A soja é uma cultura com grande interesse socioeconômico, pois seus grãos são ricos em proteínas (40%) e lipídios (20%), apresentando uma gama de aplicações na alimentação humana e animal (COSTA; SANTANA, 2013). Os principais produtos podem ser definidos por meio do grão, farelo e óleo de soja, para atendimento da indústria alimentícia, farmacêutica e química. Outros produtos derivados da soja incluem farinha, sabão, cosméticos, resinas, solventes, tintas, anticoncepcionais, ração animal e, também, como alternativa para produção de biocombustíveis (DOMINGUES; BERMANN; MANFREDINI, 2017).

O Brasil é o maior produtor mundial, a produção é recorde, 124,8 milhões de toneladas, ganho de 4,3% em relação à safra 2018/19. A região do Centro-Oeste é a principal região produtora da cultura com destaque para o estado do Mato Grosso com uma safra estadual recorde, de 35.884,7 mil toneladas, que representou incremento de 8,9% em relação à safra passada. Em Minas Gerais, a produção foi de 6.172,4 mil toneladas, representando aumento de 14,6% em relação à safra passada (CONAB, 2020). O segundo maior produtor nacional é o Paraná, seguido dos Estados do Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul. Os cinco estados juntos são responsáveis por cerca de 75,4% da produção nacional (CONAB, 2019).

## **2.3. Caracterização botânica e morfologia da soja**

A soja pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). É uma planta autógama e cleistógama, cuja taxa da polinização cruzada geralmente é menor que 1% (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A planta de soja é herbácea, anual, ereta, de crescimento morfológicamente diversificado e apresenta hastes e vagens pubescentes. A altura média das cultivares comerciais

situa-se entre 60 e 120 cm, no entanto a altura ideal é de 70 a 80 cm, pois contribui para uma eficiente colheita mecanizada, já que plantas com alturas superiores a 100 cm tendem ao acamamento (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O ciclo de desenvolvimento da soja varia de 70 dias, para as cultivares mais precoces, a 200 dias, para as mais tardias. Em geral, as cultivares brasileiras têm ciclo entre 100 a 160 dias, dependendo da região e da época de semeadura (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O sistema radicular da soja é constituído por uma raiz axial principal e por raízes secundárias, nas quais se formam os nódulos resultantes da simbiose com as bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii*, que fixam o nitrogênio do ar atmosférico presente no solo para a planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). O caule é do tipo herbáceo, ereto, pubescente e com ramificações diversificadas de acordo com a cultivar. O seu desenvolvimento parte do eixo embrionário, que produz folhas em seus internódios e gemas laterais nas axilas que podem se modificar em ramificações ou inflorescência (NOGUEIRA et al., 2009; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A planta de soja apresenta três tipos de folhas ao longo do desenvolvimento: as cotiledonares ou embrionárias, as simples ou unifolioladas e as folhas trifolioladas ou compostas, as quais são compostas por três folíolos (um terminal e dois laterais). As flores são completas, ou seja, são formadas por cálice, corola, androceu e gineceu. Ademais, as flores apresentam coloração branca ou roxa de diferentes tonalidades (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O fruto é do tipo vagem ou legume e contém de uma a cinco sementes. A forma pode ser achatada, ovalada, reta, pouco curvada e até quase cilíndrica, conforme a forma das sementes. A coloração da vagem depende da presença de caroteno ou xantofila e da presença ou ausência de pigmentos antocianicos (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). O número de frutos obtidos em uma única planta varia de acordo com a cultivar e as condições ambientais, contudo uma planta de soja possui capacidade de produzir até 400 vagens, contudo a média nacional é de 30 a 80 vagens por planta (CÂMARA, 1998; FRANÇA, 2019).

A altura de plantas na maturidade apresenta grande relevância na análise de acamamento, uma vez plantas com alturas acima de 100 cm são impróprias para cultura da soja, pois tendem a acamar e com isso dificulta a eficiência da colheita mecanizada (NOGUEIRA et al., 2009). Por outro lado, plantas menores de 50 cm também não são indicadas para a cultura da soja devido ao pequeno porte resultar na formação de vagens muito próximas ao solo,

aumentando as perdas durante a colheita mecanizada, isto é, as vagens situadas abaixo do nível da barra de corte não são colhidas pela máquina (AGUILA; THEISEN, 2011).

A semente da soja possui forma variável, podendo ser esférica, esférica-achatada, alongada e alongada-achatada. Além disso, apresenta tamanho médio, variando de 2 a 53 g por 100 sementes. As cultivares, normalmente utilizadas para a produção de óleo e farelo, apresentam tamanho médio entre 12 a 20 g por 100 sementes, e as destinadas especificamente para o consumo humano tendem a ter tamanho igual ou acima de 20 g por 100 sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As cultivares de soja são classificadas em três tipos de crescimento: determinado, semideterminado e indeterminado. Cultivares com crescimento determinado possuem uma gema terminal que se transforma em uma inflorescência terminal ou racemos florais no florescimento, cessando a emissão de nós e o crescimento. A maturação das vagens nessas cultivares ocorre de cima para baixo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005; NOGUEIRA et al., 2009). As cultivares com tipo de crescimento semideterminado apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, semelhante às de crescimento determinado, porém, ao florescer, apresentam cerca de 70% de altura final (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As cultivares de tipo de crescimento indeterminado se caracterizam por apresentarem caule alongado, no qual a gema terminal se mantém em atividade vegetativa mesmo após o florescimento, desenvolvendo nós e resultando em altura maior e maior número de nós na haste principal, podendo dobrar de altura após o florescimento. No que se refere à maturação das vagens, tem-se que ela começa na parte inferior da planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é uma planta de dias curtos, cuja indução floral ocorre quando o fotoperíodo do dia for menor ou igual ao fotoperíodo crítico específico de cada cultivar. Desse modo, a indução floral provoca a transformação dos meristemas vegetativos em reprodutivos, determinando o tamanho final das plantas (número de nós) e, portanto, seu potencial de rendimento (SILVA; SEDIYAMA; BORÉM, 2015).

Na cultura da soja, existe uma diversidade de cultivares com exigências fotoperiódicas diferentes. Do ponto de vista agrícola, isso é muito importante, pois possibilita ao melhoramento genético grande variabilidade de respostas das plantas, adaptando, então, os genótipos às disponibilidades de cada região (SILVA; SEDIYAMA; BORÉM, 2015). Assim, para uma mesma latitude, as cultivares são classificadas em ciclo precoce, médio e tardio.

## **2.4. Condições ambientais no crescimento e desenvolvimento da soja**

A fim de que disponham de um bom desempenho agrônômico, as cultivares de soja são dependentes da constituição genética da linhagem e das condições ambientais, considerando os fatores edafoclimáticos e manejos na cultura (GLASENAPP et al., 2015). Dentre os fatores ambientais, a disponibilidade hídrica, a temperatura e o fotoperíodo são os de maior importância por provocarem alterações significativas no ciclo da soja (RODRIGUES et al., 2001).

Fehr e Caviness (1977) propõem a divisão dos estádios de desenvolvimento da planta, em dois: vegetativo e reprodutivo. O estágio vegetativo inicia-se com a emergência da plântula (Ve), seguida da abertura dos cotilédones (Vc) e de folhas unifolioladas e trifolioladas. Desta forma, os estádios seguem de acordo com o número de nós e folhas (V1, V2, V3..., Vn). A fase reprodutiva se divide em oito estádios compreendidos em quatro etapas e tem início quando há pelo menos uma flor em qualquer nó da haste principal. As etapas consistem no florescimento (R1 e R2), desenvolvimento da vagem (R3 e R4), desenvolvimento da semente (R5 e R6) e maturação (R7 e R8) (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O fotoperíodo corresponde ao número de horas de luz por dia e tem influência direta com a floração no ciclo da soja, sendo o fator ambiental mais relevante na mudança do período vegetativo para o produtivo (NOGUEIRA, 2011). Para atingir o florescimento é preciso que a quantidade de luz recebida seja abaixo ou igual ao fotoperíodo crítico máximo, relativo para cada cultivar, caracterizando a soja como uma planta de dias curtos (NOGUEIRA et al., 2009).

O fotoperíodo também controla outras funções na planta como maturação, altura, peso de sementes, número de ramificações, vagens por planta, entre outros (SEDIYAMA; BARROS, 2009). A cultura da soja apresenta diversidade de exigências fotoperiódicas entre as cultivares, assim, a maturidade varia de precoce a tardia dependendo o fotoperíodo crítico exigido em locais de mesma latitude (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

A umidade refere-se à água disponível em todo o desenvolvimento da cultura especialmente no período de germinação (E), na qual a semente precisa absorver 50% de seu peso em água, como também nos períodos de floração (R1 e R2) e de enchimento de grãos (R6). Tanto o excesso quanto o déficit de água são prejudiciais à obtenção de uma boa uniformidade na população de plantas. A necessidade total de água é de até 800 mm por ciclo, variando conforme o clima, manejo, e as características da cultivar, a fim de se obter produtividade rentável (EMBRAPA, 2016).

No decorrer do desenvolvimento da cultura a disponibilidade de água é indispensável, principalmente na germinação, emergência, floração e enchimento dos grãos (MATTOS, 2018). Em condições de estresse hídrico, a semente não germinará, e ficará predisposta ao ataque de fungos presente no solo, perdendo a sua viabilidade (BARROS, 2009; EMBRAPA, 2011). Durante a fase vegetativa, a exigência da cultura por teores de água é em torno de 5 mm dia<sup>-1</sup>, pois nesta etapa a planta desenvolve a parte aérea. Estresses hídricos na fase vegetativa ocasionam redução da altura de plantas, do número de nós na haste principal e folhas pequenas (SILVA, 2016). Durante o florescimento e enchimento de grãos, a cultura atinge o máximo de exigência hídrica, cerca de 8 mm dia<sup>-1</sup> e é uma das etapas mais críticas, pois o déficit hídrico, nesta etapa, causa a queda de folhas, flores e o abortamento de vagens, ocasionando a redução da produtividade de grãos (SILVA, 2016).

Outro fator ambiental importante nos processos da soja é a temperatura, que influencia nos processos de germinação, crescimento, florescimento, enchimento de grãos, nas reações químicas de respiração e fotossíntese e também na absorção de água e nutrientes. Sendo fundamental ao crescimento e desenvolvimento da cultura, pois para completar cada estágio é necessário um determinado acúmulo térmico (BARROS; SEDIYAMA, 2009).

A faixa de temperatura ideal para a soja é entre 20°C a 30°C, devendo evitar a semeadura quando a temperatura do solo estiver abaixo de 20°C, pois pode prejudicar a germinação e emergência das plântulas. Em temperaturas menores ou iguais a 10 °C o crescimento vegetativo da cultura é pequeno ou nulo, porém temperaturas maiores que 40 °C podem causar efeitos deletérios nas plantas durante o florescimento, na taxa de crescimento, capacidade de retenção das vagens, provocando perdas na produtividade (EMBRAPA, 2013). Temperaturas em torno de 27° C aumentam a nodulação em plantas fixadoras de nitrogênio, enquanto que, altas temperaturas e o déficit hídrico limitam a fixação. (HUNGRIA et al., 2001).

A indução da floração ocorre em temperaturas acima de 13°C, e em temperaturas abaixo de 24°C retardam o florescimento em dois ou três dias para cada decréscimo de 0,5°C. Altas temperaturas contribuem para o florescimento precoce, podendo causar diminuição na altura das plantas. Entretanto, temperaturas mais baixas contribuem para o florescimento tardio (HUNGRIA et al., 2001; BARROS; SEDIYAMA, 2009; ROCHA et al., 2012).

## **2.5. Melhoramento genético da soja**

O melhoramento genético teve início há cerca de dez mil anos, quando, de forma automática e inconscientemente, o homem começou a selecionar plantas para o cultivo,



escolhendo aquelas que apresentavam, por exemplo, maior quantidade de inflorescências e grãos, sendo conseqüentemente mais produtivas. Com o passar do tempo iniciou a domesticação de plantas e o melhoramento de diversas espécies, dando origem ao que se tem nos dias atuais (MACHADO, 2014). De acordo com Borém, Miranda e Fritsche-Neto (2017), de 1970 até a atualidade, a área cultivada com a cultura da soja apresentou um crescimento de cerca de 85%, principalmente devido ao melhoramento genético.

Os programas de melhoramento genético de soja, aliados a tecnologia de produção, são os principais responsáveis pelo sucesso do agronegócio da cultura no país. Impulsionados por diversos e intensos investimentos, públicos e privados, os programas possibilitam o desenvolvimento de cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil, ampliando fronteiras agrícolas e permitindo o cultivo em altas e baixas latitudes. Assim, o objetivo desses programas é desenvolver genótipos de soja mais produtivos, resistentes aos principais insetos-praga e doenças da cultura e adaptados às diferentes regiões de cultivo (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

O ciclo da soja é influenciado diretamente pelo número de dias para o florescimento e o número de dias para maturação das plantas, sendo esses dois fatores considerados caracteres quantitativos importantes no melhoramento da soja (TEIXEIRA, 2017). Outro caráter quantitativo importante no melhoramento de soja é número de nós, que em uma planta com alto potencial produtivo deve variar de 17 a 18. Sua importância se dá, pois, em muitos casos, esse número se correlaciona positivamente com a produtividade de grãos (NOGUEIRA et al., 2012; SEDIYAMA, 2016). Sedyama (2016) afirma que as cultivares nacionais de soja devem apresentar em média de 30 a 80 vagens por planta para gerar uma alta produtividade.

O processo de melhoramento genético da soja e também de outras culturas, se baseia na escolha dos genitores, na hibridação dos genitores, na obtenção de populações segregantes, na escolha do método de condução das populações segregantes, nos testes de desenvolvimento e desempenho agrônomico e na seleção das linhagens experimentais que levarão ao lançamento de novas cultivares (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Um dos obstáculos enfrentados pelos programas de melhoramento é a escolha de genitores complementares e contrastantes para ampliar a variabilidade genética a fim de obter populações distintas que possibilitem a seleção de linhagens superiores. O processo de hibridação artificial consiste no cruzamento de genitores para obtenção de hibridação artificial de populações segregantes com variabilidade genética (MEDEIROS, 2018).

Após a obtenção de populações segregantes, estas são conduzidas a sucessivas autofecundações, a fim de restaurar a homozigose. Nesta etapa, há a necessidade de se escolher um método de condução de populações segregantes que melhor se adéque aos objetivos do programa. Dentre os métodos podemos elencar: método genealógico, método da população, método SSD (Single Seed Descendent: descendente de uma única semente), método SPD (Single Pod Descendent: descendente de uma única vagem) e teste de geração precoce (SEDIYAMA et al., 2015; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

Posteriormente são realizados os testes de progênies para seleção das linhagens que apresentam as características desejadas. Assim, antes são registradas junto ao RNC e lançadas no mercado, tais linhagens devem ser submetidas ao teste de VCU para garantir a identidade e qualidade do material de multiplicação e reprodução do vegetal produzido, comercializado e utilizado em todo território nacional (MAPA, 2020).

## **2.6. Diversidade genética**

A somatória das informações contidas no genoma de plantas, animais e microrganismos é chamada de diversidade genética. Todos os seres têm uma quantidade de informação que o individualiza dos demais. Tal valor dessa diversidade relaciona-se com a variedade de diferentes genes que podem se expressar nos organismos com características com grande potencial (RIGON et al., 2012). O estudo da diversidade genética possui como objetivo elucidar as relações genéticas, quantificar ou prever o nível de variabilidade total existente e a sua distribuição entre os genótipos (JÚNIOR et al., 2015).

Os estudos sobre diversidade genética são úteis no processo de seleção de genitores. Levando em conta a base genética restrita do germoplasma de soja nacional, esses estudos são imprescindíveis, pois auxiliam no uso, conservação e gerenciamento dos recursos genéticos. Tais estudos podem considerar características agrônomicas, morfológicas ou até moleculares dos genótipos e permitem a seleção dos genitores potenciais que darão origem às combinações híbridas adequadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Segundo Cruz et. al. (2011) a diversidade genética é fundamental para conservar a capacidade natural de resposta das plantas aos diferentes tipos de estresses, abióticos ou bióticos, como estiagem duradoura e aumento de temperatura, entre outros. É essencial, durante o processo de melhoramento genético, a análise da diversidade genética, permitindo identificar genitores mais apropriados de uma população com maior variabilidade genética (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

Priolli et. al. (2004) estimou que a base genética do germoplasma brasileiro de soja é bastante estreito, isso significa que teve origem através de um número pequeno de linhagens ancestrais. Estimar a diversidade genética só é possível por meio de marcadores genéticos, como os moleculares e morfológicos (HYTEN et. al., 2006; COLOMBARI-FILHO, 2009). Ferreira Júnior et al. (2015) identificaram a divergência genética entre os genótipos de soja avaliados utilizando a distância de Mahalanobis, permitindo a identificação de genótipos divergentes e com bons atributos agronômicos além de estabelecer que o número de dias para maturidade e número de dias para a floração foram as características que mais contribuíram para a divergência.

Já Almeida et al. (2011) concluíram que a existência de diversidade genética permitiu a identificação de cultivares de soja dissimilares com média elevada para as características avaliadas. O número de dias para a maturação, número de dias para o florescimento e o peso de cem sementes foram as características mais significativas para a divergência, além de terem conseguido identificar as hibridações promissoras. Observando a estreita base genética da soja, os estudos de diversidade genética se tornam ainda mais importantes para a seleção de genitores divergentes que resultem em uma população com maior variabilidade genética e maior possibilidade de um rearranjo alélico com combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011).

Em pesquisas mais recentes, Wysmierski e Vello (2013) avaliaram a divergência genética de 444 cultivares brasileiras e concluíram que, apesar de serem constituídas por 60 ancestrais comuns, apenas quatro deles representavam 55,26% da base genética. Os autores também relatam que, com o passar do tempo, houve um aumento no número de ancestrais, no entanto os quatro principais ancestrais foram os mesmos em todos os períodos estudados.

### **3. MATERIAL E MÉTODOS**

O experimento foi conduzido na safra 2018/2019 em uma área experimental na Fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada no município de Uberlândia, no estado de Minas Gerais, de coordenadas geográficas de 18° 52' S e 48° 20' W e altitude de 805 m.

O experimento foi instalado em Latossolo Vermelho Escuro distrófico, cujo preparo foi realizado de forma convencional com uma aração e duas gradagens, sendo sulcado no dia da semeadura. A adubação do solo na semeadura foi realizada com a formulação NPK 08-28-16

na dose de 400 kg ha<sup>-1</sup>, sendo realizada manualmente. Foram realizadas ainda duas adubações de cobertura com o formulado 20-00-20 na dose de 400 kg ha<sup>-1</sup> em duas aplicações, uma aos 20 dias após a semeadura e a segunda aos 35 dias após a semeadura.

No experimento foram avaliadas 24 linhagens desenvolvidas pelo programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFUS 01, UFUS 02, UFUS 03, UFUS 04, UFUS 05, UFUS 06, UFUS 07, UFUS 08, UFUS 09, UFUS 10, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 13, UFUS 14, UFUS 15, UFUS 16, UFUS 17, UFUS 18, UFUS 19, UFUS 6901, UFUS 7415, UFUS B8, UFUS B14 E UFUS B30) e uma cultivar comercial (TMG 801).

O delineamento utilizado foi o em blocos ao acaso (DBC), com três repetições. A parcela experimental foi constituída de quatro linhas de plantas de soja, espaçadas de 0,5 entre si, com 5 m de comprimento, cuja área útil foi composta pelas duas linhas centrais desprezando-se 0,5 m nas extremidades e resultando em 4 m<sup>2</sup>.

As sementes utilizadas foram tratadas com Fipronil (inseticida), Piraclostrobina (fungicida) e Tiofanato-metilico (fungicida) e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*. A semeadura manual foi realizada no dia 3 de novembro de 2018, adotando-se 20 sementes por metro linear.

Logo após a semeadura, foi realizada a aplicação, em bomba costal, do herbicida S-Metolaclo-ro na dose de 2,0 L ha<sup>-1</sup> para realizar o controle das plantas daninhas na pré-emergência da soja. Cerca de 20 dias após a emergência, foi realizada uma aplicação para o controle de plantas daninhas utilizando Clethodim; Alquilbenzeno na dosagem de 0,4 L ha<sup>-1</sup>. No decorrer do cultivo foram realizadas ainda capinas manuais quando necessário.

As aplicações de fungicidas e inseticidas consistiram em 10 aplicações com intervalo de sete dias, totalizando 90 dias da semeadura até a última aplicação. Para o controle de insetos-pragas foram aplicados Lufenuron (0,1 L ha<sup>-1</sup>), Lambda-cialotrina (0,03 L ha<sup>-1</sup>), Clorantraniliprole (0,05 L ha<sup>-1</sup>), Espinosade (0,05 L ha<sup>-1</sup>), Fenpropratrina (0,15 L ha<sup>-1</sup>), Deltametrina (0,3 L ha<sup>-1</sup>), Teflubenzuron (0,15 L ha<sup>-1</sup>) e Piriprofixem (1 L ha<sup>-1</sup>). Já para o controle de doenças foi aplicado Trifloxistrobina e Protioconazol (0,4 L ha<sup>-1</sup>) e Azoxistrobina, Ciproconazol (0,3 L ha<sup>-1</sup>).

Para a avaliação do experimento foram amostradas aleatoriamente cinco plantas da parcela útil identificadas com fitas coloridas nos respectivos estádios de desenvolvimento da soja, proposta por Fehr e Caviness (1977) e foram mensurados, com a utilização de uma régua milimetrada em centímetros, quando necessário, os seguintes caracteres:

**a) Número de dias para maturidade (NDM):** é o período que corresponde ao número de

dias decorridos desde a semeadura até a data em que 95 % das vagens apresentarem-se maduras (quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R8).

- b) Altura da planta no florescimento (APF):** mensurada em centímetros, é a distância da superfície do solo até a inserção do racemo no ápice da haste principal, quando as plantas da parcela útil se encontram em estágio reprodutivo R1.
- c) Altura da planta na maturidade (APM):** mensurada em centímetros, é a distância da superfície do solo até a inserção do racemo no ápice da haste principal, quando as plantas da parcela útil se encontram em estágio reprodutivo R8.
- d) Número de nós na haste principal no florescimento (NNF):** determinado pela contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas se encontravam no estágio reprodutivo R1.
- e) Número de nós na haste principal na maturidade (NNM):** corresponde ao número de nós totais na haste principal da planta na maturidade, quando as plantas da parcela útil se encontram em estágio reprodutivo R8.
- f) Número de nós produtivos (NNP):** estimada através da contagem de nós que foram capazes de produzir vagens, presentes na haste principal, após a colheita.
- g) Número de vagens com um grão (NV1), com dois grãos (NV2) e com três grãos (NV3):** após a colheita, realizou-se a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos.
- h) Número total de vagens (NTV):** após a colheita, quando foi contado o número total de vagens que foram produzidas pela planta no estágio R8.
- i) Número de vagens com zero grão (NSV):** após a colheita, foi contado o número de vagens com zero grão por planta.
- j) Produtividade de grãos em kg ha<sup>-1</sup> (PROD):** foi mensurada pela massa de grãos obtidos por debulha das vagens após a colheita manual e beneficiamento das plantas da área útil de cada parcela. Os dados obtidos foram convertidos para kg ha<sup>-1</sup> após a correção da umidade para 14%, conforme demonstrado abaixo:

$$PF = PI \times (100 - UI) / (100 - UF)$$

Sendo:

PF: peso final da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;  
UF: umidade final da amostra (14%).

Após a coleta dos dados, foi feita uma análise de variância com intuito de identificar a existência de variabilidade genética entre os genótipos para os caracteres quantitativos, de acordo com o modelo de efeitos fixos para genótipos:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \epsilon_{ij}$$

Em que:

$Y_{ij}$ : é o valor de cada caráter para o  $i$ -ésimo genótipo no  $j$ -ésimo bloco;

$\mu$ : média geral

$G_i$ : efeito do  $i$ -ésimo genótipo;

$B_j$ : efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$\epsilon_{ij}$ : erro aleatório.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípico ( $H^2$ ), conforme o estimador abaixo:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g^2}{QMT/r}$$

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

$H^2$ : coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\sigma}_g^2$ : componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

$r$ : número de repetições.

Também foi realizado o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade para avaliar o agrupamento dos genótipos.

A dissimilaridade genética foi estimada entre todos os pares de genótipos por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ), conforme o estimador abaixo:

$$D^2_{ii'} = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D^2_{ii'}$ : distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos  $i$  e  $i'$ ;

$\Psi$ : matriz de variância e covariâncias residuais;

$\delta$ : [ $d_1 d_2 \dots d_v$ ] sendo  $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$ ;  $Y_{ij}$ : média do  $i$ -ésimo genótipo em relação a  $j$ -ésima variável.

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foi obtido o dendrograma segundo o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) para agrupamento de 25 genótipos de soja.

O método, como apresentado por Cruz et al. (2011), requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Esses indivíduos formarão o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo. Neste método, a entrada de um indivíduo em um grupo sempre aumenta o valor médio da distância dentro do grupo. Foi ainda realizado o teste de contribuição relativa das características para a dissimilaridade genética de 25 genótipos de soja, pelo método proposto por Singh (1981).

Dentre os 25 genótipos estudados, foram selecionados os genótipos superiores, visando principalmente a características de precocidade e o incremento de produtividade. Todas as análises estatísticas foram realizadas pelo Programa Genes (CRUZ, 2016).

#### **4. RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Observou-se a existência de variabilidade genética para todos caracteres, exceto para o Número de Nós no Florescimento (Tabela 1). Na seleção de genótipos superiores é indispensável a existência de variabilidade genética para que se tenha sucesso nos programas de melhoramento genético (MARTINS, 2018).

**Tabela 1.** Quadrados médios, coeficiente de variação e coeficiente de determinação genotípico de caracteres agronômicos de 24 linhagens e uma cultivar comercial de soja semeada em 2018/2019, em Uberlândia – MG, 2020.

CARACTERES	QMG	CV (%)	H <sup>2</sup> (%)
NDM	61,70*	3,31	75,15
APF	149,43*	14,83	66,21
APM	206,48*	13,50	70,66
NNF	3,39 <sup>ns</sup>	12,26	38,81
NNM	12,54*	11,67	72,46
NNP	10,11*	17,60	62,12
NV1	49,24*	36,26	58,36
NV2	216,09*	31,58	52,36
NV3	20,8*	19,77	47,28
NTV	553,72*	27,41	48,92
NSV	0,0083*	2,64	63,98
PROD	1066625,58*	21,89	70,90

\*: Significativo ao nível de 5% pelo teste F; ns: não significativo; QMG: quadrados médios de genótipos; CV(%): coeficiente de variação; H<sup>2</sup>: coeficiente de determinação genotípico; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos; NV1: número de vagens com um grão; NV2: número de vagens com dois grãos; NV3: número de vagens com três grãos; NTV: número de vagens totais por planta; NSV: número de vagens com zero grãos; PROD: produtividade de grãos.

O coeficiente de variação (CV %) em um ensaio experimental indica o grau de precisão de um estudo, sendo que quanto menor esse coeficiente, maior a homogeneidade dos dados, e menor a variação ao acaso, predizendo ainda valores ideais de CV inferiores a 30 % (SANTANA, 2018). Segundo Pimentel et al. (2013), com base nos coeficientes estimados nos ensaios realizados em campo, classifica-se como ótimo um CV inferior a 10 %, bom quando estiver de 10 a 20 % e ruim acima de 30 %.

A classificação de CV é muito abrangente, contudo, não considera as particularidades da cultura estudada, e ainda não se realiza distinção quanto à natureza do caráter avaliado (BATISTA et al., 2015; TORRES et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2017). Segundo Carvalho et al. (2003), para a cultura da soja o limite máximo admitido para o coeficiente de variação para produtividade de grãos é de 16%.

Os CV variaram de 2,64% (NSV) a 36,26 % (NV1) (Tabela 1). Verificou-se que dentre os caracteres avaliados, a maioria se encontrou com valores inferiores a 30 %, com exceção



para NV1 e NV2, o que evidencia que o estudo possui precisão experimental. Teixeira (2017), avaliando 35 linhagens de soja, encontrou o coeficiente de variação inferior a 30 % para todos os caracteres apresentados neste estudo, com exceção para NVT, no município de Uberlândia.

O Coeficiente de Determinação Genotípico ( $H^2$ ) expressa a proporção de variabilidade fenotípica resultado da natureza genética. Quando os tratamentos estudados forem considerados fixos, o parâmetro  $H^2$  é denominado coeficiente de determinação genotípico (CRUZ et al., 2014).

Valores de médios a altos para coeficiente de herdabilidade e coeficiente de variação genética estão associados a uma maior variabilidade genética, maior acurácia seletiva e possibilidade de selecionar com sucesso linhagens de soja com boas características agronômicas (STORCK; RIBEIRO, 2011).

Os valores de  $H^2$  variam de 38,81 % para NNF e 75,15 % para NDM (Tabela 1). Segundo Cruz et al (2012) as estimativas de  $H^2$  maior ou igual a 70% são consideradas de elevada magnitude. Assim foram elevadas para NDM (75,15), APM (70,66), NNM (72,46) e PROD (70,90) o que é indicativo de que as diferenças entre os genótipos são predominantemente de natureza genética. Segundo Ramalho et al. (2012) baixos valores se dão em função da alta variância ambiental.

Para os caracteres número de vagens com um, dois e três grãos e número total de vagens por planta em que o parâmetro  $H^2$  foi inferior ( $< 70$  %) pode ser justificada devido ao comportamento quantitativo, atribuídos aos muitos genes que as governam e à influência ambiental (HAMAWAKI et al, 2010). Em relação aos caracteres agronômicos, as médias demonstram o desempenho agronômico dos genótipos, no qual foram agrupados pelo teste de Scott-Knott. Observou-se a predominância da formação de dois grupos para a grande maioria dos caracteres, com exceção do NNF, que não apresentou variação pelo teste (Tabela 2).

**Tabela 2.** Médias dos caracteres agronômicos: número de dias para maturação, altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, número de nós no florescimento, número de nós na maturidade e número de nós produtivos em 25 genótipos de soja semeada em 2018/2019 agrupados pelo teste de Scott-Knott a 5 % de significância, Uberlândia – MG, 2020.

<b>GENÓTIPOS</b>	<b>NDM</b>	<b>APF</b>	<b>APM</b>	<b>NNF</b>	<b>NNM</b>	<b>NNP</b>
UFUS 01	121,00 a	46,70 b	59,60 a	12,73 a	17,60 a	10,80 b
UFUS 02	126,00 a	45,17 b	58,07 a	12,87 a	17,20 a	11,53 b
UFUS 03	112,33 b	57,63 a	62,00 a	12,80 a	17,07 a	9,80 b
UFUS 04	119,00 a	54,30 a	72,93 a	13,20 a	16,67 a	13,40 a
UFUS 05	119,67 a	54,53 a	67,93 a	12,07 a	17,33 a	12,40 a
UFUS 06	112,33 b	38,37 b	56,23 a	11,20 a	15,07 a	11,07 b
UFUS 07	119,00 a	50,70 a	61,23 a	13,60 a	18,27 a	13,73 a
UFUS 08	117,00 b	57,90 a	61,77 a	11,40 a	15,33 a	9,27 b
UFUS 09	114,33 b	45,77 b	58,70 a	10,13 a	15,40 a	9,60 b
UFUS 10	119,00 a	41,37 b	51,40 b	12,53 a	16,20 a	10,80 b
UFUS 11	121,00 a	47,87 b	51,17 b	11,67 a	12,80 b	10,00 b
UFUS 12	114,67 b	53,97 a	64,13 a	12,80 a	18,00 a	12,33 a
UFUS 13	121,00 a	38,47 b	48,13 b	10,00 a	17,33 a	10,47 b
UFUS 14	123,00 a	40,57 b	40,97 b	11,27 a	12,20 b	9,40 b
UFUS 15	123,00 a	40,67 b	50,07 b	9,87 a	15,00 a	9,33 b
UFUS 16	119,00 a	44,10 b	59,13 a	11,53 a	16,87 a	13,67 a
UFUS 17	114,33 b	58,30 a	63,67 a	12,27 a	16,20 a	10,80 b
UFUS 18	116,67 b	59,87 a	63,53 a	12,86 a	17,33 a	12,07 a
UFUS 19	119,00 a	55,43 a	64,13 a	12,13 a	16,12 a	9,53 b
UFUS 6901	110,00 b	45,23 b	62,60 a	11,53 a	18,47 a	16,67 a
UFUS 7415	110,00 b	51,47 a	46,50 b	11,27 a	13,33 b	11,13 b
UFUS B8	117,00 b	35,73 b	42,87 b	10,67 a	11,67 b	8,27 b
UFUS B14	124,00 a	45,23 b	54,73 b	11,47 a	17,20 a	10,33 b
UFUS B30	126,00 a	45,30 b	69,73 a	12,00 a	17,33 a	11,07 b
TMG801	114,67 b	42,93 b	49,27 b	9,93 a	11,87 b	10,40 b

\*Médias seguidas pelas mesmas letras, minúsculas nas colunas e maiúsculas nas linhas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ( $p \leq 0,05$ ), NDM: número de dias para maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NNP: número de nós produtivos.

O caráter NDM originou dois grupos cujas médias oscilaram entre 110 e 126 dias para os genótipos UFUS 6901, UFUS B30 e UFUS 02, respectivamente. A cultivar TMG 801 apresentou cerca de 114,6 dias. O grupo de menor ciclo reuniu 11 genótipos, sendo os genótipos UFUS 6901 (110 dias), UFUS 7415 (110 dias), UFUS 03 (112,33 dias) e UFUS 06 (112,33 dias) que apresentam menor ciclo. Atualmente, o uso de cultivares de ciclo precoce é desejável nos programas de melhoramento, pois permite a utilização do sistema de sucessão de culturas, e instalação de milho segunda safra após a colheita da soja (CRUZ et al., 2010; MEOTTI et al., 2012). Além disso, os genótipos de ciclo precoce permanecem menos tempo no campo, ou seja, estão menos sujeitos a efeitos dos fatores bióticos e abióticos, como ataque de pragas, doenças

e impactos referentes à seca (FINOTO et al., 2011; GATUT WAHYU et al., 2014).

A APF variou de 35,73 cm a 59,87 cm para as linhagens UFUS B8 e UFUS 18, respectivamente (Tabela 2). Já para a altura das plantas na maturidade foi observado variação entre 40,97 cm para UFUS 14 e 72,93 cm para UFUS 4. A altura da planta na maturidade é importante para a realização da colheita mecanizada. De acordo com Sedyama et al. (2016), a altura ideal para a soja está entre 60 a 110 cm, o que facilita durante a colheita e evita o acamamento. Sendo assim, 11 linhagens atingiram a altura ideal para colheita, UFUS 03, UFUS 04, UFUS 05, UFUS 07, UFUS 08, UFUS 12, UFUS 17, UFUS 18, UFUS 19, UFUS 6901 e UFUS B30.

Os baixos valores encontrados em APM na Tabela 2, possivelmente ocorreram devido ao experimento ter sido realizado fora da época ideal, sofrendo influência principalmente das temperaturas mais baixas no mês de abril. Com a semeadura realizada fora da época apropriada para o cultivo da soja, nota-se a limitação do porte da planta e adversidades pluviométricas (TECNOLOGIAS, 2013; FERRARI et al., 2015).

Em relação ao caráter NNM variou de 11,67 para UFUS B8 e 18,47 para UFUS 6901 (Tabela 2). Já em relação ao número de nós produtivos variou de 8,26 (UFUS B8) até 16,67 (UFUS 6901). Segundo Sedyama (2016) uma planta de soja com alto potencial produtivo deve apresentar cerca de 17 a 18 nós na haste principal. Sedyama, Silva e Bórem (2015) afirmam ainda que tal característica apresenta grande importância em programas de melhoramento, pois a produtividade de um genótipo está diretamente relacionada ao número de nós na haste principal, sendo um principal caráter no processo de seleção de linhagens.

**Tabela 3.** Médias dos caracteres agronômicos: número de vagens com um grão, número de vagens com dois grãos, número de vagens com três grãos, número total de vagens, número de vagens sem grãos e produtividade em 25 genótipos de soja semeada em 2018/2019 agrupados pelo teste de Scott-Knott a 5 % de significância, Uberlândia – MG, 2020.

<b>GENÓTIPOS</b>	<b>NV1</b>	<b>NV2</b>	<b>NV3</b>	<b>NTV</b>	<b>NSV</b>	<b>PROD (kg ha<sup>-1</sup>)</b>
UFUS 01	15,80 a	45,47 a	20,48 a	81,74 a	2,07 b	2200,65 b
UFUS 02	19,27 a	32,07 b	18,58 a	69,92 a	1,99 b	2069,64 b
UFUS 03	7,80 b	22,93 b	14,08 b	44,81 b	2,16 a	2271,11 b
UFUS 04	20,67 a	49,47 a	22,68 a	92,81 a	2,03 b	3477,43 a
UFUS 05	17,00 a	31,00 b	17,96 a	65,96 a	2,01 b	2219,64 b
UFUS 06	16,40 a	23,53 b	15,45 b	55,37 b	2,00 b	2492,67 b
UFUS 07	10,67 b	29,13 b	17,08 b	56,88 b	2,13 a	2507,67 b
UFUS 08	16,07 a	38,73 a	18,16 a	72,96 a	2,05 b	2540,40 b
UFUS 09	12,20 b	36,67 a	16,80 b	65,67 a	2,07 b	2214,14 b
UFUS 10	15,27 a	39,13 a	18,77 a	73,18 a	2,05 b	2296,06 b
UFUS 11	4,73 b	31,73 b	14,18 b	50,65 b	2,18 a	3068,43 a
UFUS 12	16,60 a	29,40 b	17,83 a	63,82 b	2,02 b	3320,51 a
UFUS 13	12,53 b	28,07 b	15,68 b	56,28 b	2,05 b	2003,37 b
UFUS 14	7,87 b	25,53 b	13,25 b	46,65 b	2,12 a	2609,56 b
UFUS 15	11,27 b	26,67 b	14,43 b	52,36 b	2,06 b	1844,36 b
UFUS 16	8,80 b	22,87 b	14,75 b	46,41 b	2,13 a	1794,68 b
UFUS 17	13,93 a	49,60 a	22,27 a	85,80 a	2,09 a	2555,15 b
UFUS 18	8,47 b	29,07 b	15,96 b	53,49 b	2,14 a	2653,22 b
UFUS 19	15,47 a	25,87 b	15,82 b	57,15 b	2,01 b	1918,28 b
UFUS 6901	10,13 b	32,80 b	17,92 a	60,85 b	2,14 a	3767,86 a
UFUS 7415	13,80 a	47,13 a	19,33 a	80,27 a	2,06 b	4003,77 a
UFUS B8	9,53 b	29,33 b	13,89 b	52,76 b	2,09 a	3102,60 a
UFUS B14	8,93 b	18,93 b	13,37 b	41,24 b	2,11 a	1990,65 b
UFUS B30	10,20 b	27,60 b	15,64 b	53,44 b	2,12 a	2275,15 b
TMG801	8,73 b	30,33 b	14,25 b	53,32 b	2,11 a	2415,64 b

\*Médias seguidas pelas mesmas letras, minúsculas nas colunas e maiúsculas nas linhas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ( $p \leq 0,05$ ), NV1: número de vagens com um grão; NV2: número de vagens com dois grãos; NV3: número de vagens com três grãos; NTV: número de vagens totais por planta; NSV: número de vagens com zero grãos; PROD: produtividade de grãos.

A soja pode apresentar vagens com até cinco grãos, porém as vagens com dois ou três grãos são mais comumente encontradas (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Dentre os genótipos estudados, houve predominância de vagens com dois grãos, seguida pelas vagens com um grão e com três grãos (Tabela 1), corroborando com resultados obtidos por Machado (2017) ao avaliar 24 linhagens de soja em Uberlândia-MG.

Neste estudo, observou-se que o NV1 teve uma variação entre 4,73 e 20,67 para os genótipos UFUS 11 e UFUS 4. Verificou-se também que o NV2 variou de 18,93 para UFUS B14 e 49,60 para UFUS 17; já o número de vagens que apresentou cerca de 3 grãos variou entre

13,25 e 22,68 para os genótipos UFUS 14 e UFUS 4, respectivamente (Tabela 3).

Já em relação ao número total de vagens constatou-se que as médias oscilaram de 41,24 vagens (UFUS B14) e 92,81 vagens (UFUS 4) (Tabela 3). Teixeira (2017), também verificou a formação de dois grupos para o caráter número de vagens, em seu trabalho com linhagens de soja no município de Uberlândia. O NTV em uma planta de soja depende da época de semeadura, que se realizada após o período adequado, pode gerar menor altura de planta, menor número de nós e, por consequência, redução da quantidade de vagens por planta (OLIVEIRA, 2010). Contudo, apesar de a quantidade de vagens ser um indicativo direto da produtividade da cultura (LEITE et al., 2016), o genótipo UFUS 04 não apresentou a maior produtividade. Fato igual ao que ocorreu com Sousa (2015) onde encontrou em média 73,82 vagens para o genótipo UFUS 66, no entanto não foi responsável pela maior produtividade, estando cerca de 2119,56 kg ha<sup>-1</sup> abaixo da maior média obtida no experimento.

Verificou-se também a relação de vagens com número zero grão ou chochas, variando entre 1,99 vagens (UFUS 2) e 2,18 vagens (UFUS 11). Para esse caráter o parâmetro de herdabilidade foi inferior a 70%, evidenciando que a influência ambiental predominou entre os genótipos.

Além disso, condições do solo também influenciam no enchimento dos grãos, assim como o clima (EMBRAPA, 2019). Segundo Rosolem et al. (2006) a fase de pegamento de vagens é mais sensível à deficiência de fósforo do que a fase de enchimento de grãos, podendo ocorrer recuperação de parte da produtividade pelo menor número de grãos e vagens chochas e aumento no tamanho de grão, se a deficiência ocorrer tardiamente e não for muito severa.

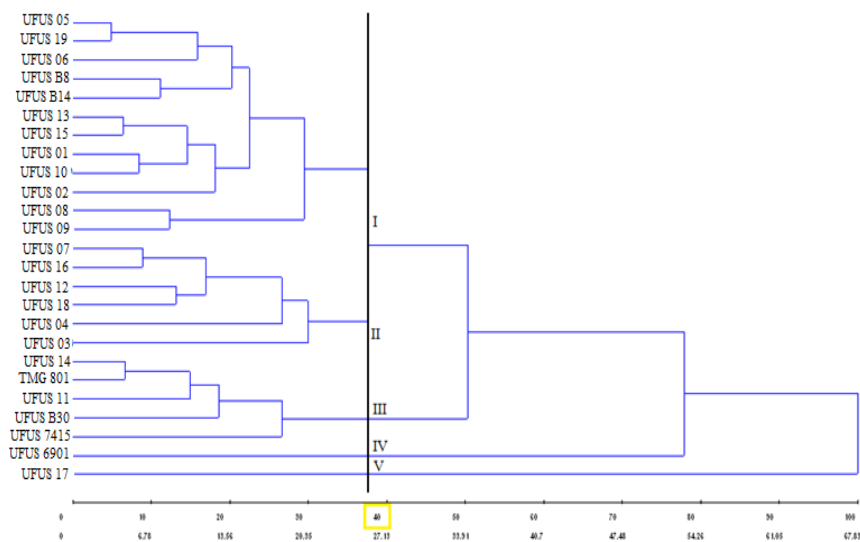
A produção de grãos é considerada o principal caráter de interesse para programas de melhoramento genético. Neste estudo, verificou-se que os genótipos se agruparam em dois grupos pelo teste de Scott-Knott e variou de 1.794, 68 (UFUS 16) e 4.003,77 kg ha<sup>-1</sup> (UFUS 7415) (Tabela 3). Sendo que o grupo de maior produtividade foi representado ainda pelos genótipos UFUS 6901, UFUS 4, UFUS 12, UFUS B8 e UFUS 11. Segundo Sedyama et al. (2015), cultivares consideradas superiores devem apresentar produtividade igual ou superior a 3.000 kg ha<sup>-1</sup>, sendo isso observado no estudo para o grupo de maior produtividade.

Para quantificar a dissimilaridade genética entre os 25 genótipos avaliados, determinou-se a distância generalizada de Mahalanobis, cujas estimativas foram de 3,33 entre as linhagens UFUS 5 e UFUS 19; e de 107,61 entre os genótipos UFUS 17 e UFUS 20. Do ponto de vista genético, quanto maior o D<sup>2</sup>, maior a dissimilaridade entre os genótipos. Assim, os programas de melhoramento utilizam tal método, pois ele permite a obtenção de informações quanto ao

grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Segundo Almeida et al. (2013), genótipos reunidos em grupos mais distantes são indicativos de dissimilaridade, podendo ser utilizados na seleção para hibridações.

As medidas de dissimilaridade genética apresentaram uma elevada magnitude (3,33 a 107,61), indicando a presença de ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A menor distância foi obtida entre os genótipos UFUS 05 e UFUS 19 e a maior distância foi obtida entre os genótipos UFUS 17 e UFUS 20. Entre as maiores distâncias encontradas, o UFUS 17 esteve presente em 60% das combinações, em seguida o UFUS 20 aparecendo em 32% das combinações, o que indica que esses genótipos podem ser os mais divergentes entre os estudados.

Almeida et al. (2013), ao estudarem a divergência genética entre cultivares de soja, observaram uma magnitude da dissimilaridade entre 2,65 a 374,06, assim como Junior et al. (2015) que, em um experimento com 41 genótipos de soja, encontraram a distância genética oscilando entre de 3,18 a 279,81 com a formação de seis grupos distintos. A partir da matriz de dissimilaridade, foi possível gerar um dendrograma utilizando a metodologia UPGMA (Figura 1).



**Figura 1.** Dendrograma representativo da dissimilaridade entre os 25 genótipos de soja na safra 2018/2019, obtido pelo método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), Uberlândia – MG, 2020.

Pelo dendrograma (Figura 1), ao realizar um corte a 38% de dissimilaridade, significa que o corte foi feito onde houve alta mudança de nível genético. Os genótipos foram separados em cinco grupos pelo método UPGMA. Em estudos de diversidade genética de soja, a metodologia de UPGMA tem sido utilizada com mais frequência para identificação de grupos de genótipos mais similares (VILLELA et al., 2014; SOUSA, 2015; CANTELLI et al., 2016).

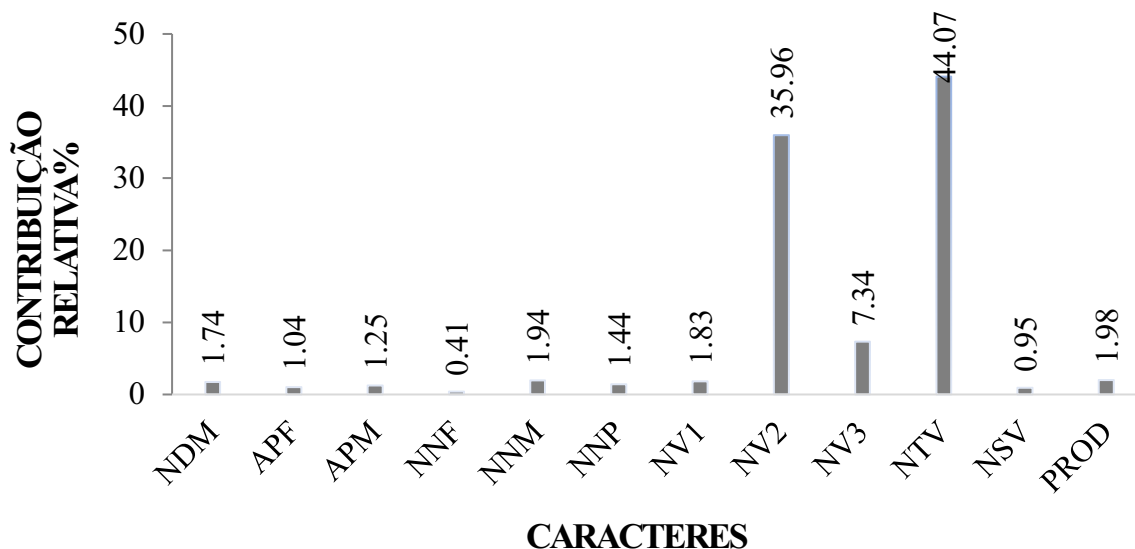
O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher, apresentado em Cruz e Carneiro (2006), constitui um método de agrupamento simultâneo, o qual realiza a separação dos genótipos em grupos de uma só vez. Esse método utiliza um único critério de agrupamento e possui a particularidade de apresentar distância média dentro dos grupos sempre menor que a distância média entre os grupos.

Foi possível observar a formação de três grupos, como demonstrado na Tabela 4. O Grupo I foi composto por 92% dos genótipos do ensaio, os grupos II e III compostos apenas por um genótipo.

**Tabela 4.** Agrupamento de Tocher em 25 genótipos de soja na safra 2018/2019, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), Uberlândia – MG, 2020.

<b>GRUPOS</b>	<b>GENÓTIPOS</b>
I	UFUS 05, UFUS 19, UFUS 06, UFUS 23, UFUS 16, UFUS 24 , UFUS 07, UFUS 10, UFUS 15, UFUS 01, UFUS 13, UFUS 02, UFUS 09, UFUS 08, UFUS 12, UFUS 04, UFUS 18, UFUS 25, UFUS 14, UFUS 22, UFUS 11, UFUS 03 e UFUS 21
II	UFUS 20
III	UFUS 17

Em relação à análise de contribuição relativa de caracteres, utilizando o método Singh (1981), observou-se que a variável número de nós no florescimento foi a que apresentou menor contribuição para a divergência entre os 25 genótipos avaliados (0,41%), enquanto que os caracteres número totais de vagens e número de vagens com 2 grãos foram os que mais contribuíram, com 44,07 % e 35,96 % respectivamente (Figura 2).



**Figura 2.** Contribuição relativa dos caracteres para a dissimilaridade genética de 25 genótipos de soja, pelo método proposto por Singh (1981), Uberlândia – MG, 2020.

Em relação ao caráter produtividade, esse foi responsável por cerca de 1,98 % da divergência entre os genótipos (Figura 2). Ferreira Junior et al. (2015) encontraram valor de 7,69 %, ao avaliarem a diversidade genética e desempenho agrônômico em um grupo de linhagens avançadas, o que diverge do presente estudo. O que significa que o caráter produtividade para o estudo da diversidade genética entre os genótipos estudados, não contribuiu de forma satisfatória, ou seja, não foi relevante, sendo assim, esse caráter não deve ser considerado como um indicativo da diversidade genética.

Considerando a produtividade de grãos, um dos caracteres mais importantes para o melhoramento genético, os genótipos UFUS 04, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 6901, UFUS 7415 e UFUS B8 foram os que obtiveram alta produtividade.

Em relação ao número de dias para maturidade, outro caráter importante avaliado nesse trabalho, os genótipos que obtiveram menor ciclo foram: UFUS 6901, UFUS 7415, UFUS 03, UFUS 06, UFUS 09, UFUS 12 e UFUS 17.

## 5. CONCLUSÕES

Conclui-se que os genótipos mais produtivos foram: UFUS 04, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 6901, UFUS 7415 e UFUS B8.

Os caracteres número de vagens com 2 grãos (UFUS 17) e número total de vagens



(UFUS 04) foram os que mais contribuíram para a dissimilaridade genética entre os genótipos, sendo o genótipo UFUS B8 o que menos contribuiu.

Os genótipos UFUS 6901, UFUS 7415 e UFUS 12 foram os únicos selecionados para os caracteres NDM, NV3 e PROD, indicando que são genótipos com elevado potencial para precocidade e produtividade.

Mediante os resultados apresentados acima sugere-se o cruzamento entre os genótipos UFUS 6901 X UFUS 12, UFUS 7415 X UFUS 04, UFUS 04 X UFUS 17, UFUS 6901 X UFUS 01, UFUS 12 X UFUS 17 referente à precocidade e produtividade de grãos.

## 6. REFERÊNCIAS

A SOJA. História, tendências e virtudes. Revista Funcionais e Nutracêuticos, n. 0, p. 28-40, 2007.

AGUILA, L. D. H.; AGUILA, J. S. del; THEISEN, G. Perdas na Colheita na Cultura da Soja. COMUNICADO TÉCNICO n. 271, Embrapa Clima Temperado, dez. 2011. 12p.

ALMEIDA, F. A.; et al. Desempenho agrônômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.

ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T. **Luz, umidade e temperatura. Tecnologias de produção e uso da soja**. Londrina: Mecenasa, p. 17-27, 2009.

BATISTA, R. O.; HAMAWAK, R. L.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T. Adaptability and stability of soybean genotypes in off-season cultivation. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 14, 2015.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). A soja no Brasil. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 1-16.

BORÉM, A.; MIRANDA, G.V.; NETO, R.F. Melhoramento de Plantas. Viçosa, 2017, ed. 7, p.35.

CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia de produção**. Piracicaba: Publique, 1998. 293 p.

CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B. ; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic 83 divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. *Genetics and molecular research: GMR*, v. 15, n. 4, 2016.

CARVALHO, C.G.P.; et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CHUNG, G.; SINGH, R. J. Broadening the genetics base of soybean: a multidisciplinary approach. *Critical Reviews in Plant Sciences*, v. 27, n. 5, p. 295-341, 2008.

COLOMBARI-FILHO, J. M. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. Piracicaba, 2009. 98f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2009.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira grão - safra 2018/2019**: Nono Levantamento. Brasília. v.6. 2019. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 23 fev. 2020.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento de safra brasileira grão - safra 2019/20**: Décimo segundo levantamento. Brasília. v.7. 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>>. Acesso em: 25 set. 2020.

COSTA, N. L.; SANTANA, A. D. Poder de mercado e desenvolvimento de novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise da experiência brasileira. *Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, v. 56, n. 1, p. 61-68, 2013.

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2006. v. 2, 585 p.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2014. v.3, p.668.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011, 620p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.

CRUZ, C.D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa: UFV, 2006. 382p.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Crescimento e produtividade de soja em diferentes épocas de semeadura no oeste da Bahia. *Scientia Agraria*, v. 11, n. 1, p. 033-042, 2010.

DE QUEIROZ, Fábio Albergaria et al. Impactos do comércio internacional de soja sobre a biodiversidade do Cerrado. **II Encontro Associação Nacional de Pós-Graduação e Pesquisa em Ambiente e Sociedade**, 2004.

DOMINGUES, M. S. D.; BERMANN, C.; MANFREDINI, S. A produção de soja no Brasil e sua relação com o desmatamento na Amazônia. **Revista Presença Geográfica**, v. 1, n. 1, 2017.

EMBRAPA. Tecnologias de Produção de Soja - Região Central do Brasil 2014. Londrina: EMBRAPA SOJA, 2013. 265 p. (Sistemas de Produção, 16). Londrina, Paraná. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos> > Acesso em: fev de 2020.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. Fisiologia da produção de Soja. Londrina, Paraná. 2019. Disponível em: < [https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/Norman+-+Fisiologia+da+produ%C3%A7%C3%A3o+de+soja\\_13.06.2019\\_Final.pdf/1259fbbd-b4d1-bea6-44af-ac8cd9fa7aa1](https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/Norman+-+Fisiologia+da+produ%C3%A7%C3%A3o+de+soja_13.06.2019_Final.pdf/1259fbbd-b4d1-bea6-44af-ac8cd9fa7aa1) > Acesso em: 26 set. 2020.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA. Tecnologias de produção de soja - Região Central do Brasil 2014. SISTEMA DE PRODUÇÃO, n. 16. Londrina: Embrapa Soja, out. 2013. 265 p.

FRANÇA, Edgar Estevam de. **Características agronômicas, propriedades físicas e qualidade fisiológica de sementes de cultivares de soja em função do hábito de crescimento e populações de plantas**. 2019. 60f. Dissertação (Mestrado em Engenharia Agrícola) - Câmpus Anápolis de Ciências Exatas e Tecnológicas Henrique Santillo, Universidade Estadual de Goiás, Anápolis, 2019.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1977.

FELICI, P.H.N. **Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional.** Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia – MG, 2017.

FERRARI, E.; DA PAZ, A.; DA SILVA, A. C. Déficit hídrico no metabolismo da soja em semeaduras antecipadas no Mato Grosso. *Nativa*, v. 03, n. 01, p. 67-77, 2015. <https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n01a12>

FERREIRA JÚNIOR, J. A. et al. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agronômica**. Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

FINOTO, E. L.; CARREGA, W. C.; SEDIYAMA, T.; DE ALBUQUERQUE, J. A. A.; CECON, P. R.; REIS, M. S. Efeito da aplicação de fungicida sobre caracteres agronômicos e severidade das doenças de final de ciclo na cultura da soja. *Revista Agro@mbiente On-line*, v. 5, n. 1, p. 44-49, 2011.

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no Brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. *Enciclopédia Biosfera*, Goiânia, v. 7, n. 12, p.1- 12, 2011.

GATUT\_WAHYU, A. S.; MANGOENDIDJOJO, W.; YUDONO, P.; KASNO, A. Mode of inheritance of genes control maturity in soybean. *ARPN Journal of Agricultural and Biological Science*, v. 9, n. 5, p. 178-182, 2014.

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Cienc. Cult.**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 16-18, jul. 2018. Disponível em: <[http://cienciaecultura.bvs.br/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S0009-67252018000300005&lng=pt&nrm=iso](http://cienciaecultura.bvs.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0009-67252018000300005&lng=pt&nrm=iso)>. Acesso em: 20 fev. 2020.

GESTEIRA, G.S. **Seleção de linhagens de soja precoce para produtividade e qualidade de grãos.** Universidade Federal de Lavras, Lavras - MG, Campinas, 2017.

GLASENAPP, J. S. et al. Diversidade de características agronômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsorapa chyrhizi*. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015.

HAMAWAKI, O. T.; et al. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 1, n. 1, p. 43-47, 2010.

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. O agronegócio da soja nos contextos mundial e Brasileiro. *Documentos Embrapa*, Londrina, n. 349, 2014.

HUNGRIA, M.; CAMPO, R.; CHUEIRE, L.; GRANGE, L.; MEGIAS, M. Symbiotic effectiveness of fast-growing rhizobial strains isolated from soybean nodules in Brazil. **Biology and Fertility of Soils**, v. 33, n. 5, p. 387-394, 2001.

HYTEN, D. L.; et al. Impacts oof genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, Washington, v. 103, p. 1666-1667, 2006.

JUNIOR, J.A.F.; et al. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

KIIHL, R. A. S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trai in breeding soybean cultivars. In: **WORLD SOYBEAN RESERACH CONFERENCE**, 4, p. 994-1000, 1989.

LEITTE, W. de S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. *Comunicata Scientiae*. São Paulo, v. 7, n. 3, p. 302-310, 27 dez. 2016. *Lepidus Tecnologia*.

MACHADO, A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. *Revista Brasileira de Agroecologia*, v. 9, n. 1, 2014.

MACHADO, B. Q. V. et al. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 33, n. 6, p.1419-1430, dez. 2017.

MARTINS, J.A. **Desempenho agronômico e seleção de genótipos de soja no município de Uberlândia - MG**. 2018. 27 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) *Soja: do plantio à colheita*. Viçosa: UFV, 2015, p. 27-53.

MATTOS, T. P. Herança de caracteres agronômicos e efeito da época de semeadura sobre desempenho da soja. Dissertação (Mestrado em agronomia) Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

MEOTTI, G.V.; et al. Épocas de semeadura e desempenho agronômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.47, n.1, p.14-21, 2012.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO - MAPA. Requisitos mínimos para determinação do Valor de Cultivo e Uso de soja (*Glycine max*) para

inscrição no Registro Nacional de Cultivares - RNC. Disponível em: <  
<http://www.agricultura.gov.br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumosagricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/formulariospara-registro-de-cultivares> >  
Acesso em: 10 março 2020.

MULLER, L. Taxionomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Eds). A soja no Brasil. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p.65-104.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa – Departamento de fitotecnia,2011.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: Ernane Lemes; Leonardo Castro; Rafael Assis. (Org.). Doenças da soja: melhoramento genético e técnicas de manejo. 1. ed. Campinas: Millennium, 2015, v. 1, p. 159-178.

NOGUEIRA, A.P.O.; et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O.; et al. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009, 7-16p.

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic improvement. *Agronomy Science and Biotechnology*. 1(1), pp. 1-9. 2015.

OLIVEIRA, A. B. Fenologia, desenvolvimento e produtividade de cultivares de soja em função de épocas de sementeira e densidades de plantas. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias. 78 p. 2010.

OLIVEIRA, M. M.; SOUSA, L. B.; REIS, M. C.; SILVA JUNIOR, E. G.; CARDOSO, D. B. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**. Ribeirão Preto, v. 2, n. 16, 2017.

PIMENTEL, A. J. B.; et al. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. *Bragantia*, Campinas, v. 72, n. 2, p.113- 121, 2013.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; ARANTES, N. E.; CONTEL, E. P. B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. *Genetics and Molecular Biology*, Ribeirão Preto, v. 25, p. 185-193, 2002.

PRIOLLI, R. H. G.; MENDES-JUNIOR, C. T.; SOUSA, S. M. B.; SOUSA, N. E. A.; CONTEL, E. P. B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

RAMALHO, M.A.P.; et al. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Ed. Lavras: Ed. UFLA, Lavras, 2012, 522p.

RIGON, J. P. G.; et al. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233- 240, 2012.

ROCHA, R. S.; DA SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; DE CÁSSIA TEIXEIRA, R. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. *Revista Ciência Agronômica*, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012.

RODRIGUES, O., DIDONET, A. D., LHAMBY, J. C. B., BERTAGNOLLI, P. F., & LUZ, J. S. D. Quantitative response of soybean flowering to temperature and photoperiod. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 3, p. 431-437, 2001.

ROSOLEM, A; et al. **Sintomas de deficiência tardia de fósforo em soja**. *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, 30:385-389, Unesp, 2006.

SANTANA, Alex Junio de Oliveira. **Parâmetros genéticos, potencial produtivo e agrônomo de linhagens de soja**. 2018. Monografia (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia - MG, 2018.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 2016, p. 310.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias, 2009, p. 1-5.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A. soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Produtividade da Soja**. Mecenias: Londrina, 2016, p. 11-18.

SEDIYAMA, T. et al. Importância econômica da semente. In: SEDIYAMA, Tuneo. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenias Ltda., 2013, cap. 1, p. 11.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja: do plantio à colheita. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 2009, p. 897-930.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-604.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic Plant Breeding**, New York, v.41, n.2, p.237-245, 1981.

SOUSA, L. B. et al. Genetic variability among soybean biparental crosses evaluated by multivariate analysis. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 31, n. 5, p. 1404-1412, 2015.

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. *Bioscience Journal*, v. 31, n. 6, 2015.

SOUZA, L. B. **Diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja**. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, MG, 2013.

SOUZA, R.; TEIXEIRA, I. R.; REIS, E.; SILVA, A. Soybean morphophysiology and yield response to seeding systems and plant populations. *Chilean Journal of Agricultural Research*, v.76, n. 1, p.101-110, 2016.

STORCK, L.; RIBEIRO, N. D. Valores genéticos de linhas puras de soja preditos com o uso do método de Papadakis. *Bragantia*, v. 70, p. 753-758, 2011.

TECNOLOGIAS de produção de soja: Região central do Brasil, 2013 e 2014. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 265 p. (EMBRAPA SOJA, Sistemas de Produção, 16).

TEIXEIRA, F.G. **Herança da precocidade e de caracteres agrônômicos em soja e seleção de linhagens com base em índices de seleção**. Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia – MG, 2017.

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, R.L.; JORGE, G.L.; HAMAWAKI, C.L.; MACHADO, B.Q.V.; SANTANA, A.J.O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. *Genetics and molecular research*, v. 16, n. 3, 2017.



TORRES, F.E.; et al. Desempenho agrônômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. *Revista de Ciências Agrárias*, Lisboa, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

VIANNA, M.S. **Seleção de linhagens, parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em soja**. Monografia, Univerdidade Federal de Uberlândia, Uberlândia – MG, 2017.

VILELA, M. S. Estimativas de parâmetros genéticos para caracteres de cenoura em sistemas de cultivo agroecológico. 2008. 68 p. Dissertação (Mestrado) - Universidade de Brasília, Brasília, 2008.

VILLELA, O. T.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M. D.; BÁRBARO, L. S. J.; MAURO, A. O. D. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. *African Journal of Biotechnology*. Vol 13 (26), pp. 2613-2625, 25 June, 2014.

WYSMIERSKI, P. T. Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras. 2011. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

WYSMIERSKI, P. T; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. *Genetics and Molecular Biology*, 36 (4), pp. 547-55. 2013.