

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA

JOSEF GASTL FILHO

**ANÁLISE DIALÉLICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA**

Uberlândia - MG

2022

JOSEF GASTL FILHO

**ANÁLISE DIALÉLICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA**

Dissertação apresentado ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia como requisito parcial para obtenção do título mestre em agronomia.

Área de concentração: Produção Vegetal

Orientador: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

Uberlândia - MG

2022

Ficha Catalográfica Online do Sistema de Bibliotecas da UFU
com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

G255 2022	<p>Gastl Filho, Josef, 1996- Análise dialética, estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos de soja [recurso eletrônico] / Josef Gastl Filho. - 2022.</p> <p>Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Pós-graduação em Agronomia. Modo de acesso: Internet. Disponível em: http://doi.org/10.14393/ufu.di.2022.137 Inclui bibliografia. Inclui ilustrações.</p> <p>1. Agronomia. I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki, 1954- (Orient.). II. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981- (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Pós-graduação em Agronomia. IV. Título.</p> <p>CDU: 631</p>
--------------	--

Bibliotecários responsáveis pela estrutura de acordo com o AACR2:

Gizele Cristine Nunes do Couto - CRB6/2091



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
 Secretaria da Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Agronomia
 Rodovia BR 050, Km 78, Bloco 1CCG, Sala 206 - Bairro Glória, Uberlândia-MG, CEP 38400-902
 Telefone: (34) 2512-6715/6716 - www.ppga.iciag.ufu.br - posagro@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 003/2022, PPGAGRO				
Data:	Dezoito de fevereiro de dois mil e vinte e dois	Hora de início:	08:00	Hora de encerramento:	11:00
Matrícula do Discente:	12012AGR009				
Nome do Discente:	Josef Gastl Filho				
Título do Trabalho:	Análise dialélica, estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos de soja				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU; Fernando Cezar Juliatti - UFU; Demerson Arruda Sanglard - UFMG; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador do candidato.

Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(às) examinadores(as), que passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

[A]provado(a).

Esta defesa faz parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre.

O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU.

Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.



Documento assinado eletronicamente por **Osvaldo Tosiuyuki Hamawaki, Presidente**, em 18/02/2022, às 11:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 18/02/2022, às 11:12, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Professor(a) do Magistério Superior**, em 18/02/2022, às 11:12, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Demerson Arruda Sanglard, Usuário Externo**, em 23/02/2022, às 09:35, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3318876** e o código CRC **7E091A3B**.

Dedico aos meus pais, os quais me geraram, que me ampararam nos momentos de dificuldade, que me sempre foram solícitos e me incentivaram a alcançar os meus objetivos.

AGRADECIMENTOS

À Deus, à Sagrada Família, aos Santos Anjos, aos Santos do Céu e à Minha Mãe pela força concebida em todos os momentos desta jornada.

À minha mãe, que encheu meu coração de amor e esperança e que sempre me ajudou e orientou nos momentos de dificuldade, que me aconselhou e me confortou. Também sou grato ao meu pai, que me proporcionou a tranquilidade e o conforto, sempre me deu sábios conselhos, que sempre me amparou nos momentos de dificuldade, bem como me apoiou em toda a minha trajetória.

À minha noiva Ana Vitoria, por todo amor e compreensão, que sempre esteve ao meu lado e que jamais me negou apoio, carinho e incentivo.

Aos meus colegas do Programa de Melhoramento Genético da Soja-UFU Arthur Rezende, Bruno Nunes, Carolina Silva, Douglas Castro, Fabio Marques, Giulyana Tavares, Michelle Santos, Millena e Kamila Camargo por todo apoio e auxílio no decorrer do curso.

Aos meus amigos, agradeço por toda força, incentivo e apoio incondicional.

Ao Programa de Melhoramento Genético da Soja pela disponibilização de todo material genético e infraestrutura para execução dos meus experimentos.

Ao meu orientador Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki pela confiança na execução deste projeto e aos conhecimentos transmitidos.

À minha coorientadora Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira pela dedicação e todos ensinamentos transmitidos.

Aos funcionários da Fazenda Experimental Capim Branco-UFU pelo apoio durante a instalação e condução dos experimentos, em especial ao técnico Eurípedes Borges e Francisco (Chiquinho) pela constante ajuda e ensinamentos durante a condução dos experimentos.

Ao Eng. Agr. Vinícius de Carvalho da empresa Minas Goiás pela doação do tratamento químico de sementes, bioestimulantes e inoculantes.

Ao Eng. Agr. Bruno Nunes pela doação do fertilizante foliar de cobalto e molibdênio e dos defensivos agrícolas.

A Universidade Federal de Uberlândia – UFU, ao Instituto de Ciências Agrárias e ao Programa de pós-graduação em Agronomia por me proporcionarem a oportunidade de cursar mestrado e um ambiente criativo e amigável para os estudos. Sou grato à cada membro do corpo docente, da coordenação do curso, da direção, da administração, aos técnicos, funcionários de limpeza dessa instituição de ensino.

A todos os professores e colegas do Programa de pós-graduação em Agronomia que tive à oportunidade de compartilhar conhecimentos e momentos.

A banca examinadora pelas sugestões para a melhoria da minha dissertação.

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo apoio financeiro, que foi essencial para minha continuidade nos estudos.

A todos os demais que não foram citados, mas que de forma direta ou indireta contribuíram para a realização deste trabalho, bem como com a minha formação profissional e como cidadão brasileiro.

“Você não pode construir um mundo pacífico com
estômagos vazios e miséria humana.”

(NORMAN BORLAUG, 1970)

GASTL FILHO, JOSEF. **Análise dialélica, estimativas de parâmetros genéticos e seleção de genótipos de soja**. 2022, Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais. Brasil.¹

RESUMO

A avaliação do potencial genético de genitores para obtenção de populações segregantes superiores, bem como a realização de estimativas de parâmetros genéticos e correlações e a escolha do método de seleção são ferramentas essenciais nos programas de melhoramento para o desenvolvimento de cultivares de soja superiores. Esta dissertação foi dividida em três capítulos. A saber, o primeiro capítulo referencial teórico que trata sobre os aspectos gerais da cultura da soja, melhoramento genético, seleção de genitores e dialelos, estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção. O segundo capítulo teve por objetivo estimar a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) de cinco genitores de soja, por meio do dialelo parcial, de modo a identificar os genitores e combinações mais promissoras para precocidade e produtividade de grãos de soja. Os experimentos foram realizados no Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU em Uberlândia - MG. Avaliaram-se 15 genótipos, sendo 10 progênies F_2 oriundas de cruzamento dialélico e 5 genitores (UFUS 7010; IAC Foscarin-31; UFUS 7101; TMG 803 e BRS 511). Por meio da análise dialélica, pode-se concluir que os genitores IAC Foscarin-31 e BRS 511 contribuem para maior precocidade, enquanto que a TMG 803 para maior produtividade de grãos, portanto, foram considerados geneticamente superiores e indicados para participar de cruzamentos. As combinações mais promissoras para produtividade de grãos e caracteres agronômicos foram IAC Foscarin-31 \times TMG 803, UFUS 7101 \times TMG 803 e UFUS 7010 \times BRS 511. O terceiro capítulo objetivou estimar parâmetros genéticos e correlações em quatro populações segregantes $RCF_{3;4}$ de soja e selecionar as progênies superiores para precocidade e produtividade. Foram semeadas 52 progênies de quatro populações segregantes: PS-A: (UFUS 7010 \times TMG 801) \times TMG 801 com 10 progênies; PS-B: (UFUS 7010 \times TMG 801) \times UFUS 7010 com 11 progênies; PS-C: (UFUS 7010 \times BRSGO 7560) \times BRSG 7560 com 16 progênies; PS-D: (UFUS 7010 \times BRSGO 7560) \times UFUS 7010 com 15 progênies. Foram selecionadas 15 progênies $RCF_{3;4}$ superiores para precocidade e produtividade de grãos por meio do índice da distância genótipo-ideótipo: G2, G6, G13, G15, G20, G21, G29, G33, G36, G38, G39, G42, G48, G51 e G52. Em todos os experimentos foram avaliados 15 caracteres agronômicos e de produção.

Palavras-chave: capacidade combinatória; melhoramento genético; potencial produtivo; precocidade; seleção de genótipos.

¹ Comitê Orientador: Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (orientador) e Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU (coorientadora)

GASTL FILHO, JOSEF. **Diallel analysis, estimates of genetic parameters and selection of soybean genotypes**. 2022, Dissertation (Master's Degree in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.¹

ABSTRACT

The evaluation of the genetic potential of parents to obtain superior segregating populations, as well as the estimation of genetic parameters and correlations and the choice of selection method are essential tools in breeding programs for the development of superior soybean cultivars. This dissertation was divided into three chapters. Namely, the first theoretical reference chapter that deals with general aspects of soybean cultivation, genetic improvement, selection of parents and diallels, estimates of genetic parameters and selection strategies. The second chapter aimed to estimate the general (CGC) and specific combining ability (CEC) of five soybean parents, through partial diallel, in order to identify the most promising parents and hybrid combinations for precocity and yield of soybean grains. The experiments were carried out in the Soybean Genetic Improvement Program at UFU in Uberlândia - MG. Fifteen genotypes were evaluated, 10 F₂ progenies from diallel crosses and 5 parents (UFUS 7010; IAC Foscari-31; UFUS 7101; TMG 803 and BRS 511). Through diallel analysis, it can be concluded that the parents IAC Foscari-31 and BRS 511 contribute to greater precocity, while TMG 803 to greater grain yield, therefore, they were considered genetically superior and indicated to participate in crosses. The most promising combinations for grain yield and agronomic traits were IAC Foscari-31 × TMG 803, UFUS 7101 × TMG 803 and UFUS 7010 × BRS 511. The third chapter aimed to estimate genetic parameters and correlations in four RCF_{3:4} segregating soybean populations and to select the superior progenies for precocity and productivity. Fifty-two progenies from four segregating populations were sown: PS-A: (UFUS 7010 × TMG 801) × TMG 801 with 10 progenies; PS-B: (UFUS 7010 × TMG 801) × UFUS 7010 with 11 progenies; PS-C: (UFUS 7010 × BRSGO 7560) × BRSG 7560 with 16 progenies; PS-D: (UFUS 7010 × BRSGO 7560) × UFUS 7010 with 15 progenies. Fifteen superior RCF_{3:4} progenies were selected for earliness and grain yield through the genotype-ideotype distance index: G2, G6, G13, G15, G20, G21, G29, G33, G36, G38, G39, G42, G48, G51 and G52. In all experiments, 15 agronomic and production characters were evaluated.

Keywords: combinatorial ability; genetical enhancement; productive potential; precocity; genotype selection.

¹ Supervising Committee: Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU (Advisor) and Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU (Co-supervisor).

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO I

Quadro 1 –	Caracterização dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos da cultura da soja.....	7
Figura 1 –	Área cultivada com soja nas microrregiões brasileiras (milhares de hectares).....	11

CAPÍTULO II

Figura 1 –	Temperaturas média, mínima e máxima do ar (a) e umidade instantânea relativa do ar (b) de setembro de 2021 a fevereiro de 2022, durante a condução do experimento de dialelo balanceado F ₂ em casa de vegetação Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia (MG).....	53
Figura 2 –	Semeadura (a), desbaste (b) e desenvolvimento dos genitores do bloco de cruzamentos.....	55
Figura 3 –	Cruzamentos de soja obtidos a partir dos blocos de cruzamentos.....	56
Figura 4 –	Preparo do substrato para implantação do experimento.....	59
Figura 5 –	Semeadura (a), plântulas F ₂ emergidas (b) e plantas F ₂ estabelecidas (c).....	60

CAPÍTULO III

Figura 1 –	Umidade média, mínima, máxima relativa do ar (a) e temperatura média, mínima e máxima do ar (a) de fevereiro a maio de 2021, durante a condução em campo do teste de progênes RCF _{3:4} na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia (MG).....	89
Figura 2 –	Área experimental preparada convencionalmente (a) e abertura de linhas (b).....	90
Figura 3 –	Processo de balizamento da área de semeadura (a) e área balizada (b).....	91
Figura 4 –	Separação de sementes (a), tratamento das sementes para a semeadura (b) e acondicionamento em saquinhos de papel.....	91
Figura 5 –	Experimento após operação de capina em 04 de março de 2021.....	92
Figura 6 –	Cenário experimental em 29 de março de 2021 do experimento de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	93
Figura 7 –	Operação de pulverização de defensivos agrícolas no experimento de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	94

Figura 8 –	Cenário experimental em 24 de abril de 2021 do experimento de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	94
Figura 9 –	Montagem do sistema de irrigação (a) e operação de irrigação (b) no experimento de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	95
Figura 10 –	Plantas fenotipicamente superiores da parcela do experimento de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	97
Figura 11 –	Avaliação da data de florescimento (a), altura de plantas no florescimento (b) e número de nós no florescimento (c) de 4 populações segregantes RCF _{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.....	97

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1 – Caracterização dos genótipos de soja utilizados como genitores em bloco de cruzamento dialélico.....	54
Tabela 2 – Esquema do dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos e codificação das populações.....	54
Tabela 3 – Caracterização química e textural do solo de barranco antes da instalação do experimento.....	58
Tabela 4 – Quadrado médio do genótipo (QMG), da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), coeficiente de variação (CV) e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) uma análise dialélica envolvendo cinco genitores e combinações segregantes F_2 conduzida em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.....	65
Tabela 5 – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) caracteres agrônômicos e de produção em cinco genitores de soja conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22 pelo método 2 de Griffing (1956).....	69
Tabela 6 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ii} e s_{ij}) para caracteres agrônômicos e de produção em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo cinco progenitores e dez combinações segregantes F_2 , conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22 pelo método 2 de Griffing (1956).....	71
Tabela 7 – Ciclo e caracteres agrônômicos para cinco progenitores e dez combinações segregantes F_2 conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.....	72
Tabela 8 – Componentes de produção de cinco progenitores e dez combinações segregantes F_2 conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.....	76

CAPÍTULO III

Tabela 1 –	Quadrado médio do genótipo (QMG), coeficiente de variação (CV), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/CVe) de caracteres agronômicos de progênies RCF _{3:4} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.....	102
Tabela 2 –	Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agronômicos de progênies RCF _{3:4} de 4 populações segregantes de soja e suas testemunhas conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.....	105
Tabela 3 –	Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) de caracteres agronômicos de progênies RCF _{3:4} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.....	112
Tabela 4 –	Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies RCF _{3:4} de 4 populações segregante de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.....	115
Tabela 5 –	Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice distância Genótipo-Ideótipo e índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies RCF _{3:4} de 4 populações segregantes RCF _{3:4} de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.....	117
Tabela 6 –	Progênies RCF _{3:4} de quatro populações segregantes de soja selecionadas pelo índice distância genótipo-ideótipo.....	118

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
1 INTRODUÇÃO GERAL	1
2 REFERENCIAL TEÓRICO	3
2.1 Aspectos gerais da cultura da soja	3
2.1.1 Classificação botânica e aspectos morfofisiológicos	3
2.1.2 Emergência, crescimento e desenvolvimento	6
2.1.3 Importância e panorama socioeconômico	10
2.2 Melhoramento genético da soja	13
2.3 Seleção de genitores e dialelos	16
2.4 Estimativa de parâmetros genéticos	20
2.4.1 Componentes de variância	21
2.4.2 Coeficientes de variação	22
2.4.3 Herdabilidade	23
2.4.4 Correlações genéticas e fenotípicas	25
2.5 Estratégias e índices de seleção	26
REFERÊNCIAS	28
CAPÍTULO II	49
ANÁLISE DIALÉLICA DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM SOJA PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E DE PRODUÇÃO	49
RESUMO	49
ABSTRACT	50
1 INTRODUÇÃO	51
2 MATERIAL E MÉTODOS	53
2.1. Local de instalação do experimento	53
2.2 Seleção dos genitores	53
2.3 Hibridação	54
2.4 Multiplicação de sementes F ₁ para F ₂	56
2.4.1 Semeadura e verificação do sucesso da hibridação	56
2.4.2 Complementação nutricional mineral	57
2.4.3 Controle de pragas e doenças	57
2.5 Dialelo balanceado com progenitores e sem recíprocos	57
2.5.1 Delineamento experimental	57
2.5.2 Análise do solo e preparo do substrato	58

2.5.3 Tratamento e inoculação das sementes	59
2.5.4 Semeadura e desbaste	59
2.5.5 Complementação nutricional mineral	60
2.5.6 Controle de pragas e doenças	60
2.6 Caracteres avaliados	61
2.7 Colheita e armazenamento	63
2.8 Análise estatística dos dados	63
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	65
3.1 Análise de variância e herdabilidade	65
3.2 Capacidade geral e específica de combinação de genitores	68
3.3 Agrupamento de médias fenotípicas	72
4 CONCLUSÕES.....	79
REFERÊNCIAS	80
CAPÍTULO III	85
PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA VISANDO PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS	85
RESUMO.....	85
ABSTRACT	86
1 INTRODUÇÃO	87
2 MATERIAL E MÉTODOS	89
2.1 Caracterização da área experimental	89
2.2 Esquema experimental	90
2.3 Instalação e condução do experimento	90
2.3.1 Preparo e adubação do solo	90
2.3.2 Tratamento de sementes e semeadura	91
2.3.3 Manejo fitossanitário	92
2.3.4 Complementação nutricional.....	94
2.3.5 Complementação hídrica	95
2.4 Seleção e caracteres avaliados	95
2.5 Análise estatística dos dados	98
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	102
3.1 Estimativas de parâmetros genéticos	102
3.2 Agrupamento das médias fenotípicas	105
3.3 Estimativas de correlações	111

3.4 Índices de seleção	115
4 CONCLUSÕES.....	119
REFERÊNCIAS	120

CAPÍTULO 1

1 INTRODUÇÃO GERAL

A população mundial deve atingir a marca de 8,3 bilhões de seres humanos até o ano de 2030 e até 2050 deve ultrapassar a marca de 9,1 bilhões de pessoas e a demanda por alimentos deve crescer em 70%. Este cenário exigirá melhorias significativas no rendimento das principais culturas que contribuem para a segurança alimentar global (DUBEY et al., 2019; FRANCISCO et al., 2021; YOOSEFZADEH-NAJAFABADI et al., 2021).

Uma forma pela qual a produtividade agrícola pode ser modificada positivamente é por meio do melhoramento genético vegetal, por meio de programas de melhoramento de plantas (SULISTYO; PURWANTORO; SARI, 2018). O atual cenário de constante crescimento da demanda mundial, tem exigido que os programas de melhoramento se aprimorem cada vez mais, adotando técnicas que sejam cada vez mais precisas, eficazes e menos onerosas, sendo definido como uma arte, ciência e negócio (BERNADO, 2010; BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

Uma das espécies mais cultivadas no mundo, com grande importância socioeconômica é a soja [*Glycine max* (L.) Merrill], visto que gera empregos, receita e é uma das mais importantes fontes de proteína e óleo vegetal do mundo (HARTMAN; WEST; HERMAN, 2011; SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). É comercializada sob a forma de grãos, farelo e óleo, podendo ser utilizada para alimentação humana e animal, na indústria química e como biocombustível (HIRAKURI; LAZZAROTTO, 2014). A produção mundial desta commodity deve atingir na safra 2021/22 mais de 380,1 milhões de toneladas, um aumento de 4,3% em relação à safra anterior, sendo que o Brasil contribuirá com 140,4 milhões de toneladas (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB, 2022).

O melhoramento genético da soja enfrenta diversos desafios durante sua execução, principalmente pela complexidade conferida pela natureza quantitativa da maioria dos caracteres agronômicos importantes da cultura (XIONG et al., 2018). Portanto, o planejamento de todas as etapas do programa de melhoramento, como a seleção de genitores ideais para formação da população-base por meio da hibridação artificial, estimativas de parâmetros genéticos, aplicação de índices de seleção são imprescindíveis para o melhorista compreender o potencial genético das populações e para direcionar a seleção de genótipos superiores (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; SULISTYO; PURWANTORO; SARI, 2018).

Os programas de melhoramento de soja têm buscado desenvolver cultivares com produção de grãos cada vez maior, além da precocidade, tendo-se em vista reduzir o ciclo da cultura possibilitando, dentre outras coisas, a semeadura de safrinha de milho ou sorgo e o manejo adequado de doenças, como a ferrugem asiática (BEZERRA et al., 2017; HARTMAN; SIKORA; RUPE et al., 2015; SPEHAR et al., 2014). Além disso, programas de melhoramento de soja como o da Universidade Federal de Uberlândia têm buscado melhorar a qualidade nutricional, no que concernem os teores de óleo e proteína perdidos com a evolução do melhoramento da cultura (RINCKER et al., 2014).

Além dessas características, os programas de soja almejam gerar genótipos resistentes aos estresses bióticos e abióticos, ao acamamento, deiscência de vagens e dentre outros aspectos (BEZERRA et al., 2017; SILVA et al., 2017a). Para alcançar estes objetivos se utiliza de diversas metodologias, tais como os dialelos, análise de gerações segregantes e o teste de progênies para obtenção de estimativas, como variâncias genéticas, ganhos de seleção e herdabilidade dos caracteres. Assim, o presente trabalho teve por objetivo estimar a capacidades geral e específica de combinação de cinco genitores de soja, por meio do dialelo parcial em geração F_2 , além de estimar parâmetros genéticos e realizar a seleção de progênies RCF_{3;4} por meio de diferentes estratégias.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos gerais da cultura da soja

2.1.1 Classificação botânica e aspectos morfofisiológicos

A espécie vegetal *Glycine max* (L.) Merrill, conhecida popularmente no Brasil como soja e em inglês como *soybean*, é uma planta leguminosa pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Papilionoideae, tribo Phaseoleae, gênero *Glycine* (OLIVEIRA; ARIAS, 2017). A família Fabaceae é uma das maiores famílias botânicas composta por 730 gêneros e 19.325 espécies (MELLO; DUARTE; GUARIM NETO, 2015). O gênero *Glycine* se divide em dois subgêneros, sendo o *Glycine* e o *Soja*, sendo que neste último estão presentes a *G. max* ($2n = 40$ cromossomos), que é a espécie cultivada, e a *G. soja* ($2n = 40$ cromossomos), que é a espécie selvagem (OLIVEIRA; ARIAS, 2017).

A soja é caracterizada como uma planta herbácea, isto é, planta de porte pequeno e de caule flexível. A cultura é descrita como anual, ou seja, é uma espécie que conclui seu ciclo produtivo em menos de 1 ano. As sementes da espécie apresentam germinação do tipo epígea, logo, os cotilédones e a gema apical se elevam acima do solo devido ao alongamento do hipocótilo da plântula (MARCOS FILHO, 2015; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; SOUZA; FLORES; LORENZI, 2013).

Em relação ao sistema radicular da soja, ele é caracterizado como difuso e predominantemente axial fasciculado, composto pela raiz principal e suas raízes secundárias (MATSUO et al., 2017; SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Em condições ideais, com boa permeabilidade e drenagem do solo, a raiz pivotante pode atingir até 150,0 cm, enquanto que as secundárias 180,0 cm (MATSUO et al., 2017). Ainda, podem ser observados nódulos, consequentes da relação simbiótica com as bactérias do gênero *Bradyrhizobium*, responsáveis por realizar o processo denominado fixação biológica de nitrogênio (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O sistema caulinar da soja é descrito como herbáceo, ereto, isto é, apresenta crescimento perpendicular ao solo, pubescente, ou seja, com penugem, e, por fim, ramificado (MATSUO et al., 2017). A coloração de seus tricomas é acinzentada ou em tons variados de marrom (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Vale ressaltar que na maioria dos genótipos da espécie o caule apresenta crescimento ortótopo, em outras palavras, apresenta

crescimento na vertical em relação ao estímulo da luz, entretanto, as plantas podem atingir até 3,0 m se forem cultivadas sob-baixa luminosidade e fotoperíodo longo, o que proporciona caules delgados e volúveis que necessitam de tutoramento (MATSUO et al., 2017).

Com relação ao tipo de crescimento, a soja pode apresentar três tipos: determinado, semideterminado e indeterminado. As plantas de tipo de crescimento determinado apresentam inflorescência do tipo racemosa terminal e axilar, isto é, com o florescimento, as plantas crescem mais 10% e o crescimento é encerrado, o que resulta em plantas com menor número de ramificações e porte (SEDIYAMA, 2013). As plantas de tipo de crescimento indeterminado possuem apenas a inflorescência axilar, apresentando crescimento contínuo, com consequente maior número de nós e porte (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). As plantas de tipo de crescimento semideterminado apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, porém, diferentemente das plantas de crescimento determinado, na data de florescimento já apresentam 70% do seu desenvolvimento final (SEDIYAMA, 2013).

As plantas de soja apresentam ao longo do seu desenvolvimento quatro tipos de folhas. As cotiledonares, responsáveis pelo suprimento de reserva energética ao desenvolvimento da plântula, de forma elíptica oval; as folhas unifolioladas, que ocorrem de forma e desenvolvem-se no primeiro nó logo acima do nó cotiledonar, podem apresentar forma auriculada, truncada ou lanceolada, com base estreita ou larga. As folhas trifolioladas com filotaxia alterna compostas por três folíolos, variando no formato de lanceolada estreita, lanceolada, triangular, oval pontiaguda e oval arredondada e desenvolvem-se nos nós subsequentes à folha unifoliolada. Os prófilos presentes em pares nas bases das ramificações caulinares, com pulvínulo e pecíolos ausentes (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; MATSUO et al., 2017; SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é uma espécie autógama, isto é, apresenta taxa de autofecundação superior a 95%, a qual ocorre de maneira natural, através de mecanismos físicos e biológicos (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Entretanto, foram verificadas taxas de 1,27% de hibridação natural, por abelhas e tripes (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

A soja apresenta um mecanismo para impedir que ocorra a fecundação cruzada, denominado cleistogamia, ou seja, este faz com que ocorra a polinização da flor antes da abertura do botão floral (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009; BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). Outra característica reprodutiva fundamental para as hibridações artificiais da soja é o processo denominado protogenia, isto é, o pistilo amadurece antes que as anteras (BORÉM; ALMEIDA; KIIHL, 2009).

O florescimento da soja é induzido fisiologicamente quando esta é exposta a um fotoperíodo inferior ou igual ao fotoperíodo crítico máximo específico de cada genótipo (MATSUO et al., 2017). Mourtzinis e Conley (2017) afirmaram que a soja é uma planta de dias curtos facultativa, em que, a indução ao florescimento é resultado da interação entre a temperatura e fotoperíodo.

Altamente sensível ao fotoperiodismo, uma planta de dias curtos demanda uma quantidade mínima de horas de escuro para indução ao seu florescimento. Entretanto, na soja essa característica varia de genótipo para genótipo e conforme a interação entre o fotoperíodo e temperatura, o que acaba restringindo a adaptação de cada cultivar a uma faixa mais restrita de latitude (TEJO; FERNANDES; BURATTO, 2019; YANG et al., 2019).

De acordo com Zhang et al. (2017) o florescimento é atrasado quando o número de horas de luz supera o fotoperíodo crítico de 13 horas, enquanto que fotoperíodos inferiores a 13 horas induzem o florescimento, entretanto, esta circunstância não ocorre para plantas com período juvenil longo, isto é, insensíveis ao fotoperíodo. Em relação à temperatura, Parker e Borthwick (1943) verificaram que a indução ao florescimento foi boa quando a temperatura das folhas variaram entre 21 a 27°C à noite, e que temperaturas superiores a 27°C reduziu significativamente a indução ao florescimento. Ainda, de acordo com Rocha et al. (2012), o florescimento é tardio em temperatura baixas, enquanto é precoce em altas temperaturas.

Como supracitado, a interação entre o fotoperíodo e a temperatura afetam diretamente a adaptação da cultura (BANDILLO et al., 2017). Devido estes fatores, os melhoristas de soja inseriram nas cultivares a característica período juvenil longo, visando atrasar o florescimento da espécie em dias curtos, o que é determinado por dois genes recessivos E6 e J (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2002; NEUMAIER; JAMES, 1993). Isto permite que as plantas de soja atinjam crescimento vegetativo adequado sob condições de dias curtos (SUN et al., 2019), florescendo apenas após a emissão de 5ª folha trifoliolada (SEDIYAMA, 2009). A temperatura e a umidade relativa do ar são fatores que afetam diretamente a abertura do botão floral da soja, o que geralmente ocorre pelo período da manhã (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

As flores da soja são completas e ocorrem em racemos terminais ou axilares. Cada inflorescência contém de 2 a 35 flores, variando de 6 a 7 mm de comprimento. A planta é hermafrodita com flores monoclinas, ou seja, apresenta tanto as estruturas femininas como as masculinas na mesma flor. A coloração das suas pétalas podem ser brancas ou tons variados de roxo, conforme o genótipo e, vale ressaltar, que devido ao efeito pleiotrópico do gene que condiciona a cor de flor em relação a cor do hipocótilo, quando a flor é branca, o hipocótilo é

verde, e quando é roxa, o hipocótilo, também, é roxo (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; MATSUO et al., 2017; VERNETTI; JUNIOR, 2009).

O fruto da soja é descrito botanicamente como legume, também comumente chamado de vagem, variando desde o formato arredondado, achatado, reto até o curvado. Em relação à sua dimensão, esta apresenta de 2 a 7 cm de comprimento e 1 a 2 cm de largura, podendo conter de 1 a 5 grãos, mas geralmente varia de 2 a 3 grãos. O hilo possui variação na coloração, podendo ser cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média e marrom escura, preto, preto imperfeito, enquanto as vagens cinza, amarelo-palha, marrom ou preta (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; MATSUO et al., 2017; SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016; TEJO; FERNANDES; BURATTO, 2019).

Considerando a maturação das vagens, o tipo de crescimento das plantas influencia diretamente, em que, as plantas com crescimento indeterminado apresentam maturação das vagens da parte inferior para a parte superior, enquanto que as plantas de crescimento determinado e semideterminado a maturidade se inicia na parte superior e se encerra na parte inferior (SEDIYAMA, 2013; SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As sementes de soja são descritas quanto à forma como esférica, esférica-achatada, alongada e alongada achatada, enquanto que a coloração do tegumento pode variar entre amarelo, amarelo esverdeado, verde, marrom claro, marrom médio, marrom escuro até o preto (MATSUO et al., 2017).

2.1.2 Emergência, crescimento e desenvolvimento

Em 1977 os pesquisadores Fehr e Caviness (1977) realizaram a descrição dos estádios fenológicos da cultura da soja, cuja qual é empregada na atualidade devido a sua praticidade e precisão (LAPERA; SILVA; VILARINHO, 2018). O crescimento e desenvolvimento da espécie foram divididos em duas fases distintas: o estágio vegetativo e o estágio reprodutivo, fases estas que apresentam período de duração definido geneticamente, susceptível às oscilações edafoclimáticas do local de cultivo (NOGUEIRA et al., 2013).

Em 2009, o Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2013), publicou uma tabela com os estádios de desenvolvimento da soja para uso nos ensaios de registros e proteção de cultivares (Quadro 1).

O período total necessário para a soja atingir todos os estádios fenológicos desde o estágio VE até o R₈, varia em função do genótipo de soja, das condições edafoclimáticas em que aquele cultivar é exposto e a época em que foi semeado, variando de 70 a mais de 200

dias (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). De acordo com Sedyama, Teixeira e Barros (2009) o padrão das cultivares brasileiras de soja é de 90 a 150 dias de ciclo. Porém, o mercado tem demandado genótipos cada vez mais precoces, tendo em vista a safrinha de milho, além de contornar as doenças de final de ciclo (CRUZ; PEIXOTO; MARTINS, 2010).

Quadro 1 – Caracterização dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos da cultura da soja.

Estádio fenológico	Descrição
Estádio vegetativo	
VE	Cotilédones acima da superfície do solo
VC	Cotilédones totalmente abertos
V ₁	Folhas unifolioladas ocompletamente abertas
V ₂	Primeira folha trifoliolada aberta
V ₃	Segunda folha trifoliolada aberta
V _n	“Enésimo” nó ao longo da haste principal com trifólio aberto
Estádio reprodutivo	
R ₁	Início da floração: 50% das plantas com uma flor aberta
R ₂	Floração plena: maioria dos racemos com flores abertas
R ₃	Início de formação de vagens: vagens com 5 mm no quarto nó da parte superior das plantas
R ₄	Etapa final de crescimento das vagens: vagens com 2 a 4 cm no quarto nó da parte superior das plantas
R ₅	Início do desenvolvimento dos grãos à etapa final, no quarto nó da parte superior das plantas
R ₆	Enchimento completo das vagens: grãos enchendo totalmente as lojas das vagens no terço superior das plantas
R ₇	Maturação fisiológica: uma vagem madura e maioria das vagens amareladas no terço superior das plantas
R ₈	Maturação: 95% das vagens maduras (secas)

Fonte: estágio vegetativo: Fehr e Caviness (1977); estágio reprodutivo: MAPA (2013).

As cultivares de soja, conforme seu ciclo são classificadas em superprecoce, precoce, semiprecoce, média, semitardia e tardia, classificação esta válida apenas dentro da faixa de adaptação do cultivar. Além desta classificação, têm-se os grupos de maturidade relativa (GMR), que variam no mundo de 0 a 10, enquanto no Brasil se encontram entre 5 a 10. No Triângulo Mineiro, a faixa de GMR se aproxima de 7 a 8 (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Todo o processo produtivo tem início com a utilização de sementes com ótima qualidade fisiológica, isto é, sementes com alto vigor e adequado percentual e velocidade de germinação. O ciclo e a produtividade da cultura são diretamente afetados pelo nível de vigor das sementes empregadas (RODRIGUES et al., 2018; ROSSI et al., 2017). No seu

armazenamento, deve-se proporcionar condições ambientais e sanitárias ideais para as sementes de soja, de modo a atenuar os processos degenerativos de natureza física, fisiológica e bioquímica que se iniciam após a semente atingir a sua máxima qualidade fisiológica na maturidade (MICHELON; BONETTI, 2018).

Vale frisar, que são diversos os fatores que interferem no processo germinativo das sementes de soja, os quais são divididos em fatores intrínsecos à semente (potencial fisiológico e qualidade sanitária, genótipo, longevidade, vitalidade, viabilidade e maturidade) e os extrínsecos à semente (temperatura do solo, profundidade de semeadura, água, oxigênio, drenagem e textura do solo e luz) (NOGUEIRA et al., 2013).

As sementes de soja, cujo tamanho médio varia de 2 a 53g por 100 sementes, são semeadas em solos arenosos a uma profundidade de 4,0 a 6,0 cm, enquanto que em solos argilosos a profundidade varia de 3 a 5 cm (KRZYŻANOWSKI; FRANÇA NETO; HENNING, 1992; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Não obstante, Aisenberg et al. (2014) ao analisarem a emergência de sementes de soja em Planossolo, verificaram que semeadura a profundidades superiores a 3,0 cm é prejudicial à germinação.

A germinação das sementes de soja, em condições edafoclimáticas adequadas é rápida, em que, um a dois dias após a semeadura (DAS) a radícula rompe o tegumento, transcorrendo o desenvolvimento da raiz primária. Ao se completar entre quatro a cinco dias DAS, aparecem às primeiras ramificações laterais e os pelos absorventes. Juntamente com o crescimento da raiz, o hipocótilo se alonga, conduzindo os cotilédones em direção à superfície do solo, chegando ao estágio VE com cinco a sete dias após a semeadura (LAPERÁ; SILVA; VILARINHO, 2018).

A fase de germinação e emergência das plântulas de soja é extremamente sensível ao déficit hídrico, assim como o florescimento (R_1 e R_2) e enchimento dos grãos (R_6), em que, a demanda hídrica varia entre 7 a 8 mm dia⁻¹, variando no total de 450 a 800 mm, conforme o ciclo das cultivares, manejo da cultura e condições climáticas ou ambientais (COSTA et al., 2018; FARIAS; NEPOMUCENO; NEUMAIER, 2007; LAPERÁ; SILVA; VILARINHO, 2018; LOPES, 2013). Assim, a água é fundamental, principalmente, pelo fato das sementes absorverem 50% da sua massa em água na germinação, e desta constituir a planta adulta em 90% da sua biomassa fresca, sendo fundamental para diversos processos bioquímicos e fisiológicos (KING et al., 2014; SILVA et al., 2015; TAIZ; ZEIGER, 2017).

As raízes das plantas de soja apresentam desenvolvimento de nódulos radiculares por *Bradyrhizobium* de 7 a 10 DAS (estádio VC). Estes se tornam totalmente viáveis de fornecer nitrogênio (N) para as planta entre os estádios fenológicos V_1 e V_2 (LAPERÁ; SILVA;

VILARINHO, 2018). Os nódulos ativos na fixação de N apresentam coloração rósea em função da leg-hemoglobina (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Estas bactérias são responsáveis por suprir até 94% da demanda de N da cultura, fixando e fornecendo até 300 kg N ha⁻¹ para uma produção de grãos de 3.600 kg ha⁻¹ (DALOLIO et al., 2018).

O crescimento geotrópico positivo da raiz, através dos macrósporos do solo, é essencial para o desenvolvimento das plantas, uma vez, que permite a extração de água e nutrientes em maiores profundidades (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Vale ressaltar, que as raízes têm seu desenvolvimento encerrado a partir do florescimento, em que, as plantas determinadas cessa em R₁ e das plantas indeterminadas em R₅ (LAPERA; SILVA; VILARINHO, 2018).

A soja pode atingir durante seu desenvolvimento uma altura de 30,0 a 250,0 cm, entretanto, as cultivares brasileiras, geralmente, tem altura oscilando entre 50,0 a 90,0 cm (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; NOGUEIRA et al., 2013; SILVA et al., 2015). Além disso, a altura de inserção da primeira vagem varia de 10,0 a 20,0 cm, com pubescência marrom ou cinza ao final do ciclo (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Vale frisar, que o desenvolvimento vegetativo da cultura é diretamente afetado pelas variações de temperatura, em que, de acordo com Sedyama, Silva e Borém (2015), o crescimento é nulo ou reduzido em temperaturas inferiores a 13°C, sendo que o florescimento também é atrasado em três dias a cada decréscimo de 0,5°C. Além da temperatura, as cultivares possuem diferentes níveis de exigência fotoperiódicas, o que resulta em variação da maturidade para um mesmo genótipo semeado em diferentes latitudes, devido a variação do fotoperíodo (LOPES, 2013; SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Como supramencionado anteriormente, existem a cultivar de período juvenil curto e a de período juvenil longo. Esta última foi a que permitiu o cultivo da espécie em diferentes latitudes no Brasil, visto que são insensíveis ao fotoperíodo, estando aptas à perceberem o estímulo para indução floral somente a partir do estágio de desenvolvimento V₅. A cultivar de período juvenil curto, percebem o estímulo para indução floral a partir do estágio de desenvolvimento V₂, podendo ser induzidas ao florescimento com a planta jovem, resultando em baixa altura e produtividade (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O período de florescimento da soja (R₁ e R₂) dura entre 30 a 40 dias, em que é possível observar na mesma axila foliar, presença simultânea de gemas vegetativas, flores abertas ou murchando e frutos em desenvolvimento. A transição do florescimento para a frutificação (R₃) tem início entre 7 a 15 dias após o florescimento. No estágio fenológico R₄, as vagens do terço superior apresentam entre 2,0 a 4,0 cm de comprimento. O

desenvolvimento e acúmulo de biomassa seca pelas sementes de soja demandam, aproximadamente, de 25 a 35 dias após o florescimento (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO – MAPA. 2013; LAPERA; SILVA; VILARINHO, 2018).

Após ter se desligado fisiologicamente da planta-mãe no estágio fenológico R₇, as sementes assumem coloração amarela e apresentam teores de umidade de aproximadamente 28 a 30%. O estágio fenológico R₈ é atingido quando há a presença de 95% ou mais de vagens maduras. A lavoura poderá ser colhida a partir de 13% ou menos de umidade nas sementes (CÂMARA. 2015; LAPERA; SILVA; VILARINHO, 2018; MAPA. 2013).

2.1.3 Importância e panorama socioeconômico

A cultura da soja é uma das cinco culturas socioeconomicamente mais importantes produzidas e consumidas no mundo (BANDARA et al., 2020; SAVARY et al., 2019), ocupando, cerca de, 6% das terras aráveis do mundo (HARTMAN; WEST; HERMAN, 2011). O crescimento da população levou à maior demanda mundial por alimentos, rações e combustível, o que resultou na maior dependência de commodities tropicais, regiões nas quais, está a maior parte das terras agricultáveis não exploradas do mundo, o que fez com que o Brasil surgisse nas últimas décadas como um dos principais produtores e exportadores dessa commodity (NEPSTAD et al., 2019).

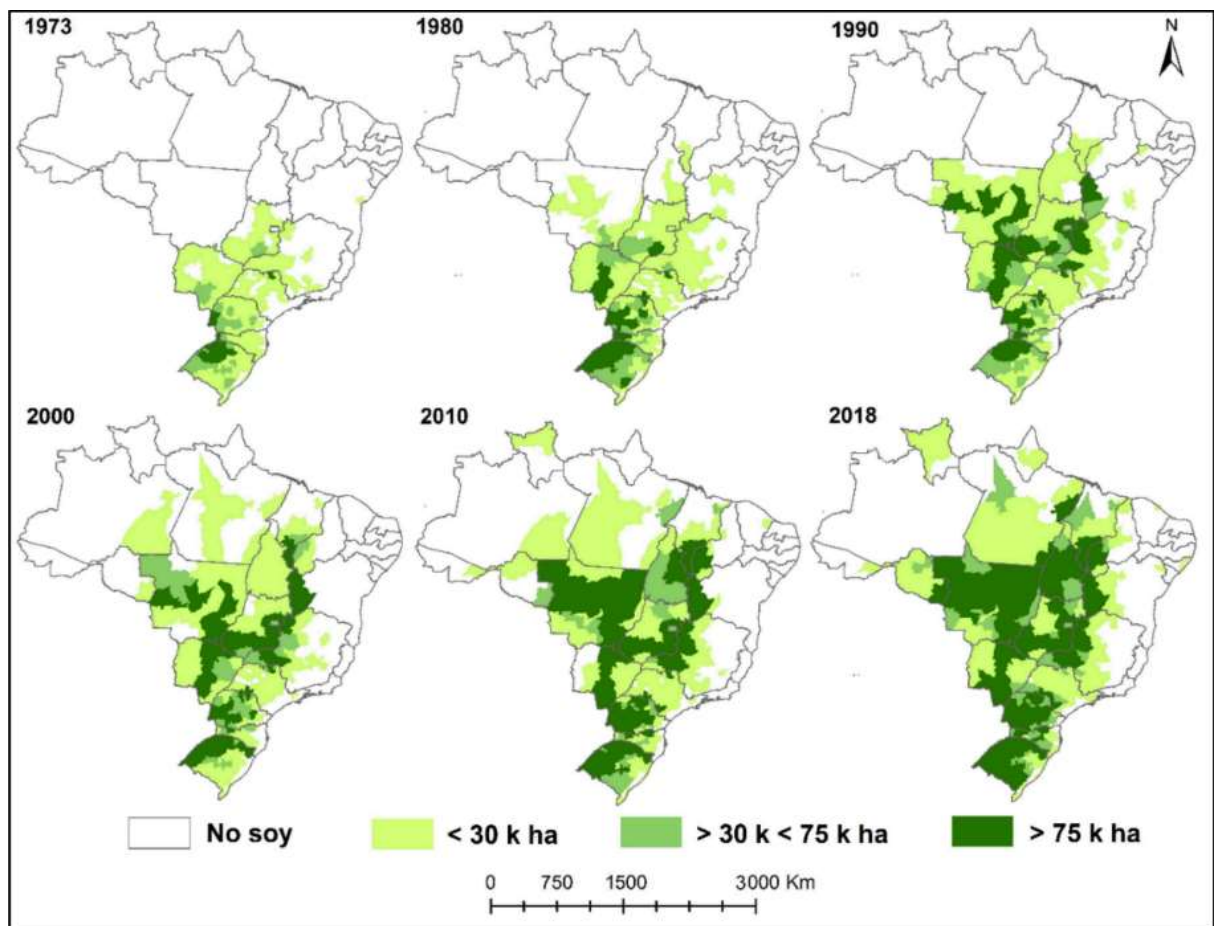
A expansão da cultura da soja no Brasil nos últimos 30 anos foi de mais de 328% (LOPES; LIMA; REIS, 2021), um aumento percentual significativamente superior a qualquer outra cultura importante desde a década de 1970 (BANDARA et al., 2020). Um fator estimulante à expansão do cultivo da soja no Brasil é o aumento das cotações commodities impulsionado pelo crescimento da população mundial e pelas taxas de câmbio favoráveis às exportações brasileiras (CELIDONIO; WERNER; GIL, 2019).

Outros fatores que contribuíram para que o Brasil se torne o principal produtor e exportador desta commodity, foram décadas de subsídios, pesquisas e investimentos em estradas e infraestrutura realizados por instituições públicas e privadas, bem como condições edafoclimáticas ideais e alta disponibilidade de terras (LIMA et al., 2019; PIRAS; WESZ JÚNIOR; GHINOI, 2021). Além do mais, o crescimento da soja no Brasil e na América Latina, trouxe transformações radicais no campo socioeconômico, alterando a organização das cadeias de abastecimento agroalimentar, no estabelecimento de parcerias comerciais

globais e nas condições de vida das comunidades rurais (PIRAS; WESZ JÚNIOR; GHINOI, 2021).

A produção da soja no Brasil em larga escala teve início na década 1950, expandindo-se do Sul do país para o Norte (Figura 1), atravessando os biomas da Mata Atlântica, do Cerrado e, finalmente, atingiu o bioma Amazônico podendo ser observadas lavouras no Estado de Roraima e Amapá (LIMA et al., 2019; PIRAS; WESZ JÚNIOR; GHINOI, 2021; SAUER, 2018). Na atualidade, a maior parte da produção do país é oriunda do bioma do Cerrado (RAUSCH et al., 2019).

Figura 1 – Área cultivada com soja nas microrregiões brasileiras (milhares de hectares).



Fonte: IBGE (2021) e Piras, Wesz Júnior e Ghinoi (2021).

Na safra 2020/21 a produção brasileira de soja atingiu 135,9 milhões de toneladas em 38,5 milhões de hectares, com uma produtividade média de 3.527,0 kg ha⁻¹ (CONAB, 2021). O segundo maior produtor da commodity, os Estados Unidos da América (EUA) produziram 112,5 milhões de toneladas em 33,3 milhões de hectares, com uma produtividade média inferior à brasileira de 3.378 kg ha⁻¹ (FAO, 2021). A expectativa é que na safra 2021/22 o

Brasil supere a da safra de 2020/21, com uma produção de 140,4 milhões de toneladas, além, do paralelo aumento da área cultivada para 40 milhões de hectares, entretanto a produtividade decairá para 3.478 kg ha⁻¹ (CONAB, 2022).

De acordo com Cattelan e Dall'Agnol (2018) os avanços tecnológicos, tais como, a soja transgênica que possibilitou o controle pragas e de plantas infestantes, o implantação do zoneamento agroclimático, a adoção da agricultura de precisão pelos agricultores mais avançados, a adoção massiva do sistema de plantio direto e dentre outras conquistas, possibilitaram o atual crescimento da cultura no Brasil. Além do mais, o atual sucesso da soja brasileira pode ser atribuído, também, ao melhoramento genético da cultura que permitiu a expansão da soja para regiões de baixa latitude, isto é, do Sul para o Norte do país, bem como resistência às doenças, pragas e condições ambientais (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

A maior parte da soja produzida no mundo é triturada ou processada em óleo e farelo de soja, devido a sua riqueza em lipídios e proteínas (ALI, 2010; RUSSO et al., 2019). O farelo de soja é altamente rico em proteína, aproximadamente 46%, e devido a isto é destinado à alimentação de animais (GOLDSMITH, 2008).

As exportações de grãos de soja no ano de 2021 foi de 86,1 milhões de toneladas, o que gerou uma receita de 386,3 bilhões de dólares, receita 35% superior à obtida em 2020, sendo que os principais destinos foram a China (60,476 milhões de toneladas) e a União Europeia (8,73 milhões de toneladas). Em relação ao farelo de soja foram exportados 17,21 milhões de toneladas, o que proporcionou uma receita de 7,36 bilhões de dólares, renda 25% superior ao ano de 2020, sendo que o principal destino foi a União Europeia (7,952 milhões de toneladas). Foram exportados 1,651 milhões de litros de óleo de soja, cerca de, 396 mil toneladas mais que em 2020, conferindo uma receita de 2,016 bilhões de dólares, 165% a mais que no ano anterior, em que, os principais destinos foram a Ásia (818,25 mil toneladas) e China (427,28 mil toneladas) (ABIOVE, 2021).

A perspectiva para os próximos anos é que a demanda mundial por alimentos apresentará tendência de crescimento contínua na próxima década (CATTELAN; DALL'AGNOL, 2018). Segundo estimativas a população global atingirá os 9 bilhões de pessoas em 2050, demandando 333.674 milhões de toneladas de alimentos (ALEXANDRATOS; BRUINSMA, 2012). Segundo projeções do Departamento de Agricultura dos EUA, a produção mundial de soja em 2050 deverá atingir os 390.000 milhões de toneladas (USDA, 2013). No Brasil a tendência é que a área cultivada de soja cresça aproveitando as terras agricultáveis disponíveis na Região Centro-Oeste ou recuperando áreas

degradadas ou subutilizadas de pastagens perenes disponíveis em todo o país (CATTELAN; DALL'AGNOL, 2018).

2.2 Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético vegetal teve início há mais de dez mil anos com o uso da seleção massal, na qual o homem de modo inconsciente selecionava indivíduos cujas características fenotípicas fossem superiores. Um exemplo seria plantas que apresentassem maiores quantidades de inflorescências e grãos, o que resultava em maior produção na geração seguinte. Esta prática contribuiu significativamente para obtenção dos genótipos que são encontrados na atualidade (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; MACHADO, 2014).

Uma das definições atribuídas ao melhoramento vegetal é que este essencialmente é a arte, ciência e negócio de alteração genética das plantas para benefício do homem (BERNADO, 2010). Como negócio, é um ramo que tem exigido cada vez mais agilidade e eficiência e menor custo. Em relação à arte consiste da avaliação visual e seleção baseada na inspeção dos indivíduos fenotipicamente superiores. Como ciência, por sua vez, é responsável pelo estabelecimento de hipóteses e as analisa por meio de métodos científicos baseados no conhecimento em genética, estatística, biologia molecular, bioquímica, fisiologia e botânica, fitopatologia e entomologia e agronomia (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

O melhoramento genético vegetal, basicamente, visa selecionar progênies superiores às existentes, de tal modo a se obter genótipos mais promissores, com maior produtividade, resistência às doenças e pragas, altamente adaptadas às condições edafoclimáticas da área de cultivo e etc., proporcionando maior rentabilidade ao produtor (MARTINS et al., 2016).

O processo de melhoramento na cultura da soja tem conferido resultados expressivos, aliado aos avanços tecnológicos ao longo do tempo. Dos anos 1970 até os dias atuais, a área plantada com soja cresceu cerca de, 87,5%, em função dos intensivos trabalhos de melhoramento da espécie (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; CONAB, 2022). Várias fases estão envolvidas no processo de melhoramento genético da cultura da soja desde o desenvolvimento das populações, estágios de seleção e avaliações das linhagens (BACAXIXI et al., 2011).

O aumento da produtividade da cultura da soja tem sido a principal meta em programas de melhoramento, aliada à redução do ciclo, resistência ao acamamento e deiscência de vagens, resistência a estresse bióticos e abióticos e qualidade nutricional e tipo

de crescimento (BEZERRA et al., 2017). Em média, o melhoramento tem proporcionado ganhos de produtividade na ordem de 1,5 a 2,0% ao ano (LEITE et al., 2015), com o incremento médio da produtividade no Brasil em torno de 42,0 kg ha⁻¹, em que na safra agrícola de 1976/1977 era de 1.748 kg ha⁻¹ e em 2021/22 a expectativa é que atinja 3.478 kg ha⁻¹ de grãos (CONAB, 2022). A obtenção de genótipos adaptados foram os principais responsáveis por este ganho (TORRES; SILVA; TEODORO, 2014).

Além do incremento constante de produtividade, as cultivares da era moderna apresentam maior altura, maior precocidade, maior acamamento e menor teores de proteína e óleo que em relação às cultivares antigas (RINCKER et al., 2014). Vale frisar, que o Brasil é dependente do germoplasma de outras localidades, visto a base genética estreita, ou seja, o germoplasma foi constituído de poucos ancestrais (PRIOLLI et al., 2013; OLIVEIRA; ARIAS, 2017). Este estreitamento da base genético gera alguns riscos, como a susceptibilidade a doenças (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

Com melhoramento da soja iniciado em 1948 no Estado do Rio Grande do Sul (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015), na década de 1960, mais de 70% das cultivares utilizadas naquele estado descendiam das cultivares Hood, Hill ou ambas, de origem americana (BONETTI, 1983). Na década de 1980, das 26 cultivares que foram utilizadas como genitores para geração dos genótipos da época, 4 eram responsáveis pela metade do conjunto gênico de todas as cultivares utilizadas no período (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Apesar deste cenário, os programas de melhoramento ainda conseguiram gerar variabilidade genética útil em soja para o desenvolvimento de novos genótipos superiores (ODA et al., 2015).

Entretanto, o processo de melhoramento da soja demanda tempo e recursos, podendo gastar entre 5 a 7 anos na obtenção de genótipos superiores de alto desempenho produtivo (MIKEL et al., 2010). As etapas do melhoramento genético clássico consistem da geração de variabilidade genética, seleção e teste (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

Primeiramente ocorre a seleção de genitores para hibridação e obtenção de populações segregantes, por meio de hibridação artificial, de modo a atender aos objetivos gerais e específicos dos programas de melhoramento. Posteriormente, conduz-se esta população por várias gerações até atingir determinado ponto de homozigose genética. A partir das populações em gerações mais avançadas, selecionam-se as plantas para o estabelecimento de testes de progênie e seleção de linhagens possuindo características agrônômicas desejáveis (BACAXIXI et al., 2011; CECCARELLI, 2015; SEDIYAMA, 2015). Contudo, a seleção de

progênes superiores apresenta certa complexidade, dado que a maioria apresenta baixa herdabilidade (LEITE, et al., 2016).

Por fim, ocorre o lançamento de uma nova cultivar, que é testada e indicada para regiões específicas, quanto à produtividade e estabilidade de produção. Vale salientar, que é de extrema importância e obrigatório o emprego de ensaios de avaliação repetidos em diversos ambientes e períodos, de tal forma que se identifique a interação do genótipo com o ambiente e a possível adaptação em função da produtividade e da estabilidade (BACAXIXI et al., 2011).

A população segregante pode ser oriunda de cruzamentos biparentais ou retrocruzamentos, duplos, triplos ou complexos (BORÉM; MIRANDA, 2017; MATSUO et al., 2015). Os dialelos são os métodos mais empregados na escolha dos melhores genitores, em que se realiza avaliação simultânea dos genitores e da geração F₁ (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para a condução das populações de soja aplica-se diferentes métodos, a depender do objetivo do programa de melhoramento, tais como Bulk, Single seed descent, pedigree, seleção recorrente e retrocruzamentos. Cada método tem as suas vantagens e desvantagens e a escolha da mais apropriada irá depender dos recursos disponíveis para se realizar o melhoramento e as metas (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

Outro aspecto é a teoria de índice de seleção permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, possibilitando a seleção com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico. Desse modo, o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres, que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea (COSTA et al., 2004; LEITE et al., 2016).

Por fim, ocorre o lançamento de uma nova cultivar, que é testada e indicada para regiões específicas, quanto à produtividade e estabilidade de produção. Vale salientar, que é de extrema importância e obrigatório o emprego de ensaios de avaliação repetidos em diversos ambientes e períodos, de tal forma que se identifique a interação do genótipo com o ambiente e a possível adaptação em função da produtividade e da estabilidade (BACAXIXI et al., 2011).

A criação e estabelecimento de programas de melhoramento de soja brasileiros possibilitou que a espécie expandisse do Sul do país para localidades de latitude baixa e regiões de Cerrado e, atualmente bioma Amazônico, contribuindo no desenvolvimento de genótipos com características agronômicas desejáveis, alta adaptabilidade e estabilidade,

maior tolerância a estresses abióticos e bióticos e maior produtividade de grãos (FREITAS, 2011; SILVA et al., 2017a). Um dos mais importantes programas de melhoramento de soja do Brasil é o Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU) que foi criado em 1996 e, desde então, vem trabalhando no desenvolvimento de variedades adaptadas ao Cerrado (HAMAWAKI et al., 2018).

2.3 Seleção de genitores e dialelos

Em um programa de melhoramento de genético vegetal uma das etapas mais críticas em todo o seu processo consiste da escolha dos genitores. Estes genitores devem apresentar caracteres agronômicos desejáveis para a realização de cruzamentos, os quais têm por objetivo a ampliação da variabilidade genética e a formação de uma população-base que seja promissora (KAUSHIK et al., 2018; RIBEIRO; PINTO, 2020; ROCHA et al., 2019).

É nesta população-base que o melhorista investirá seus esforços na busca de material genético produtivo, com qualidade e boa adaptação (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017). Assim, a avaliação do potencial genético dos genitores e o planejamento cuidadoso dos cruzamentos são essenciais para a obtenção de genótipos superiores, visto que maximizam a utilização de alelos desejáveis (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; ROCHA et al., 2019).

Assim, é importantíssimo antes que mais nada que os melhoristas de soja no momento de selecionarem os parentais para o desenvolvimento de populações segregantes tenham profundo conhecimento da espécie, do germoplasma disponível, das áreas de melhoramento, estatística, fitotecnia, biologia molecular, fisiologia, fitopatologia, solos e bioquímica, além da Lei de Proteção de Cultivares (MATSUO; BORÉM SEDIYAMA, 2021).

Uma das principais opções empregadas pelos melhoristas para a geração de variabilidade genética é a hibridação (RAMALHO et al., 2012), ou seja, se objetiva obter uma população segregante com altos índices de variabilidade, especialmente em caracteres quantitativos como a produção de grãos, por meio da junção de alelos de interesse de dois ou mais parentais (AKRAM et al., 2016; RAMALHO et al., 2012; ROCHA et al., 2019). Assim, no início do melhoramento, a predição do cruzamento promissor e a avaliação das progênies resultantes de cada combinação híbrida são de suma importância para se determinar o grau de sucesso do programa, bem como para estimar parâmetros que comporão a base da predição (ROCHA et al., 2019; RIBEIRO; PINTO, 2020).

Dessa forma, identificar os genitores com capacidade geral e específica de combinação desejáveis é essencial para obtenção de híbridos de alto potencial para os caracteres de interesse agrônomico (KAUSHIK et al., 2018). A escolha correta do método de seleção de genitores ou, mesmo das populações segregantes com potencial de gerar linhagens superiores é fundamental, visto que a escolha inadequada gera prejuízos temporais e financeiros (RAMALHO et al., 2012). As análises genético-estatísticas são ferramentas importantes no auxílio na seleção de genitores e híbridos promissores (CARVALHO, 2008; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RESENDE, 2015).

Os principais critérios adotados na escolha dos genitores consistem da adaptabilidade, desempenho relativo às características de interesse agrônomico e da capacidade combinatória (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017). O método da capacidade combinatória é um dos principais métodos usados, o qual tem por vantagem a obtenção de progênies de elevado potencial mesmo com o uso de genitores medianos, além de permitir a compreensão da ação gênica envolvida na herança dos caracteres (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

No método de capacidade combinatória é possível, através dos cruzamentos dialélicos, é possível conhecer o comportamento per se dos genitores através de dois componentes de combinação: Capacidade Geral de Combinação (CGC) e a Capacidade Específica de Combinação (CEC) (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; NARDINO et al., 2020; TEODORO et al., 2019). A capacidade combinatória é definida por Hayes e Immer (1942) como a capacidade dos genitores selecionados transferirem as características desejadas para a prole híbrida.

A CGC consiste basicamente da capacidade de um determinado parental gerar progênies com um dado desempenho quando cruzado com uma série de outros parentais, sendo atribuído aos efeitos gênicos aditivos e as interações aditivas \times aditivas (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; INOCENTE et al., 2021; KAUSHIK et al., 2018; LAVIOLA et al., 2018; NARDINO et al., 2020). A CEC consiste ao desempenho de uma combinação específica entre dois parentais, sendo atribuída aos efeitos gênicos não aditivos da variância total, isto é, efeitos de dominância e interações aditivas \times dominantes e dominantes \times dominantes (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021; FASAHAHAT et al., 2016; INOCENTE et al., 2021; KAUSHIK et al., 2018; SUSANTO, 2018). Pode-se ressaltar que esta abordagem permite selecionar populações segregantes com elevada CEC para os caracteres de interesse agrônomico, contendo pelo menos um dos genitores com alta CGC (TEODORO et al., 2019).

Assim, além de permitir a escolha de estratégias de seleção de genitores adequada, a análise combinatória permite compreender a natureza e magnitude dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres agronômicos de interesse (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A melhor maneira de se determinar a capacidade de combinação de parentais para geração de híbridos é por meio da análise dialélica (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007).

Deve-se salientar que os cruzamentos dialélicos têm sido amplamente utilizados na seleção de genitores e obtenção de populações segregantes superiores (BI et al., 2015; LAVIOLA et al., 2018; ROCHA et al., 2019). Com diversas metodologias propostas para análises dialélicas (GARDNER; EBERHART, 1966; GRIFFING, 1956; HAYMAN, 1954; KEMPTHORNE; CURNOW, 1961), a que tem sido utilizada com grande amplitude em diversas culturas agrícolas (KAUSHIK et al., 2018; ROCHA et al., 2019; TIAN; CHANNA; HU, 2017; ZHANG; ABDELRAHEEM, 2017) é a proposta por Griffing (1956).

A análise dialélica proposta por Griffing (1956) estima os efeitos e as somas de quadrados de efeitos da CGC e CEC. De acordo com Buzinaro et al. (2018) dentre os principais modelos utilizados para a análise dialélica, os mais usados pelos melhoristas são os dialelos balanceados. Estes dialelos podem ser completos ou de meia-tabela, os quais incluem os híbridos F_1 's entre todos os pares de combinação dos progenitores, podendo ser incluídos os parentais, os híbridos recíprocos e, em alguns casos, outras gerações relacionadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na metodologia proposta por Griffing (1956) para dialelos balanceados, o mesmo definiu que os p possíveis genótipos podem ser reunidos em uma tabela $p \times p$ e divididos em três grupos distintos:

- a) progenitores;
- b) $p(p-1)/2$ híbridos F_1 's;
- c) $p(p-1)/2$ híbridos recíprocos.

Ainda de acordo com Griffing (1956), os dialelos balanceados podem ser divididos em quatro métodos experimentais, sendo eles:

- a) Método 1: p^2 combinações são incluídas;
- b) Método 2: $p(p+1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos híbridos F_1 's recíprocos;
- c) Método 3: $p(p-1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos progenitores;
- d) Método 4: $p(p-1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos híbridos F_1 's recíprocos e progenitores.

Na metodologia proposta por Griffing (1956), existem os dialelos balanceados completos e de meia tabela. Os completos consistem do cruzamento dialélico em todas as combinações possíveis, isto tanto diretos como recíprocos, tendo em vista averiguar os parentais mais e menos promissores, a partir da CGC, e as combinações específicas mais promissoras, através da CEC (KHAN et al., 2011). Os dialelos completos permitem avaliar o efeito materno, isto é, se o genótipo apresenta comportamento diferente quando usado como genitor masculino ou como genitor feminino em uma combinação híbrida (LAVIOLA et al., 2018), permitindo compreender variação devido a genes ligados ao sexo, efeitos maternos e depressão de endogamia (MAT et al., 2020). Ramalho et al. (2021) ainda ressaltaram que há o efeito extracromossômico, quando os genes são derivados das mitocôndrias e dos cloroplastos.

O cruzamento dialélico balanceado de meia tabela é aquele em que se realizam as combinações sem a presença dos recíprocos, apenas cruzamentos diretos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Este tipo de cruzamento dialélico denominados “dialelos parciais” tem sido empregado devido às limitações geradas pelo emprego de grande número de genitores e suas combinações híbridas em relação aos dialelos completos (ROCHA et al., 2019). Esse método envolve avaliar os pais em dois grupos, pertencendo ou não a um conjunto comum, e fornece informações sobre suas habilidades gerais e específicas de combinação (GERALDI; MIRANDA FILHO, 1988). Na cultura da soja é vantajosa a adoção deste procedimento devido, principalmente ao baixo número de sementes obtidas na geração F_1 em cruzamentos (ROCHA et al., 2019).

Os estudos em cruzamentos dialélicos envolvendo a geração F_2 e cruzamento recíprocos são desnecessários, por que os resultados de progenitores e híbridos F_1 's fornecem resultados satisfatórios no controle genético de certos caracteres (JINKS, 1956). Entretanto, como supracitado por Rocha et al. (2019) e reforçado por Friedrichs, Burton e Brownie (2016) e por Teodoro et al. (2019), a soja apresenta restrição ao uso da análise dialélica em geração F_1 , devido à alta dificuldade na obtenção de sementes, fato que pode ser contornado utilizando a análise dialélica na geração F_2 .

Bhullar, Gill e Khehra (1979) afirmaram que as gerações F_2 e F_3 proporcionaram melhores previsões sobre o desempenho de híbridos de espécies autógamas, como a soja, em função da redução do nível de efeitos do gene de dominância. De acordo com Vencovsky (1978) as estimativas de CGC podem sofrer um viés devido à predominância de desvios de dominância quando se utiliza a geração F_1 . Pimentel et al. (2013) reforçaram que cada avanço de geração dos híbridos resulta na redução pela metade da contribuição do desvio de

dominância na média populacional, o que pode prejudicar significativamente o CEC, fazendo com que seja insignificante e cause perda de informação sobre a complementação gênica entre os progenitores.

A análise dialélica em geração de autofecundação F_2 não foi realizada apenas em soja (CARVALHO; GERALDI; SANTOS, 2009; COLOMBO et al., 2018; DARONCH et al., 2014; ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018; TEODORO et al., 2019), várias outras espécies de importância econômica adotaram esse procedimento, como o trigo (AFRIDI et al., 2018; BHULLAR; GILL; KHEHRA, 1979; NAGESHWAR et al., 2021; PIMENTEL et al., 2013), feijão (ROSAL et al., 2000), cevada (HOURIA; BRAHUM; ABDELKADER, 2019) e aveia (MAYING et al., 2018).

Além das questões abordadas relacionadas com o uso de gerações de autofecundação avançadas, as análises dialélicas já foram utilizadas para uma gama de finalidades na cultura da soja, dentre elas o aumento da produtividade, qualidade fisiológica das sementes, precocidade, resistência às doenças, bem como teores de óleo e proteína e demais caracteres agronômicos (GAVIOLI; PERECIN; MAURO, 2006; MAPHOSA et al., 2012; MEBRAHTU; DEVINE, 2008; MENEZES et al., 2009; NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017; OLIVEIRA et al., 2014; PAINKRA; NAG; KHUTE, 2017; ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018).

Porém, avaliações referentes ao desenvolvimento vegetativo e componentes de produção que influenciam a produtividade de grãos, ainda são difíceis de encontrar. A estimativa de parâmetros para estas características também é importante para direcionar cruzamentos e maximizar a variabilidade genética das populações segregantes em programas de melhoramento de soja (ROCHA et al., 2019).

2.4 Estimativa de parâmetros genéticos

A estimativa de parâmetros genéticos na cultura da soja é de extrema importância em estudos genéticos associados ao seu melhoramento, pois por meio destes se torna possível conhecer a estrutura genética da população. O conhecimento acerca destes parâmetros é fundamental para a tomada de decisões assertivas nas gerações iniciais e avançadas em um programa de melhoramento, tais como, na seleção dos melhores genitores, escolha do método e a viabilidade das estratégias de seleção, determinação da importância de cada caráter, separadamente ou em conjunto, predição dos ganhos genéticos de seleção e identificação da natureza da ação de genes em caracteres quantitativos (BALDISSERA et al., 2014;

HAMAWAKI et al., 2012; SANTOS et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a; VASCONCELOS et al., 2010;).

Na literatura foi observado que as estimativas de parâmetros genéticos têm sido utilizadas com êxito na cultura da soja nos últimos anos (BARBOSA et al., 2021; CARNEIRO et al., 2021; SANTOS et al., 2019; SILVA et al., 2021; SMIDERLE et al., 2019; TEIXEIRA et al., 2017a; ZUFFO et al., 2018), as quais, contribuem significativamente no sucesso e resultados dos programas de melhoramento genético da soja brasileiros. Dessa forma, as estimativas de parâmetros genéticos em gerações segregantes da soja fornecem dados essenciais, que permitem mensurar a variabilidade genética e conhecer as correlações entre caracteres em uma população, podendo de forma indireta contribuir na escolha de caracteres de interesse (LEFFEL; WEISS, 1958; LEITE et al., 2015).

Os principais parâmetros genéticos que são estimados nos estudos genéticos da cultura da soja são: componentes de variância genética (variância fenotípica e variância genotípica) (FALCONER; MACKAY, 1996; CORREA et al., 2012), coeficiente de herdabilidade (no sentido amplo ou restrito) (BALDISSERA et al. 2014; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; LEFFEL; WEISS, 1958), coeficiente de variação genética (CVg) e razão entre o CVg/CVe (Coeficiente de variação ambiental) (CORREA et al., 2012; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), correlações genéticas e fenotípicas (VASCONCELOS et al., 2012), ganhos esperados com seleção e o número de genes (VASCONCELOS et al., 2010) e, por fim, a capacidade geral e específica de combinação, a heterose, a aditividade, a dominância, a sobredominância e a epistasia (BALDISSERA et al., 2014; LEFFEL; WEISS, 1958).

2.4.1 Componentes de variância

A obtenção dos dados fenotípicos de uma determinada população permite a estimativa dos componentes de variância (FALCONER; MACKAY, 1996). A variância genotípica se desdobra em variância aditiva (resultado da ação direta de cada alelo, nos cromossomos homólogos; fração herdável), variância de dominância (resultado da ação conjunta dos alelos nos cromossomos homólogos dentro do mesmo loco (interação intra-loco); fração não herdável) e variância de interação [efeito de epistasia; ação conjunta dos alelos entre dois ou mais loci (interação inter-loco); não herdáveis] (CRUZ, 2005; RAMALHO et al., 2021).

Assim, conhecer a natureza e a proporção dos efeitos gênicos que possuem o controle de determinado caráter é essencial (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012). Na cultura da soja a maior parte dos seus caracteres de interesse apresenta herança quantitativa, isto é, são

controlados por vários genes, sendo que a maior parte da variância genotípica da espécie é de natureza aditiva (ACQUAAH, 2012; BRIM; COCKERHAM, 1961).

A variância gênica aditiva é a responsável pela semelhança entre indivíduos aparentados por contribuir de modo significativo à seleção, atuando como um ótimo indicador das características gênicas visualizadas em uma população e sua consequente resposta à seleção (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992). A existência desta variância estabelece uma predição de ganhos favoráveis no processo de seleção de genótipos superiores (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

2.4.2 Coeficientes de variação

A estimativa do coeficiente de variação genética (CVg) e da razão entre o CVg e o coeficiente de variação ambiental (CVe), abreviado como CVg/CVe é de suma importância no melhoramento da cultura da soja. Por meio do CVg é possível avaliar a magnitude da variabilidade genética presente na população, afetando diretamente o ganho de seleção (FERRÃO et al., 2008).

A razão CVg/CVe é definida como um indicativo do grau de eficiência da seleção das progênes superiores para cada caráter, tornando possível deduzir sobre a variabilidade genética e da possibilidade de ganho genético com a seleção, sendo, também empregado no estabelecimento de estratégias de seleção (CORREA et al., 2012; GONÇALVES NETO et al., 2012). Quanto maiores forem os valores da razão CVg/CVe, mais favorável é a seleção de um dado caráter, indicando a alta possibilidade de maiores ganhos genéticos para o caráter (UBI; MIGNOUNA; OBIGBESAN, 2007).

No caso de seleção, o CVg remete a proporcionalidade do ganho em relação à média (PIMENTEL et al., 2014), enquanto que a razão CVg/CVe indica situação favorável à seleção quando for igual ou maior que a unidade (>1) ou seja, a variação genética é a maior responsável pelas diferenças entre progênes (LEITE et al., 2016; SANTOS et al., 2018).

Silva et al. (2021) ao estudarem parâmetros genéticos e índices de seleções em populações F_2 e $F_{2:3}$ de soja observaram valores de razão CVg/CVe maiores que um para os caracteres de número de dias para o florescimento (1,05), número de dias para a maturidade (1,17), altura de planta na maturidade (1,59) e número de nós produtivos (8,29). Da mesma forma, Santos et al. (2019) ao avaliarem 20 genótipos de soja na geração F_2 obtiveram valores da razão CVg maior que um para os caracteres de número de dias para a maturidade (1,49) e altura de planta na maturidade (1,56). Os resultados obtidos por estes pesquisadores indicam

boas chances em relação ao ganho genético por seleção direta, tendo-se em vista que a variância genética foi maior que a ambiental, isto é, a expressão do fenótipo foi devido a maior contribuição genética (YOKOMIZO, 2012).

Por sua vez, Yokomizo e Santos (2018) ao avaliarem o desempenho de genótipos de soja no cerrado do Amapá, obtiveram razões de CVg/CVe abaixo de um para peso de grãos (0,58), número de dias para a maturidade (0,61) e altura de planta na maturidade (0,82). Estes resultados indicam situação desfavorável à seleção dos caracteres, visto que a maior contribuição existente foi de origem ambiental, ou seja, é possível que os dados caracteres interajam de maneira intensa com variações ambientais (RAMALHO et al., 2021).

2.4.3 Herdabilidade

De todas as estimativas de parâmetros genéticos, uma das mais importantes utilizada no melhoramento genético de qualquer espécie vegetal é a herdabilidade (LEITE et al., 2016), a qual é representada pelo símbolo H^2 , oriundo da terminologia de Wright (1921). A H^2 consiste essencialmente da razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica total, podendo ser estimada no sentido amplo e restrito em populações segregantes (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

A herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) consiste da razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996), enquanto que a herdabilidade no sentido restrito (h_r^2) é definida como proporção da variabilidade observada em razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). Vale ressaltar que a fração herdável é a h_r^2 , visto que envolve apenas a variância aditiva que é a fixada pela seleção, excluindo os efeitos gênicos de dominância e epistasia (RAMALHO et al., 2021). Em linhagens, adota-se o termo coeficiente de determinação genotípico, tendo-se em vista que são populações com características já fixadas e pré-selecionados (VASCONCELOS et al., 2012).

A H^2 pode ser expressa em valores numéricos de 0,0 a 1,0 (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). Assim, pode-se interpretar que toda a variação expressa pelo fenótipo é de natureza genética quando a H^2 é igual a 1,0, portanto, a seleção nas gerações iniciais é eficaz (CRUZ, 2005; RAMALHO et al., 2021). Por sua vez, a variação é toda de natureza ambiental quando a H^2 é igual a 0,0, o que obriga o melhorista a realizar a seleção

em gerações mais avançadas, devida à maior homozigose, consequência das autofecundações (CRUZ, 2005; RAMALHO et al., 2021; VASCONCELOS et al., 2010).

Stansfield (1974) e Allard (1974) propuseram que os valores de H^2 fossem ser classificados em “coeficiente de herdabilidade baixo” quando este for inferior a 0,2, “coeficiente de herdabilidade médio” quando estivessem no intervalo de 0,2 a 0,5 e “alto coeficiente de herdabilidade” quando este fosse superior a 0,5. Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) consideram que valores de H^2 superiores a 0,7 podem ser considerados como altas estimativas, logo, o fenótipo pode ser considerado totalmente determinado pelo genótipo.

Desta forma, quanto maior o valor obtido para H^2 de um determinado caráter, maiores serão as chances na seleção (RAMALHO et al., 2012), estando este parâmetro diretamente correlacionado aos ganhos de seleção (CRUZ, 2005). Além disso, a utilização de métodos simples de seleção de populações segregantes é totalmente viável em circunstâncias em que a estimativa de H^2 é alta, resultando em ganhos genéticos significantes, principalmente pela ausência ou pouco efeito ambiental sobre a expressão do fenótipo (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

A introdução de variabilidade genética na população pode vir a trazer aumentos significativos na estimativa de H^2 , porém, as condições experimentais do melhoramento podem diminuir o efeito do ambiente na variância fenotípica. Assim, a H^2 pode ser afetada pelo caráter, o método de estimação, o nível de endogamia, a diversidade na população, o número e tipo de ambientes, precisão na condução do experimento e da coleta de dados, o tamanho da amostra avaliada e a unidade experimental (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021).

São vários os estudos realizados na cultura da soja que estimaram a H^2 . Machado et al. (2017) obtiveram altas estimativas de H^2 para os caracteres de soja, como altura da planta na floração (82,25%), altura de planta na maturidade (85,26%) e número de nós na haste principal na floração (73,02 %). Santos et al. (2018) estimaram em 22 genótipos de soja a h_a^2 e verificaram valores próximos ou superiores a 70%, confirmando a alta herdabilidade dos caracteres relacionados ao ciclo, altura da planta, número de vagens e rendimento de grãos por planta.

Da mesma forma, Joshi, Pushpendra e Sneha (2018) ao estimarem a H^2 em uma população com 120 genótipos de soja obtiveram valores estimados acima de 70 % para os caracteres: Número de nós totais por planta, altura da planta, número de dias até o florescimento, número de dias até a maturidade, número de vagens por planta e peso de 100 grãos. Por sua vez, Glasenapp et al. (2015) em seus estudos sobre a diversidade genética em

soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi* obtiveram altas estimativas de H^2 para altura de planta na maturidade (97,11%), número de nós na haste principal na maturidade (81,67%) e altura da inserção da primeira vagem (81,67%).

2.4.4 Correlações genéticas e fenotípicas

A correlação existente entre os mais diferentes caracteres podem atuar de maneira desfavorável ou não às metas estabelecidas em um programa de melhoramento, o que tem tornado um desafio à seleção múltiplos caracteres (SOUSA et al., 2015). As estimativas de correlação é um parâmetro que permite analisar o grau da relação linear entre um par de caracteres, ou uma medida do grau de variação conjunta (RAMALHO et al., 2012). A estimativa deste parâmetro é de grande utilidade em gerações precoces de soja (MORO et al., 1992), além de serem importantes na aplicação de estratégias de seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A estimativa da correlação entre os caracteres é fundamental em situações, em que um dos caracteres apresenta problemas de análise ou baixa estimativa de H^2 , o que torna mais apropriado a seleção indireta correlacionando o caráter de baixa H^2 com outro de alta H^2 e de fácil mensuração (FOLLMANN et al., 2017; MACHADO et al., 2017; SMIDERLE et al., 2019). Essa estimativa é útil no processo de melhoria de um caráter de interesse, manutenção ou aprimoramento da expressão de outros caracteres simultaneamente (NOGUEIRA et al., 2012). Vale ressaltar que são três os tipos de correlações entre dois caracteres: correlação fenotípica, correlação genotípica e correlação de natureza ambiental (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), destas, a única associada à fração herdável são as correlações genotípicas (NOGUEIRA et al., 2012).

A estimativa da correlação de natureza fenotípica utiliza dados fenotípicos avaliados de dois caracteres, tendo como causas genéticas e ambientais. Enquanto que a correlação genética é causada pelo pleiotropismo, propriedade na qual um gene afeta duas ou mais características simultaneamente, além da ligação gênica em situações de desequilíbrio. Por fim, tem-se a estimativa da correlação ambiental, a qual mede o grau de associação entre caracteres devido a fatores ambientais, sendo que valores positivos indicam que dois caracteres sofrem influência pelas mesmas variações ambientais, enquanto que negativos indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; FALCONER; MACKAY, 1996; RAMALHO et al., 2012).

A análise das estimativas de correlação se dá em dois aspectos: direção e magnitude. Os seus valores variam de -1,0 a 1,0, levando em conta que 0,0 é um indicativo da ausência de relação linear e quanto mais próximo a 1 evidencia a existência de correlação forte (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Na cultura da soja os estudos de correlações têm dado enfoque principalmente às avaliações dos caracteres coletados desde o florescimento até a maturação, com destaque para a produtividade e seus componentes (CARNEIRO et al., 2021; SILVA et al., 2021; SMIDERLE et al., 2019; ZUFFO et al., 2018).

2.5 Estratégias e índices de seleção

Em programas de melhoramento são várias as estratégias de seleção de populações segregantes adotada. Estas estratégias visam obter linhagens com características superiores às disponíveis no mercado, por isso as estimativas de parâmetros genéticos são importantes para orientar os melhoristas na seleção dos melhores genótipos (BIZARI et al., 2017).

Na cultura da soja os principais caracteres são de natureza quantitativa (SILVA et al., 2017b), são caracteres de comportamento altamente complexo que dificultam o processo de seleção, (NOGUEIRA et al., 2012). Uma solução é o emprego de índices de seleção, que por serem técnicas multivariadas, possibilitam a realização da combinação e análise conjunta de diversos em apenas um valor numérico para cada unidade de seleção (REZENDE et al., 2014; BIZARI et al., 2017), o que permite a seleção simultaneamente de um conjunto de variáveis, independentemente da existência ou não de correlação entre estes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

São vários os índices de seleção utilizados na cultura da soja, cujos quais possibilitam alternativas de seleção e, conseqüentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (BIZARI et al., 2017; REZENDE et al., 2014). A predição dos ganhos permite aos melhoristas identificarem de forma eficaz e breve, as progênies mais adequadas para os propósitos do programa de melhoramento (LEITE et al., 2016, 2018; TEIXEIRA et al., 2017b).

Os principais índices de seleção utilizados no melhoramento da soja são: índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice básico de Williams (1962), índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ et al., 2017), índice clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice baseados nos ganhos desejados de Pešek e Baker (1969) e o índice de seleção direta e indireta.

O índice clássico de Smith e Hazel tem por princípio realizar a combinação linear de vários caracteres de interesse econômico. É realizada a estimativa dos coeficientes de

ponderação visando atingir maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Este é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores genéticos, os quais são ponderados por seus respectivos valores econômicos (SMITH, 1936; HAZEL, 1943).

Em relação ao índice base de Williams, este tem por princípio estabelecer os índices mediante a combinação linear dos valores fenotípicos médios dos caracteres, os quais são ponderados diretamente pelos seus respectivos pesos econômicos (WILLIAMS, 1962). Por sua vez, o índice baseado nos ganhos desejados de Pešek e Baker, tem por princípio a substituição dos pesos econômicos pelos ganhos desejados para o caráter. A construção do índice envolve o conhecimento da expressão do ganho esperado dos vários caracteres (PEŠEK; BAKER, 1969).

O índice da distância genótipo-ideótipo permite fixar os valores ótimos para cada variável, tal como o intervalo de valores classificados como favoráveis para o melhoramento. Para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores (CRUZ et al., 2017). Enquanto que o índice de soma de classificação ou soma de “ranks” desenvolvido por Mulamba e Mock é baseado na soma de “ranks”, o qual tem por princípio classificar os genótipos para cada um dos caracteres, em ordem de interesse do melhorista. Esse índice apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (MULAMBA; MOCK, 1978).

A seleção direta pode ser aplicada em populações com alta variabilidade genética, com base na seleção de indivíduos de fenótipo considerado superior (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A seleção direta ocasiona alteração na frequência alélica em uma população, resultando em diferencial de seleção, que é a diferença entre a média enotípica dos indivíduos selecionados em relação à população original (FALCONER; MACKAY, 1996).

Por princípio, a seleção direta visa obter o máximo de ganho em um único caráter sobre o qual se pratica a seleção e, dependendo da associação desse caráter com os outros, poderão ocorrer respostas favoráveis ou desfavoráveis nos caracteres de importância secundária, que não foram considerados no processo seletivo (CRUZ, 2013).

Diferentemente da seleção direta, a seleção indireta baseia-se no conhecimento da correlação entre caracteres, o que torna interessante o emprego dos índices de seleção supracitados para a seleção de genótipos que apresentam simultaneamente um conjunto de características alvo do melhoramento (REZENDE et al., 2014).

REFERÊNCIAS

- ACQUAAH, G. **Principles of plant genetics and breeding**. 2ed. Oxford: Wiley-Blackwell, 2012. DOI: 10.1002/9781118313718. Disponível em: <https://www.wiley.com/en-us/Principles+of+Plant+Genetics+and+Breeding,+2nd+Edition-p-9780470664759>. Acesso em: 22 dez. 2021.
- AFRIDI, K.; KHAN, N. U.; BIBI, Z.; GUL, S.; GUL, R.; ALI, S.; ALI, N.; KHALIL, I. A.; UDDIN, F.; AHMAD, G. Assessment of Genetic Effects for Earliness and Yield Traits in F₁ and F₂ Half Diallel Populations of Wheat. **International Journal of Agriculture & Biology**, Faisalabad, PK, v. 20, n. 12, p. 2785-2796, 2018. DOI: 10.17957/IJAB/15.0836
- AISENBERG, G. R.; PEDÓ, T.; AUMONDE, T. Z.; VILELA, F. A. Vigor e desempenho de crescimento inicial de plantas de soja: efeito da profundidade de semeadura. **Enciclopédia Biosfera: Centro Científico Conhecer**, Goiânia, GO. v. 10, n. 18, p. 3081-3091, 2014. Disponível em: <https://www.conhecer.org.br/enciclop/2014a/AGRARIAS/VIGOR%20E%20DESEMPENHO.pdf>. Acesso em: 16 dez. 2021.
- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. M. N.; AL BARI, A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN, M. A. Genetic Variability and Association Analysis of Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for Yield and Yield Attributing Traits. **Plant Gene and Trait**, [s.l.], v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016. Disponível em: <https://genbreedpublisher.com/index.php/pgt/article/view/3777>. Acesso em 13 dez. 2021.
- ALEXANDRATOS, N.; BRUINSMA, J. **World agriculture towards 2030/2050: the 2012 revision**. Rome, Ita: FAO, 2012.
- ALI, N. Soybean processing and utilization. In: SINGH, G. (ed.). **The Soybean: Botany, Production and Uses**. Cambridge, MA: CAB International, 2010. p. 345–374.
- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro, RJ: Edgard Blucher, 1974. 381 p.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE ÓLEOS VEGETAIS –ABIOVE. **Relatório de Exportações: complexo soja e milho**. Santo Amaro, SP: ABIOVE, 2021. 28 p. Disponível em: https://abiove.org.br/wp-content/uploads/2022/01/exp_202112.pdf. Acesso em: 15 jan. 2022.
- BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L. R.; BRASIL, E. P.; BUENO, C. E. M. S.; RICARDO, H. A.; EPIPHANIO, P. D.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, Garça, SP, v. 20, n. 1, p.1-6, 2011. Disponível em: http://faef.revista.inf.br/imagens_arquivos/arquivos_destaque/tSJbqduap9DNUQy_2013-5-17-17-43-15.pdf. Acesso em: 29 dez. 2021.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632>. Acesso em: 27 dez. 2021.

- BANDARA, A. Y.; WEERASOORIYA, D. K.; BRADLEY, C. A.; ALLEN, T. W.; ESKER, P. D. Dissecting the economic impact of soybean diseases in the United States over two decades. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 15, n. 4, e0231141, 2020. DOI: 10.1371/journal.pone.0231141. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0231141>. Acesso em: 22 dez. 2021.
- BANDILLO, N. B.; ANDERSON, J. E.; KANTAR, M. B.; STUPAR, R.M.; SPECHT, J. E.; GRAEF, G. L.; LORENZ, A. J. Dissecting the genetic basis of local adaptation in soybean. **Scientific reports**, [s.l.], v. 7, n. 1, p. 17195-17207, 2017. DOI: 10.1038/s41598-017-17342-w. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41598-017-17342-w>. Acesso em: 19 dez. 2021.
- BARBOSA, M. H.; CARVALHO, I. R.; SILVA, J. A. G.; MAGANO, D. A.; SOUZA, V. Q.; SZARESKI, V. J.; LAUTENCHIEGER, F.; HUTRA, D. J.; MOURA, N. B.; LORO, M. V. Contribution of the additive genetic effects in soybean breeding aiming at the agronomic ideotype. **Functional Plant Breeding Journal**, Campos dos Goytacazes, RJ, v. 3, n.1, p. 1-9, 2021. DOI: 10.35418/2526-4117/v3n1a1. Disponível em: <http://www.fpbjournal.com/fpbj/index.php/fpbj/article/view/101>. Acesso em: 13 dez. 2021.
- BERNADO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. 2 ed. Woodnury: Stemma Press, 2010. 300 p.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, [s.l.], v. 10, n. 4, p.211-222, 2007. Disponível em: <https://www.koreascience.or.kr/article/JAKO200716637994242.page>. Acesso em: 15 de dez. 2021.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L. S.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical Aspects of the Development of Cultivars. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (eds.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. Cap. 21. p. 395-411. DOI: 10.1007/978-3-319-57433-2_21.
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 8. p. 173-195.
- BHULLAR, G. S.; GILL, K. S.; KHEHRA, A. S. Combining ability analysis over F₁-F₅ generations in diallel crosses of bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 55, n. 2, p. 77-80, 1979. DOI: 10.1007/BF00285194. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00285194>. Acesso em: 10 dez. 2021.
- BI, Y.; LI, W.; XIAO, J.; LIN, H.; LIU, H.; LIU, M.; LIU, M.; LUAN, X.; ZHANG, B.; XIE, X.; GUO, D.; LAI, Y. Heterosis and combining ability estimates in isoflavone content using different parental soybean accessions: Wild soybean, a valuable germplasm for soybean breeding. **PLoS ONE**, [s.l.] v. 10, n. 1, p. 1-13, 2015. DOI: 10.1371/journal.pone.0114827. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0114827>. Acesso em: 18 dez. 2021.

BIZARI, E.H.; VAL, B.H.P.; PEREIRA, E.M.; MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: 10.5935/1806-6690.20170012. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCmJn6s7DJR/?lang=en>. Acesso em: 17 dez. 2021.

BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. *In*: VERNETTI, F. J. (ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p. 741-800.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2021. 384 p.

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Hibridação em soja. *In*: BORÉM, A. (ed.). **Hibridação artificial em plantas**. 2 ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2009. Cap. 21. p. 514-536.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento – MAPA. **Tabela de estádios de desenvolvimento da soja**. Brasília, DF: MAPA, 2013. Disponível em:

https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-agricolas/soja_anexo_i_est-cldios_p.doc. Acesso em: 17 dez. 2021.

BRIM, C. A.; COCKERHAM, C. C. Inheritance of quantitative characters in soybeans. **Crop Science**, Madison, v. 1, n.3, p. 187-190, 1961. DOI:

10.2135/cropsci1961.0011183X000100030009x. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1961.0011183X000100030009x>. Acesso em: 23 dez. 2021.

BUZINARO, R.; OLIVEIRA, G. H. F.; AMARAL, C. B.; SOUZA JÚNIOR, C. L.; MORO, G. V. Diallel mixed-model analyses to select superior maize parental lines for *Azospirillum brasilense* and nitrogen-use efficiency. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 18, n. 4, p. 382-389, 2018. DOI: 10.1590/1984-70332018v18n4a57. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cbab/a/hnc53YKZS6rsRtXCnJCTXyz/?lang=en>. Acesso em: 24 dez. 2021.

CÂMARA, G. M. S. Colheita. *In*: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (ed). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 14. p. 310-333.

CARNEIRO, A. R. T.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, A. F. E.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Selection strategies in agronomic characters in progenies F_{3:4} of transgenic soy RR. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 45, e012421, 2021. DOI: 10.1590/1413-7054202145012421. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cagro/a/gZFskhbd67gkZXtBGcJr3t/?lang=en>. Acesso em: 19 dez. 2021.

- CARPENTIERI-PIPOLO, V.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; ROSOLEM, C. A. Inheritance of a long juvenile period under short-day conditions in soybean. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 25, n. 4, p. 203-209, 2002. DOI: 10.1590/S1415-47572002000400016. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/wqpxNTX4QFLxz8smyCrx37b/?lang=en>. Acesso em: 18 dez. 2021.
- CARVALHO, A. D. F.; GERALDI, I. O.; SANTOS, V. S. Evaluation of F_{2:4} and F_{4:6} progenies of soybeans and perspectives of using early generation testing for grain yield. **Bragantia**, Campinas, v. 68, n. 4, p. 857-861, 2009. DOI: 10.1590/S0006-87052009000400005. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/jdpaggCCqWJbSnD6Yng7TBNv/?lang=pt>. Acesso em: 26 dez. 2021.
- CARVALHO, L. P. Contribuição do melhoramento ao cultivo do algodão. In: BELTRÃO, N. E. M.; AZEVEDO, D. M. P. **Agronegócio do algodão no Brasil**. Brasília: Embrapa, 2008. cap. 9, p. 271-298.
- CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds and fats, Crops and Lipids**, [s.l.], v. 25, n. 1, D102, 2018. DOI: 10.1051/ocl/2017058. Disponível em: https://www.ocl-journal.org/articles/ocl/full_html/2018/01/ocl170039/ocl170039.html. Acesso em: 26 dez. 2021.
- CECCARELLI, S. Efficiency of plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 55, n. 1, p. 87-97, 2015. DOI: 10.2135/cropsci2014.02.0158. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2014.02.0158>. Acesso em: 19 dez. 2021.
- CELIDONIO, O. L. M.; WERNER, L. S.; GIL, J. D. B. The determinants of recent soybean expansion in Mato Grosso, Brazil. **International Food and Agribusiness Management Review**, [s.l.], v. 22, n. 2, p. 173-191, 2019. DOI: 10.22434/IFAMR2018.0072. Disponível em: <https://www.wageningenacademic.com/doi/10.22434/IFAMR2018.0072>. Acesso em: 13 dez. 2021.
- COLOMBO, G. A.; CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 61, p. 1-9, 2018. DOI: 10.22491/rca.2018.2696. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/view/2696>. Acesso em: 21 dez. 2021.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: 12º levantamento da safra 2020/21**. 8. ed. Brasília, DF: Companhia Nacional de Abastecimento, 2021. 98 p.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: 4º levantamento da safra 2021/22**. 9. ed. Brasília, DF: Companhia Nacional de Abastecimento, 2022. 100 p.

CORREA, A. M.; CECCON, G.; CORREA, C. M. A.; DELBEN, D. S. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres fenológicos e morfoagronômicos em feijão-caupi. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 88-94, 2012. DOI: 10.1590/S0034-737X2012000100013. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rceres/a/H6GMgK66bbMQRB5GmW7tKhJ/?lang=pt>. Acesso em: 14 dez. 2021.

COSTA, D. C.; MARTORANO, L. G.; MORAES, J. R. S. C.; LISBOA, L. S. S.; STOLF, R. inâmica temporal da pegada hídrica por cultivar de soja em polo de grãos no Oeste do Pará, Amazônia. **Revista Ambiente & Água**, [s.l.], v. 13, n. 5, e2051, 2018. DOI: 10.4136/ambi-agua.2051. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/ambiagua/a/VJHVBCqcs9XCMmHf3CnWyWk/?lang=pt>. Acesso em: 14 dez. 2021.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; Arriel, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Genetic gain by different selection criteria in soybean segregant populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p.1095-1102, 2004. DOI: 10.1590/S0100-204X2004001100007. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/g3FZLSyHd9ZxzBGdw5TQSJf/?lang=pt>. Acesso em: 22 dez. 2021.

CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251. Disponível em:

<https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/21251>. Acesso em: 23 dez. 2021.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 394 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; RODRIGUES, H. S.; ROSADO, R. D. S.; BHERING, L. L. Biometrics Applied to Soybean Breeding. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (eds.). **Soybean Breeding**, Cham: Springer, 2017. Cap. 11. p. 193-227. DOI: 10.1007/978-3-319-57433-2_11

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**, [s.l.], v. 11, n. 1, p. 33-42, 2010. DOI: 10.5380/rsa.v11i1.15941. Disponível em:

<https://revistas.ufpr.br/agraria/article/view/15941>. Acesso em: 22 dez. 2021.

DALOLIO, R. S.; BORIN, E.; CRUZ, R. M. S.; ALBERTON, O. Co-inoculação de soja com *Bradyrhizobium* e *Azospirillum*. **Journal of Agronomic Sciences**, Uberlândia, v. 7, n. 2, p. 1-7, 2018.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014. Disponível em:

<https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/18208>. Acesso em: 14 dez. 2021.

DUBEY, A.; KUMAR, A.; ABD-ALLAH, E. F.; HASHEM, A.; KHAN, M. L. Growing more with less: breeding and developing drought resilient soybean to improve food security. **Ecological Indicators**, [s.l.], v. 105, p. 425-437, 2019. DOI: 10.1016/j.ecolind.2018.03.003. Disponível em:

<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1470160X1830147X?via%3Dihub>.

Acesso em: 11 dez. 2021.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman, 1996. 480 p.

FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N. **Ecofisiologia da soja**. Londrina: Embrapa Soja, 2007. 8 p. (Circular técnica, n. 48). Disponível em:

<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/handle/doc/470308>. Acesso em: 18 dez. 2021.

FASAHAT, P.; RAJABI, A.; RAD, J. M.; DERERA, J. Principles and utilization of combining ability in plant breeding. **Biometrics & Biostatistics International Journal**, [s.l.], v. 4, n. 1, p. 1-24, 2016. DOI: 10.15406/bbij.2016.04.00085. Disponível:

<https://medcraveonline.com/BBIJ/principles-and-utilization-of-combining-ability-in-plant-breeding.html>. Acesso em: 22 dez. 2021.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology. 1977. 11 p. (Special Report, 80).

FERRÃO, R. G.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, A.; CECON, P. R.; FERRÃO, M. A. G.; FONSECA, A. F. A.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, M. F. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 1, p.61-69, 2008. DOI: 10.1590/S0100-204X2008000100009. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/XFgzFfvj4MBVMnvTm69wrYh/?lang=pt>. Acesso em: 27 dez. 2021.

FOLLMANN, D. N., CARGNELUTTI FILHO, A., SOUZA, V. Q., NARDINO, M., CARVALHO, I. R., DEMARI, G. H., FERRARI, M., PELEGRIN A. J.; SZARESKEI, V. J. Relações lineares entre caracteres de soja safrinha. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 40, n. 1, p. 213-221, 2017. DOI: 10.19084/RCA16027. Disponível em:

<https://revistas.rcaap.pt/index.php/rca/article/view/16444>. Acesso em: 23 dez. 2021.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS – FAO. **Faostat**: Crops. Roma, 2021. Portal. Disponível em:

<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>. Acesso em: 10 jan. 2022.

FRANCISCO, P. R. M.; SILVA, V. F.; DANTAS NETO, J.; SANTOS, D.; LIMA, V. L. A. Perspectiva do uso da água na agricultura de região semiárida do Estado da Paraíba.

FRANCISCO, P. R. M.; DANTAS NETO, J. (ed.). **Água: uso racional e sustentável**. Campina Grande: EPTEC, 2021. 113 p.

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

<https://www.conhecer.org.br/enciclop/2011a/agrarias/a%20cultura%20da%20soja.pdf>.

Acesso em: 30 dez. 2021.

FRIEDRICH, M. R.; BURTON, J. W.; BROWNIE, C. Heterosis and Genetic Variance in Soybean Recombinant Inbred Line Populations. **Crop Science**, Madison, v. 56, p. 2072–2079, 2016. DOI: 10.2135/cropsci2015.11.0702. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2135/cropsci2015.11.0702>. Acesso em: 10 dez. 2021.

GARDNER, C. O.; EBERHART, S. A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. **Biometrics**, [s.l.], v. 22, n. 3, p. 439-452, 1966. DOI: 10.2307/2528181. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2528181?origin=crossref>. Acesso em: 22 dez. 2021.

GAVIOLI, E. A.; PERECIN, D.; MAURO, O. A. Analysis of combining ability in soybean cultivars. **Cropp Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 6, n. 2, p. 121–128, 2006. DOI: 10.12702/1984-7033.v06n02a02

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-30, 1988.

GLASENAPP, J. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; MATSUO, É.; BROMMONSCHENKEL, S. H.; OLIVEIRA, R. C. T.; HAMAWAKI, O. T. Diversidade de características agronômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/17166/15943>. Acesso em: 25 dez. 2021.

GOLDSMITH, P. Economics of soybean production, marketing, and utilization. In: JOHNSON, WHITE PJ, GALLOWAY R. (Eds.). **Soybeans: Chemistry, production, processing, and utilization**. Urbana, IL: American Oil Chemists' Society Press, 2008. p. 117–150.

GONÇALVES NETO, A. C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; MACIEL, G. M.; FERREIRA, R. P. D.; CARVALHO, R. C. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Horticultura Brasileira**, Jaboticabal, v. 30, n. 4, p. 713-719, 2012. DOI: 10.1590/S0102-05362012000400025. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/hb/a/CBqBXZ9MfrXxdrhzqdRybPJ/?lang=pt>. Acesso em: 20 dez. 2021.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956. DOI: 10.1071/BI9560463. Disponível em: <https://www.publish.csiro.au/bi/BI9560463>. Acesso em: 26 dez. 2021.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012. DOI: 10.14295/cs.v3i2.192. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 28 dez. 2021.

HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAKI, R. L.; NOGUEIRA, A. P. O.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; JULIATTI, F. C.; DE SOUSA, L. B.; SHIGIHARA, D. Development of Brazilian Soybean Cultivars Well Adapted to Cerrado and Rust-Tolerant. **International Journal of Advanced Engineering Research and Science**, [s.l.], v. 5, n. 7, 2018. DOI: 10.22161/ijaers.5.7.19. Disponível em: <https://ijaers.com/detail/development-of-brazilian-soybean-cultivars-well-adapted-to-cerrado-and-rust-tolerant/>. Acesso em: 24 dez. 2021.

HARTMAN, G. L.; SIKORA, E. J.; RUPE, J. C. Rust. In: HARTMAN, G. L.; RUPE, J. C.; G. L.; SIKORA, E. J.; DOMIER, L. L.; DAVIS, J. A.; STEFFEY, K. L. **Compendium of soybean diseases**. 5 ed. Saint Paul: APS Press, 2015. p. 56-59.

HARTMAN, G. L.; WEST, E. D.; HERMAN, T. K. Crops that feed the World 2. Soybean - worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. **Food Security**, [s.l.], v. 3, p. 5-17, 2011. DOI: 10.1007/s12571-010-0108-x. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12571-010-0108-x>. Acesso em: 29 dez. 2021.

HAYES, H. K.; IMMER, F. R. **Methods of plant breeding**. New York: Mc Graw Hill Book Co., Inc., 1942.

HAYMAN, B. I. The theory an analysis of diallel crosses. **Genetics**, v. 39, n. 6, p. 789-809, 1954. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1209689/>. Acesso em: 15 dez. 2021.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, [s.l.], v. 28, n. 6, p. 476-490, 1943. DOI: 10.1093/genetics/28.6.476. Disponível em: <https://academic.oup.com/genetics/article/28/6/476/6033171>. Acesso em: 23 dez. 2021.

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina, PR: Embrapa Soja, 2014. 37p.

HOURIA, S.; BRAHUM, B.; ABDELKADER, A. Behaviour study of autochtone and introduced genotypes of barley (*Hordeum vulgare* L.) Under sub-humid conditions of North Algeria. Study of F₁ and F₂ generations obtened by diallel crossing. **Revue Agrobiologia**, [s.l.], v. 9, n. 1, p. 1397-1404, 2019. Disponível em: <https://www.asjp.cerist.dz/en/downArticle/255/9/1/120244>. Acesso em: 19 dez. 2021.

INOCENTE, G.; GARBUGLIO, D. D.; ARAÚJO, P. M.; RUAS, P. M. Heritability and combined parental information to define the number of crosses in circulant diallels. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 21, n. 2, e37472125, 2021. DOI: 10.1590/1984-70332021v21n2c34. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/8gddBxKH356GDPZBx5MMGdc/?lang=en>. Acesso em: 14 dez. 2021.

INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA – IBGE. **Banco de Dados Agregados**. Rio de Janeiro, RJ, 2021. Portal. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br>. Acesso em: 23 dez. 2021.

JINKS, J. L. The F₂ and backcross generations from a set of diallel crosses. **Heredity**, [s.l.], v. 10, p. 1–30, 1956. DOI: 10.1038/hdy.1956.1. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/hdy19561>. Acesso em: 22 dez. 2021.

JOSHI, D.; PUSHPENDRA, K.S.; SNEHA, A. Study of Genetic Parameters in Soybean Germplasm Based on Field and Yield Contributing Traits. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 7, n. 1, p. 700-709, 2018. DOI: 10.20546/ijcmas.2018.701.085. Disponível em:

<https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=6035&vol=7-1-2018&SNo=85>. Acesso em: 23 dez. 2021.

KAUSHIK, P.; PLAZAS, M.; PROHENS, J.; VILANOVA, S.; GRAMAZIO, P. Diallel genetic analysis for multiple traits in eggplant and assessment of genetic distances for predicting hybrids performance. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 13, n. 6, e0199943, 2018. DOI: 10.1371/journal.pone.0199943. Disponível em:

<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0199943>. Acesso em: 23 dez. 2021.

KEMPTHORNE, O.; CURNOW, R. N. The partial diallel cross. **Biometrics**, [s.l.], v. 17, n. 2, p. 229-250, 1961. DOI: 10.2307/2527989. Disponível em:

<https://www.jstor.org/stable/2527989?origin=crossref>. Acesso em: 24 dez. 2021.

KHAN, S. A.; KHAN, N. U.; MOHAMMAD, F.; AHMAD, M.; KHAN, I. A.; BIBI, Z.; KHAN, I. U. Combinig ability analysis in intraespecific F₁ diallel cross of upland cotton. **Pakistan Journal of Botany**, [s.l.], v. 43, n. 3, p. 1719-1723, 2011. Disponível em:

[http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/43\(3\)/PJB43\(3\)1719.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/43(3)/PJB43(3)1719.pdf). Acesso em: 16 dez. 2021.

KING, C. A.; PURCELL, L. C.; BOLTON, A.; SPECHT, J. E. A possible relationship between shoot N concentration and the sensitivity of N₂ fixation to drought in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 54, n. 1, p. 746-756, 2014. DOI: 10.2135/cropsci2013.04.0271.

Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2013.04.0271>. Acesso em: 23 dez. 2021.

KRZYZANOWSKI, F. C.; FRANÇA NETO, J. B.; HENNING, A. A. **Semente de soja: cuidados na aquisição e na utilização**. 52. ed. Londrina, PR: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária, 1992. 7 p.

LAPERLA, C. A. I.; LIMA, M. W. P.; VILARINHO, M. S. Ecofisiologia da soja. In: DIAS, J. P. T. (org.). **Ecofisiologia de culturas agrícolas**. Belo Horizonte, MG: EdUEMG, 2018. Cap. 8. p. 120-149.

LAVIOLA, B. G.; TEODORO, P. E.; PEIXOTO, L. A.; BHERING, L. L. Parental selection in diallel crosses of *Jatropha curcas* using mixed models. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 40, e35008, 2018. DOI: 10.4025/actasciagron.v40i1.35008. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/35008>. Acesso em: 23 dez. 2021.

LEFFEL, R. C.; WEISS, M. G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 50, p. 528-534, 1958.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F₈. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: 10.14295/cs.v7i3.1176. Disponível em:

<https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1176>. Acesso em: 15 dez. 2021.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015. DOI: 10.14583/2318-7670.v03n04a03. Disponível em: <http://www.bibliotekevirtual.org/index.php/2013-02-07-03-02-35/2013-02-07-03-03-11/1625-nativa/v03n04/16693-estimativas-de-parametros-geneticos-e-correlacoes-entre-caracteres-agronicos-em-genotipos-de-soja.html>. Acesso em: 17 dez. 2021.

LIMA, M.; SILVA JÚNIOR, C. A.; RAUSCH, L.; GIBBS, H. K.; JOHANN, J. A. Demystifying sustainable soy in Brazil. **Land Use Policy**, [s.l.], v. 82, p. 349-352, 2019. DOI: 10.1016/j.landusepol.2018.12.016. Disponível em:

<https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0264837718317836>. Acesso em: 22 dez. 2021.

LIU, K. Food use of whole soybeans. In: JOHNSON, L.A.; WHITE, P.J.; GALLOWAY, R. (Eds.). **Soybeans: Chemistry, production, processing, and utilization**. Urbana, IL: American Oil Chemists' Society Press; 2008. p. 441-482.

LOPES, A. L. C. **Cultivo e manejo da soja**. Belo Horizonte, MG: Fundação Centro Tecnológico de Minas Gerais, 2013. 37 p. Disponível em: respostatecnica.org.br/dossie-tecnico/downloadsDT/Mjc2OTI%3DAcesso. Acesso em: 17 dez. 2021.

LOPES, G. R.; LIMA, M. G. B.; REIS, T. N. P. Maldevelopment revisited: Inclusiveness and social impacts of soy expansion over Brazil's Cerrado in Matopiba. **World Development**, [s.l.], v. 139, e105315, 2021. DOI: 10.1016/j.worlddev.2020.105316. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0305750X20304435>. Acesso em: 20 dez. 2021.

MACHADO, A. T. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, [s.l.], v. 9, n. 1, p. 35-50, 2014. Disponível em: <https://revistas.aba-agroecologia.org.br/index.php/rbagroecologia/article/view/15278>. Acesso em: 24 dez. 2021.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, G. F. JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS L. A.; HAMAWAKI R. L.; HAMAWAKI C. D. L. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, gmr16029696, 2017. DOI: 10.4238/gmr16029696. Disponível em: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-2/pdf/gmr-16-02-gmr.16029696.pdf>. Acesso em: 23 dez. 2021.

MAPHOSA, M.; TALWANA, H.; GIBSON, P.; TUKAMUHABWA, P. Combining ability for resistance to soybean rust in F₂ and F₃ soybean populations. **Field Crops Research**, [s.l.], v. 130, p.1-7, 2012. DOI: 10.1016/j.fcr.2012.02.004. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S037842901200038X>. Acesso em: 23 dez. 2021.

MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de sementes de plantas cultivadas**. Londrina, PR: ABRATES, 2015. 659 p.

MARTINS, C. C.; TREVISOLI, S. H. U.; MÔRO, G. V.; VIEIRA, R. D. Metodologia para seleção de linhagens de soja visando germinação, vigor e emergência em campo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 47, n. 3, p. 455-461, 2016. DOI: 10.5935/1806-6690.20160055. Disponível em: <http://www.ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/4151>. Acesso em: 23 dez. 2021.

MAT, N. H. C.; BHUIYAN, M. A. R.; YAAKOB, Z.; WICKNESWAR, R. Full diallel crosses in superior parents of *Jatropha curcas* L. **Industrial Crops and Products**, [s.l.], v. 151, n. 1, e112482, 2020. DOI: 10.1016/j.indcrop.2020.112482. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0926669020303988?via%3Dihub>. Acesso em: 19 dez. 2021.

MATSUO, É.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. Desenvolvimento de cultivares. In: BORÉM, A.; MATSUO, É.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da Soja no Brasil**. Londrina: Editora Mecnas, 2021. Cap. 6. p. 93-104.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. Morfologia vegetativa e reprodutiva. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 4. p. 62-77.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 2. p. 27-53.

MAYING, B.; AHMAD, M.; ZAFFAR, G.; DAR, E. A.; AZIZ, M. A.; MUSHTAQ, T.; SHAH, F.; LQBAL, S.; RASHID, R. Genetic analysis of F₂ generation of diallel crosses in oats (*Avena sativa* L. for forage yield and its contributing traits. **Chemical Science Review and Letters**, [s.l.], v. 7, n. 28, p. 990-997, 2018. Disponível em: https://chesci.com/wp-content/uploads/2019/05/V7i28_22_CS202049101_Dr_Mushtaq_990-997.pdf. Acesso em: 14 dez. 2021.

MEBRAHTU, T.; DEVINE, T. E. Combining ability analysis for selected green pod yield components of vegetable soybean genotypes (*Glycine max*). **New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science**, [s.l.], v. 36, p.97–105, 2008. DOI: 10.1080/01140670809510225. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/01140670809510225>. Acesso em: 17 dez. 2021.

MELLO, I. S.; DUARTE, G. S. D.; GUARIM NETO, G. Sinopse de Fabaceae – Caesalpinioideae para a flora de Mato Grosso, Brasil. **Biodiversidade**, v. 2, n. 14, p. 43-49, 2015. Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/biodiversidade/article/view/2892>. Acesso em: 14 dez. 2021.

- MENEZES, M.; PINHO, E. V. R. V.; JOSÉ, S. C. B. R.; BALDONI, A.; MENDES, F. F. Aspectos químicos e estruturais da qualidade fisiológica de sementes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1716-1723, 2009. DOI: 10.1590/S0100-204X2009001200022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/PQ4Js6SsQYBGcY6yYcRNHwC/?lang=pt>. Acesso em: 23 dez. 2021.
- MICHELON, C.; BONETTI, L. P. Variação da qualidade fisiológica de sementes de cultivares transgênicas de soja em decorrência do tempo de armazenamento. **Ciência & tecnologia**, Piracicaba, v. 3, n. 1, p. 8-12, 2019. DOI: 10.33053/CIENTEC.V3I1.8416
- MIKEL, M. A.; DIERS, B. W.; NELSON, R. L.; SMITH, H.H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soybean germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1219–1229, 2010. DOI: 10.2135/cropsci2009.08.0456. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2009.08.0456>. Acesso em: 22 dez. 2021.
- MORO, G. L.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, C. S.; OLIVEIRA, A. B. Correlação entre alguns caracteres agrônômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 39, p. 225-232, 1992. Disponível em: <http://www.ceres.ufv.br/ojs/index.php/ceres/article/view/2022>. Acesso em 26 dez. 2021.
- MOURTZINIS, S.; CONLEY, S. P. Delineating soybean maturity groups across the United States. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 109, n. 4, p. 1397-1403, 2017. DOI: 10.2134/agronj2016.10.0581. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.2134/agronj2016.10.0581>. Acesso em: 21 dez. 2021.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Cairo, v. 7, p. 40-57, 1978.
- NAGARAJAN, D.; KALAIMAGAL, T.; MURUGAN, E. Combining ability analysis for yield component and biochemical traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 6, n. 11, p.2894-2901, 2017. DOI: 10.20546/ijcmas.2017.611.341. Disponível em: <https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=5261&vol=6-11-2017&SNo=341>. Acesso em: 18 dez. 2021.
- NAGESHWAR; SINGH, S. V.; SINGH, M.; SINGH, L.; KUMAR, N.; SINGH, A. K. Selection of good combiner for further crop improvement by diallel analysis for central plan zone in winter wheat (*Triticum aestivum* L.). **The Pharma Innovation Journal**, [s.l.], v. 10, n. 12, p. 910-921, 2021. Disponível em: <https://www.thepharmajournal.com/archives/2021/vol10issue12/PartM/10-11-332-404.pdf>. Acesso em: 18 dez. 2021.

NARDINO, M.; BARROS, W. S.; OLIVOTO, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, F. F. E.; PELEGRIN, A. J.; SOUZA, V. Q.; CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C.; KONFLANZ, V. A. Multivariate diallel analysis by factor analysis for establish mega-traits. **Annals of the Brazilian Academy of Sciences**, [s.l.], v. 92, n. 1, e20180874, 2020. DOI: 10.1590/0001-3765202020180874. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/aabc/a/DB4jJFhTywD6cbR98PrhvkL/?lang=en>. Acesso em: 22 dez. 2021.

NEPSTAD, L.; GERBER, J. S.; HILL, J. D.; DIAS, L. C. P.; COSTA, M. H.; WEST, P. C. Pathways for recent Cerrado soybean expansion: extending the soy moratorium and implementing integrated crop livestock systems with soybeans. **Environmental Research Letters**, [s.l.], v. 14, n. 4, e044029, 2019. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1748-9326/aafb85/meta>. Acesso em: 13 jan. 2022.

NEUMAIER, N.; JAMES, A. T. Exploiting the long-juvenile trait to improve adaptation of soybeans to the tropics. **Aciar Food Legume Newslett**, [s.l.], n. 18, p. 12-14, 1993. Disponível em: <http://hdl.handle.net/102.100.100/242312?index=1>. Acesso em: 13 dez. 2021.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; DESTRO, D. Estádios de desenvolvimento. In: SEDIYAMA (ed.). **Tecnologias de produção de sementes de soja**. Londrina, PR: Editora Mecnas. p. 15-44. 2013.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. 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. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576>. Acesso em: 28 dez. 2021.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J.D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (org.) **Doenças da soja: melhoramento genético e técnicas de manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015. p. 159-178.

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**, Londrina, v. 1, p. 1-9, 2015. DOI: 10.33158/ASB.2015v1i1p1. Disponível em: <https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/1>. Acesso em: 17 dez. 2021.

OLIVEIRA, I. J.; VELLO, N. A.; VIEIRA, P. M. J.; WYMINERSKY, P. T. Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [s.l.], v. 57, n.2, p. 178-186, 2014. DOI: 10.1590/S1516-89132014000200004. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/babt/a/ncK37C7k4WGSN6DRctFgzbg/?lang=en>. Acesso em: 23 dez. 2021.

OLIVEIRA, M. F.; ARIAS, C. A. A. Centro de diversidade e recursos genéticos. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 3. p. 44-61.

PAINKRA, P.; NAG, S. K.; KHUTE, I. Identification of best combiners for soybean improvement at Chhattisgarh Plains. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 6, n. 11, p. 478-482, 2017. DOI: 10.20546/ijcmas.2017.611.057. Disponível em: <https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=4977&vol=6-11-2017&SNo=57>. Acesso em: 19 dez. 2021.

PARKER, M. W.; BORTHWICK, H. A. Influence of temperature on photoperiodic reactions in leaf blades of Biloxi soybean. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 104, n. 4, p. 612-619, 1943. DOI: 10.1086/335174. Disponível em: <https://www.journals.uchicago.edu/doi/10.1086/335174>. Acesso em: 23 dez 2021.

PEŠEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. **Canadian Journal of Plant Sciences**, [s.l.], v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969. DOI: 10.4141/cjps69-137. Disponível em: <https://cdnsiencepub.com/doi/10.4141/cjps69-137>. Acesso em: 23 dez. 2021.

PIMENTEL, A. J. B.; GUIMARÃES, J. F. R.; SOUZA, M. A.; RESENDE, M. D. V.; MOURA, L. M.; ROCHA, J. R. A. S. C.; RIBEIRO, G. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 11, p. 882-890, 2014. DOI: 10.1590/S0100-204X2014001100007. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/kVGpm9sMMR795hTTGpdQLDB/?lang=pt>. Acesso em: 15 dez. 2021.

PIMENTEL, A. J. B.; SOUZA, M. A.; CARNEIRO, P. C. S.; ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; RIBEIRO, G. Partial diallel analysis in advanced generations for selection of wheat segregating populations. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 48, n. 12, p. 1555–1561, 2013. DOI: 10.1590/S0100-204X2013001200004. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/kffr8skQzRWTgfXZgwxzybJ/?lang=pt>. Acesso em: 17 dez. 2021.

PIRAS, S.; WESZ JÚNIOR, V. J.; GHINOI, S. Soy Expansion, Environment, and Human Development: An Analysis across Brazilian Municipalities. **Sustainability**, [s.l.], v. 13, e7246, 2021. DOI: 10.3390/su13137246. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2071-1050/13/13/7246>. Acesso em: 22 dez. 2021.

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, C. P.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of brazilian soybean cultivars. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013. DOI: 10.1590/S1415-47572013005000034. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/Rvk6GfjgRQqgG57NPPM3L4c/?lang=en>. Acesso em: 23 dez. 2021.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, Â. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da Genética Quantitativa no Melhoramento de Plantas Autógamas**. 1. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na agropecuária**. 6 ed., Lavras: Editora UFLA. 2021. 508 p.

RAUSCH, L.L.; GIBBS, H.K.; SCHELLY, I.; BRANDÃO JÚNIOR, A.; MORTON, D. C.; CARNEIRO FILHO, A.; STRASSBURG, B.; WALKER, N.; NOOJIPADY, P.; BARRETO, P.; MEYER, D. Soy expansion in Brazil's Cerrado. **Conservation Letters**, [s.l.], v. 12, e12671, 2019. DOI: 10.1111/conl.12671. Disponível em:

<https://conbio.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/conl.12671>. Acesso em: 21 dez. 2021.

RESENDE, M. D. V. **Genética Quantitativa e de Populações**. Produção Independente, 2015. 463 p.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n.3, p. 347-353, 2014. Disponível em:

<http://www.coffeescience.ufla.br/index.php/Coffeescience/article/view/643>. Acesso em: 31 dez. 2021.

RIBEIRO, G. H. M. R.; PINTO, C. A. B. P. Potenciais genitores visando o melhoramento de batata para aparência de tubérculos e tolerância ao calor. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 29, n. 1, p. 22-37, 2020. DOI: 10.32929/2446-8355.2019v29n1p22-37. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2019v29n1p22-37>. Acesso em: 20 dez. 2021.

RINCKER, K.; NELSON, R.; SPECHT, J.; SLEPER, D.; CARY, T.; CIANZIO, S. R.; CASTEEL, S.; CONLEY, S.; CHEN, P.; DAVIS, V.; FOX, C.; GRAEF, G.; GODSEY, C.; HOLSHOUSER, D.; JIANG, G. L.; KANTARTZI, S. K.; KENWORTHY, L. W.; LEE, C.; MIAN, R.; MCHALE, L.; NAEVE, S.; ORF, J.; POYSA, V.; SCHAPAUGH, W.; SHANNON, G.; UNIATOWSKI, R.; WANG, D.; DIERS, B. Genetic Improvement of U.S. Soybean in Maturity Groups II, III, and IV. **Crop Science**, Madison, v.54, p.1-14, 2014. DOI: 10.2135/cropsci2013.10.0665. Disponível em:

<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2013.10.0665>. Acesso em: 28 dez. 2021.

ROCHA, G. A. F.; PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A. Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 18, n. 3, p. 267-275, 2018. DOI: 10.1590/1984-70332018v18n3a40. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/DgSRcNgcR857cz4LJyKQYVj/?lang=en>. Acesso em: 19 dez. 2021.

ROCHA, M. R.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JÚNIOR, S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 43, e028018, 2019. DOI: 10.1590/1413-7054201943028018. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cagro/a/cvym94bwtvZYhZfCQh7SDFK/?lang=en>. Acesso em: 30 dez. 2021.

ROCHA, R. S.; DA SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012. Disponível em: <http://ccarevista.ufc.br/seer/index.php/ccarevista/article/view/1203/663>. Acesso em: 13 dez. 2021.

- RODRIGUES, D. S.; SCHUCH, L. O. B.; MENEGHELLO, G. E.; PESKE, S. T. Desempenho de plantas de soja em função do vigor das sementes e do estresse hídrico. **Revista Científica Rural**, Bagé, v. 20, n. 2, p. 144-158, 2018. DOI: 10.30945/rcr-v20i2.260. Disponível em: <http://revista.urcamp.tche.br/index.php/index/index>. Acesso em: 23 dez. 2021.
- ROSAL, C. J. S.; RAMALHO, M. A. P.; GONÇALVES, F. M. A.; ABREU, A. F. B. Early selection for common bean grain yield. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 189–195, 2000. DOI: 10.1590/S0006-87052000000200010. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/V4TwCzq4x465XPCKDvkh7LH/?lang=pt>. Acesso em: 12 dez. 2021.
- ROSSI, R. F.; CAVARIANI, C.; FRANÇA-NETO, J. B. Vigor de sementes, população de plantas e desempenho agrônomo de soja. **Revista Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 60, n. 3, p. 215-222, 2017. DOI: 10.4322/rca.2239. Disponível em: <http://doi.editoracubo.com.br/10.4322/rca.2239>. Acesso em 13 dez. 2021.
- RUSSO, M. L.; PELIZZAA, S.A.; VIANNA, M. F.; ALLEGGRUCCI, N.; CABELLOA, M. N.; TOLEDO, A. V.; MOURELOS, C.; SCORSETTI, A. C. Effect of endophytic entomopathogenic fungi on soybean *Glycine max* (L.) Merr. growth and yield. **Journal of King Saud University - Science**, [s.l.], v. 31, n. 4, p. 728-736, 2019. DOI: 10.1016/j.jksus.2018.04.008. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1018364717313848?via%3Dihub>. Acesso em: 16 dez. 2021.
- SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F₂ de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018. DOI: 10.3738/1982.2278.2169. Disponível em: <http://www.nucleus.feituverava.com.br/index.php/nucleus/article/view/2169/2550>. Acesso em: 17 dez. 2021.
- SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; PEREIRA, P. R.; CAPONE, A., BARROS, H. B. Parâmetros genéticos e avaliação agrônomo em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 14, n.1, e5625, 2019. DOI: 10.5039/agraria.v14i1a5625. Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: 18 dez. 2021.
- SAUER, S. Soy expansion into the agricultural frontiers of the Brazilian Amazon: The agribusiness economy and its social and environmental conflicts. **Land Use Policy**, [s.l.], v. 79, p. 326–338, 2018. DOI: 10.1016/j.landusepol.2018.08.030. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0264837718300863?via%3Dihub>. Acesso em 29 dez. 2021.
- SAVARY, S.; WILLOCQUET, L.; PETHYBRIDGE, S. J.; ESKER, P.; MCROBERTS, N.; NELSON A. The global burden of pathogens and pests on major food crops. **Nature Ecology & Evolution**, [s.l.], v. 3, p.430-439, 2019. DOI: 10.1038/s41559-018-0793-y. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41559-018-0793-y>. Acesso em: 23 dez. 2021.
- SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina, PR: Editora Mecenaz, 2015. 352 p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologia de produção da soja**. Londrina, PR: Editora Mecenass LTDA. 2009. 9 p.

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção de sementes de soja**. Londrina, PR: Editora Mecenass, 2013. 352 p.

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

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, PR: Editora Mecenass, 2009. p. 1-5.

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

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

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A. Exigências edafoclimáticas. *In*: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (ed). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 3. p. 54-65.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. *In*: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (ed). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 6. p. 149-167.

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F₂ and F_{2:3} soybean populations. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 113, n. 4, 2021. DOI: 10.1002/agj2.20692. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/agj2.20692>. Acesso em 19 dez. 2021.

SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017a. 563 p.

SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; LUDKE, W. H.; BUENO, T. V. Características quantitativas no melhoramento. *In*: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017b. Cap. 6. p. 114-146.

SMIDERLE, O. J.; SOUZA, A. G.; GIANLUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K.N.A. C.; GOMES, H. H. S. Correlações entre componentes de produção de soja BRS Tracajá e diferentes densidades de plantas no Cerrado Roraima. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, [s.l.], v. 9, n. 1, p. 34-40, 2019. DOI: 10.21206/rbas.v9i1.3065. Disponível em: <https://periodicos.ufv.br/rbas/article/view/3065>. Acesso em: 26 dez. 2021.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 240-250, 1936. DOI: 10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>. Acesso em: 26 dez. 2021.

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**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015. DOI: 10.14393/BJ-v31n6a2015-26217. Disponível em:

<https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/26217/17381>. Acesso em: 23 dez. 2021.

SOUZA, V. C.; FLORES, T. B.; LORENZI, H. **Introdução à Botânica**. Nova Odessa, SP: Plantarum, 2013. 224 p.

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. **Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 153, p. 1059-1068, 2014. DOI: 10.1017/S0021859614000781.

Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-agricultural-science/article/abs/yield-stability-of-soybean-cultivars-in-response-to-sowing-date-in-the-lower-latitude-brazilian-savannah-highlands/DF3AC94F00FA87BAF67E06014B94F593>.

Acesso em: 17 dez. 2021.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958p.

SULISTYO, A.; PURWANTORO; SARI, K. P. Correlation, path analysis and heritability estimation for agronomic traits contribute to yield on soybean. **International Symposium on Food and Agro-biodiversity**, [s.l.], v. 102, e012034, 2018. DOI: 10.1088/1755-

1315/102/1/012034. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/102/1/012034>. Acesso em: 22 dez. 2021.

SUN, F.; XU, M.; PARK, C.; DWIYANTI, M. S.; NAGANO, A. J.; ZHU, J.; WATANABE, S.; KONG, F.; LIU, B.; YAMADA, T.; ABE, J. Characterization and quantitative trait locus mapping of late-flowering from a Thai soybean cultivar introduced into a photoperiod-insensitive genetic background. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 12, p. e0226116, 2019. DOI: 10.1371/journal.pone.0226116. Disponível em:

<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0226116>. Acesso em: 14 dez. 2021.

SUSANTO, G. W. A. Estimation of gene action through combining ability for maturity in soybean. **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, [s.l.], v. 50, n. 1, p. 62-71, 2018.

Disponível em: <http://sabraojournal.org/wp-content/uploads/2018/03/SABRAO-J-Breed-Genet-50-1-62-71-SUSANTO.pdf>. Acesso em: 17 dez. 2021.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 6 ed. Porto Alegre, RS: Artmed, 2017. 888 p.

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 base do selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017b. DOI: 10.4238/gmr16039750. Disponível em:

<http://www.funpecrp.com.br/gmr/articles/year2017/vol16-3/pdf/gmr-16-03-gmr.16039750.pdf>. Acesso em: 23 dez. 2021.

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; HAMAWAKI, C.L.; MATTOS, T.P.; SILVEIRA, I.C.; MEDEIROS, L.A. Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4, 2017a. DOI: 10.4238/gmr16039842. Disponível em:

<https://www.geneticsmr.com/sites/default/files/articles/year2017/vol16-4/pdf/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: 22 dez. 2021.

TEJO, D. P.; FERNANDES, C. H. S.; BURATTO, J. S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. **Revista Científica Eletrônica de XIX da FAEF**, Garça, v. 35, n. 1, p. 1-9, 2019. Disponível em:

http://faef.revista.inf.br/imagens_arquivos/arquivos_destaque/hw9EU5Lusw7rZZH_2019-6-19-14-11-1.pdf. Acesso em: 11 dez. 2021.

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAIO, F. H. R.; GAVA, R.; SILVA JÚNIOR, C. A.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 12, e0226523, 2019. DOI: 10.1371/journal.pone.0226523. Disponível em:

<https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0226523>. Acesso em: 18 dez. 2021.

TIAN, H.; CHANNA, S.; HU, S. Relationships between genetic distance, combining ability and heterosis in rapeseed (*Brassica napus* L.). **Euphytica**, [s.l.], v. 213, n. 1, p. 2017. DOI: 10.1007/s10681-016-1788-x. Disponível em:

<https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-016-1788-x>. Acesso em: 15 dez. 2021.

TORRES, F. E.; SILVA, E. C. E TEODORO, P. E. Desempenho de genótipos de soja nas condições edafoclimáticas do ecótono Cerrado-Pantanal. **Interações**, Campo Gande, v. 15, n. 1, p. 71-78, 2014. DOI: 10.1590/S1518-70122014000100007. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/inter/a/bwfDZntPNxKytS7xMj5kTrq/?lang=pt>. Acesso em: 19 dez. 2021.

UBI, B. E.; MIGNOUNA, H.; OBIGBESAN, G. Segregation for seed wight, pod lenghts and days to flowering following a cowpea cross. **African Crop Science Journal Kampala**, [s.l.], v. 9, n. 3, p. 463-470, 2007. DOI: 10.4314/acsj.v9i3.27592. Disponível em:

<https://www.ajol.info/index.php/acsj/article/view/27592>. Acesso em: 29 dez. 2021.

UNITED STATE DEPARTAMENT OF AGRICULTURE – USDA. **Economic research service**. Washington, D.C., EUA, 2013. Portal. Disponível em: <http://www.ers.usda.gov>. Acesso em: 28 dez. 2021.

VASCONCELOS, E. S. D.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57 p. 205-210, 2010. DOI: 10.1590/S0034-737X2010000200011. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rceres/a/q4bXdkhwKv8BMnRrZ6JR6Nj/?lang=pt>. Acesso em: 30 dez. 2021.

VASCONCELOS, E. S. D.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C.D. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33n1p65. Disponível em: <http://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/5448>. Acesso em: 01 jan. 2022.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VERNETTI, F. J.; JUNIOR, F. J. V. **Genética da soja: caracteres quantitativos e diversidade genética**. Brasília, DF: Embrapa Informação Tecnológica, 2009. 221 p.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, [s.l.], v. 18, n. 3, p. 375-393, 1962. DOI: 10.2307/2527479. Disponível em: <https://www.jstor.org/stable/2527479?origin=crossref>. Acesso em: 23 dez. 2021.

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal Agriculture Research**, [s.l.], v.20, p.557-585, 1921.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, [s.l.], v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013. DOI: 10.1590/S1415- 47572013005000041. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/tYhyLGQzFRbX9tYP4MqbNgB/?lang=en>. Acesso em: 17 dez. 2021.

XIONG, Q.; TANG, G.; ZHONG, L.; HE, H.; CHEN, X. Response to nitrogen deficiency and compensation on physiological characteristics, yield formation, and nitrogen utilization of rice. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 9, e1075, 2018. DOI: 10.3389/fpls.2018.01075. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2018.01075/full>. Acesso em: 17 dez. 2021.

YANG, W.; WU, T.; ZHANG, X.; SONG, W.; XU, C.; SUN, S.; HOU, W.; JIANG, B.; HAN, T.; WU, C. Critical Photoperiod Measurement of Soybean Genotypes in Different Maturity Groups. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 5, p. 2055-2061, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2019.03.0170. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2019.03.0170>. Acesso em: 23 dez. 2021.

YOKOMIZO, G. K. I.; SANTOS, I. C. Desempenho de genótipos de soja no cerrado amapaense de 2009 a 2013. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 61, p. 1-8, 2018. DOI: 10.22491/rca.2018.2395. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/view/2395>. Acesso em: 23 dez. 2021.

YOKOMIZO, G. K. **Produtividade da soja na região do Município de Tartarugalzinho – AP**. Embrapa, Macapá, AP, p. 1-5, 2012. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/67305/1/AP-2012-Produtividade-soja-Tartarugalzinho-CT-127.pdf>. Acesso em 21 dez. 2021.

YOOSEFZADEH-NAJAFABADI, M.; EARL, H. J.; TULPAN, D.; SULIK, J.; ESKANDARI, M. Application of Machine Learning Algorithms in Plant Breeding: Predicting Yield From Hyperspectral Reflectance in Soybean. **Frontiers in Plant Science**, [s.l.], v. 11, e624273, 2021. DOI: 10.3389/fpls.2020.624273. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/articles/10.3389/fpls.2020.624273/full>. Acesso em: 23 dez. 2021.

ZHANG, J. F.; ABDELRAHEEM, A. Combining ability, heterosis, and genetic distance among nine elite American Pima cotton genotypes (*Gossypium barbadense*). **Euphytica**, [s.l.], v. 213, n. 11, 2017. DOI: 10.1007/s10681-017-2036-8. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-017-2036-8>. Acesso em: 23 dez. 2021.

ZHANG, S.; WANG, H.; WANG, S.; REN, Y.; NIU, L.; LIU, J.; LIU, B. Photoperiodism dynamics during the domestication and improvement of soybean. **Science China Life Sciences**, [s.l.], v. 60, p.1416-1427, 2017. DOI: 10.1007/s11427-016-9154-x. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11427-016-9154-x>. Acesso em: 26 dez. 2021.

ZUFFO, A.M.; RIBEIRO, A.B.M.; BRUZI, A.T.; ZAMBIAZZI, E.V.; FONSECA, W.L. Correlações e análise de trilha em cultivares de soja cultivadas em diferentes densidades de plantas. **Cultura Agrônômica**, Ilha Solteira, v. 27, n. 1, p. 78-90, 2018. DOI: 10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2018v27n1p78-90>. Acesso em: 23 dez. 2021.

CAPÍTULO II

ANÁLISE DIALÉLICA DA CAPACIDADE COMBINATÓRIA EM SOJA PARA CARACTERES AGRONÔMICOS E DE PRODUÇÃO

RESUMO

Uma das mais importantes etapas do melhoramento é a avaliação do potencial genético e seleção de genitores para obtenção de populações superiores para caracteres agronômicos de interesse, como precocidade e produtividade. Neste sentido, o presente trabalho objetivou estimar a capacidade geral (CGC) e específica de combinação (CEC) de cinco genitores de soja, por meio do dialelo parcial, de modo a identificar os progenitores e combinações mais promissoras para precocidade e produtividade de grãos de soja. Os genitores selecionados foram: UFUS 7010 (1), IAC Foscari-31 (2), UFUS 7101 (3), TMG 803 (4) e BRS 511 (5). Os cruzamentos foram realizados em dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos pelo método 2 de Griffing. As sementes híbridas F_1 foram multiplicadas em casa de vegetação. Logo após, as sementes de dez combinações F_2 obtidas e seus respectivos genitores foram conduzidos em delineamento de blocos casualizados, com oito repetições, sendo que a unidade experimental foi composta por um vaso de 5 dm³ preenchido com substrato e cultivado com uma planta de soja. Foram avaliados 15 caracteres agronômicos. Os dados foram submetidos à análise de variância, os agrupamentos pelo teste Scott-Knott e foi realizada a análise dialélica pelo método 2 de Griffing. Foi verificada variabilidade genética para todos os caracteres, com exceção de altura na maturidade (APM) e número de nós produtivos (NNPROD), sendo que houve predominância de efeitos gênicos aditivos. As estimativas de herdabilidade foram altas para todos os caracteres exceto APM, NNPROD e número de vagens com três grãos. Os genitores IAC Foscari-31 e BRS 511 contribuem para obtenção de populações segregantes precoces, em função da aditividade para redução do número de dias para florescimento e maturidade, enquanto que o genitor TMG 803 contribui para o potencial produtivo devido efeito aditivo para número de vagens totais, com 1 grão e 2 grãos e produção de grãos. A combinação UFUS 7101 × TMG 803 se mostrou promissora para a obtenção de populações precoces com alto potencial produtivo e com menor porte, enquanto que UFUS 7101 × TMG 803 demonstrou ser promissora na obtenção de populações com equilíbrio nos ganhos dos caracteres agronômicos e geração de populações precoces com alto potencial produtivo e, por fim, UFUS 7010 × BRS 511 apresentou potencial para a obtenção de populações produtivas.

Palavras-chave: capacidade de combinação; dialelo parcial; precocidade; produtividade; seleção de genitores.

DIALELIC ANALYSIS OF COMBINATORY CAPACITY IN SOYBEAN FOR AGRONOMIC AND PRODUCTION CHARACTERS

ABSTRACT

One of the most important breeding stages is the evaluation of the genetic potential and selection of parents to obtain superior populations for agronomic characters of interest, such as precocity and productivity. In this sense, the present study aimed to estimate the general combination (GC) and the specific combination (CEC) abilities of five soybean parents, through partial diallel, in order to identify the most promising parents and combinations for precocity and grain yield of soybean. The selected parents were: UFUS 7010 (1), IAC Foscarin-31 (2), UFUS 7101 (3), TMG 803 (4) and BRS 511 (5). The crosses were performed in a balanced diallel with parents and without reciprocals by Griffing's method 2. F₁ hybrid seeds were multiplied in a greenhouse. After that, the seeds of ten F₂ combinations obtained and their respective parents were conducted in a randomized block design, considering eight replications, and the experimental unit consisted of a 5 dm³ pot filled with substrate and cultivated with a soybean plant. Fifteen agronomic characters were evaluated. Data were submitted to analysis of variance, clustering by Scott-Knott test and diallel analysis was performed by Griffing method 2. Genetic variability was verified for all characters, with the exception of height at maturity (APM) and number of productive nodes (NNPROD), for which there was a predominance of additive genetic effects. Heritability estimates were high for all characters except APM, NNPROD and number of pods with three grains. The parents IAC Foscarin-31 and BRS 511 contribute to obtaining seed of precocity populations, due to the additivity to reduce the number of days for flowering and maturity, while the parent TMG 803 contributes to the productive potential due to the additive effect on the number of total pods, with 1 grain and 2 grains and grain production. The combination UFUS 7101 × TMG 803 proved to be promising for obtaining populations with precocity, high production potential and smaller size, while UFUS 7101 × TMG 803 proved to be promising in obtaining populations with balance in the gains of agronomic characters and generation of early populations with high productive potential and, finally, UFUS 7010 × BRS 511 showed potential to obtain productive populations.

Keywords: combination ability; partial diallel; precocity; productivity; parent selection.

1 INTRODUÇÃO

A escolha dos genitores consiste em uma das etapas mais críticas no processo de melhoramento genético vegetal. Estes devem apresentar caracteres agronômicos desejáveis para a realização de cruzamentos, os quais têm por objetivo a ampliação da variabilidade genética e a formação de uma população-base que seja promissora (KAUSHIK et al., 2018; RIBEIRO; PINTO, 2020; ROCHA et al., 2019). Portanto, a avaliação do seu potencial genético é fundamental.

Os critérios predominantemente adotados na seleção dos genitores consiste da adaptabilidade, desempenho relativo às características de interesse agrônomo e da habilidade de combinação (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017). A principal vantagem do método da capacidade combinatória é a obtenção de progênies de elevado potencial mesmo com o uso de genitores medianos, além de permitir a compreensão da ação gênica envolvida na herança dos caracteres (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ-NETO, 2021). A melhor maneira de se determinar a capacidade de combinação de parentais para geração de híbridos é por meio da análise dialélica (ROCHA et al., 2019).

A análise de cruzamento dialélico é uma excelente ferramenta para fornecer ao melhorista a natureza e a quantidade de parâmetros genéticos, e a capacidade de combinação geral (CGC) e específica (CEC) dos genitores e seus híbridos, respectivamente (SUSANTO, 2018). A capacidade combinatória é definida por Hayes e Immer (1942) como a capacidade dos genitores selecionados transferirem as características desejadas para a prole híbrida. Entre as análises dialéticas que podem ser utilizadas está a metodologia proposta por Griffing (1956).

Os programas de melhoramento de soja têm buscado desenvolver cultivares cada vez mais precoces e mais produtivas (ROSADO et al., 2012), porém a produtividade é prejudicada quando se encurta o ciclo, assim, tem se buscado combinações de genitores que proporcionem redução do ciclo concomitante ao aumento da produtividade. O que torna essencial a avaliação das CGC e CEC nas gerações iniciais da soja.

A utilização de geração avançadas na análise dialélica, como a F_2 , possibilita obter previsões mais eficientes sobre o desempenho de híbridos de espécies autógamas, uma vez que se têm a redução do nível de efeitos do gene de dominância (BHULLAR; GILL; KHEHRA, 1979). De acordo com Vencovsky (1978) as estimativas de CGC podem sofrer um viés devido à predominância de desvios de dominância quando se utiliza a geração F_1 .

A análise dialélica em geração F₂ de soja foi realizada em vários estudos nos últimos anos (DARONCH et al., 2014; COLOMBO et al., 2018; ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018; TEODORO et al., 2019). Entretanto, a maioria destas pesquisas não leva em consideração desenvolvimento vegetativo e componentes de produção que influenciam a produtividade de grãos. A estimativa de parâmetros para estas características também é importante para direcionar cruzamentos e maximizar a variabilidade genética das populações segregantes em programas de melhoramento de soja (ROCHA et al., 2019).

Neste sentido, o presente trabalho objetivou estimar a capacidades geral (CGC) e específica de combinação (CEC) de cinco genitores de soja, por meio do dialelo parcial, de modo a identificar os progenitores e combinações mais promissoras para precocidade e produtividade de grãos de soja.

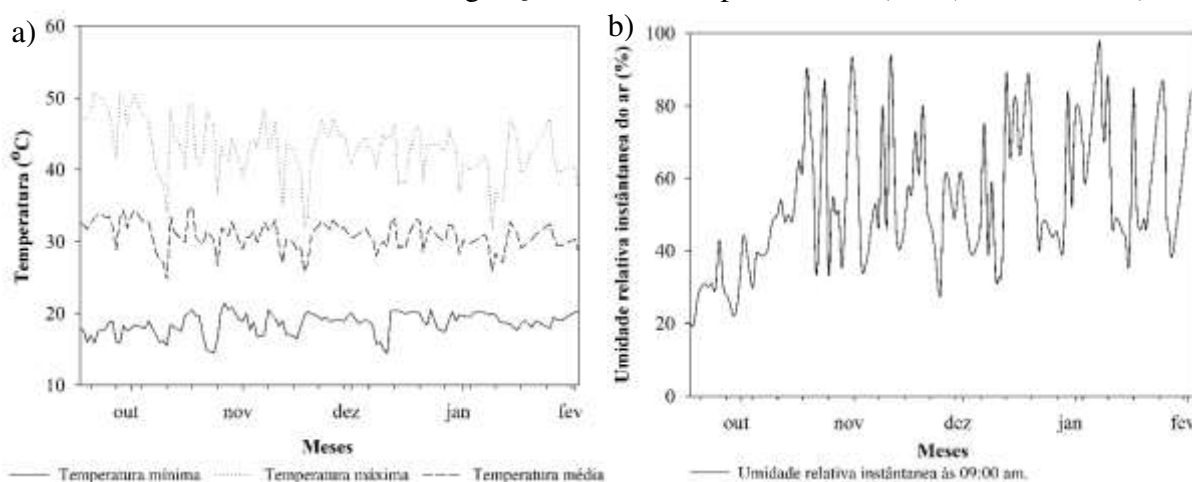
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local de instalação do experimento

A pesquisa foi conduzida em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada na Fazenda Experimental Capim Branco, cujo georeferenciamento é 18°52' de latitude S, 48°20' de longitude W e 805 m de altitude, no município de Uberlândia (MG).

Os parâmetros de umidade instantânea relativa do ar (%) às 09:00 am e temperaturas média, máxima e mínima do ar (°C) da casa de vegetação foram obtidos utilizando o termohigrômetro digital modelo HTC-2A da marca Jiayi. Os dados meteorológicos obtidos no período experimental são apresentados na Figura 1.

Figura 1 – Temperaturas média, mínima e máxima do ar (a) e umidade instantânea relativa do ar (b) de setembro de 2021 a fevereiro de 2022, durante a condução do experimento de dialelo balanceado F₂ em casa de vegetação Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia (MG).



Fonte: O autor.

2.2 Seleção dos genitores

Foram selecionados como genitores cinco cultivares comerciais de soja, em que, duas cultivares apresentavam alto teor de proteína e três cultivares alto teor de lipídios. Os cruzamentos foram realizados no intuito de desenvolver populações segregantes para precocidade e elevado potencial produtivo (Tabela 1).

Tabela 1 – Caracterização dos genótipos de soja utilizados como genitores em bloco de cruzamento dialélico.

Característica	Genótipo				
	UFUS 7010	UFUS 7101	IAC Foscarin-31	TMG 803	BRS 511
Instituição	PMG-UFU ¹	PMG-UFU ¹	IAC ²	TMG ³	EMBRAPA ⁴
Ciclo	Precoce ¹	Precoce ¹	Precoce ²	Semi-tardio ³	Precoce ⁴
Cor de flor	Branca ¹	Branca ¹	Branca ²	Branca ³	Roxa ⁴
Pubescência	MC	Marrom	Cinza	MC	Cinza
Cor do hilo	MM	Marrom	MC	Marrom	MC
TC	I ¹	I ¹	I ²	D ³	I ⁴
Lipídios (%)	18,04 ¹	20,06 ¹	19,00 ⁵	21,40 ³	22,3 ⁴
Proteína (%)	42,28 ¹	40,08 ¹	38,50 ⁵	37,00 ³	37,3 ⁴
Resistência à doenças					
Podridão parda da haste	-	-	-	-	R
Podridão radicular	-	-	-	-	R
Ferrugem asiática	-	R	-	R	R
Oídio	MR <i>P.</i>	-	S	-	MR
Nematoides	<i>brachyurus</i> - R	-	<i>M. incognita</i> - MR	-	<i>M. javanica</i> - MR

Abreviaturas: TC: tipo de crescimento; MC: marrom claro; MM: marrom médio; I: indeterminado; D: determinado; Prod: Produtividade; R: resistente; MR: moderadamente resistente; S: suscetível. Fonte: ¹Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; ²Instituto Agronômico de Campinas – IAC; ³Tropical Melhoramento Genético – TMG; ⁴Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; ⁵Gavioli et al. (2012).

2.3 Híbridação

O bloco de cruzamento foi conduzido em dialelo balanceado com progenitores e sem recíprocos. A partir da combinação dos cinco genitores foram geradas dez combinações híbridas F₁ (Tabela 2).

Tabela 2 – Esquema do dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos e codificação das populações.

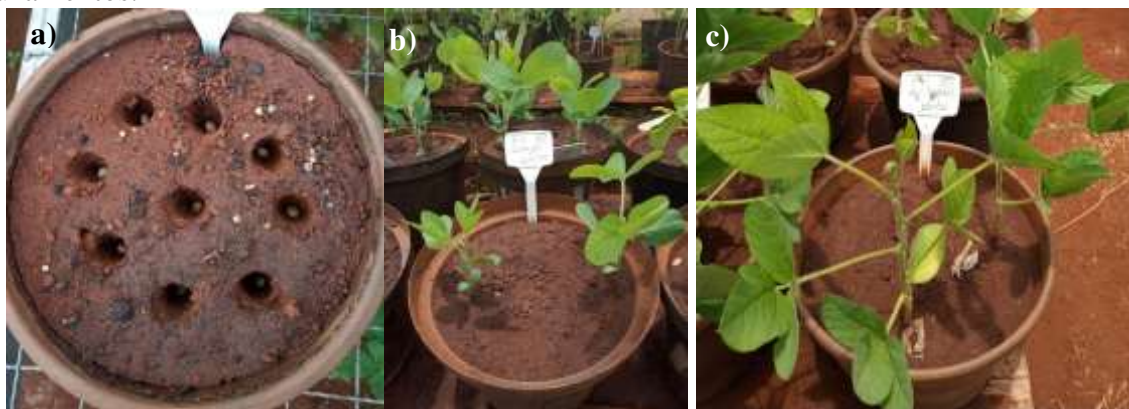
Genitores	UFUS 7010	IAC Foscarin-31	UFUS 7101	TMG 803	BRS 511
UFUS 7010	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5
IAC Foscarin-31		2x2	2x3	2x4	2x5
UFUS 7101			3x3	3x4	3x5
TMG 803				4x4	4x5
BRS 511					5x5

Fonte: delineamento do método 2 de Griffing (1956).

O bloco de cruzamento dialélico foi conduzido de agosto de 2020 a março de 2021. Foram utilizados vasos de polietileno preto de 3,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: substrato comercial: esterco bovino), em que, o solo empregado foi classificado como Latossolo Vermelho, de acordo com o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (SANTOS et al., 2018). A adubação de semeadura aplicada foi equivalente a 400 kg ha⁻¹ da fórmula comercial de NPK 08-28-16.

Foram semeadas nove sementes por vaso a uma profundidade de 2,0 cm, de maneira escalonada a cada três dias, visando viabilizar a sincronia do florescimento entre os genitores utilizados (Figura 2a). Para cada genitor, foram utilizados dois vasos por época de semeadura. O desbaste das plantas nos vasos foi realizado quando estas atingiram o estágio fenológico V₁ (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas) (FEHR; CAVINESS, 1977), mantendo-se duas plantas por vaso (Figura 2b e 2c).

Figura 2 – Semeadura (a), desbaste (b) e desenvolvimento dos genitores do bloco de cruzamentos.



Fonte: O autor.

Em relação ao manejo adotado na condução do bloco de cruzamento, foi realizada irrigação diária, às 10h00min e às 15h00min, com o auxílio de um regador com bico. O controle de doenças consistiu da aplicação semanal de fungicida de contato e acaricida comercial composto por 800 g kg⁻¹ de enxofre na dose de 2,5 kg p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 300 L ha⁻¹, com o auxílio de um pulverizador manual de compressão prévia de 5 litros da marca Starfer. E para complementação da nutrição mineral, foi realizada a cada 15 dias, adubação de cobertura utilizando 5 g vaso⁻¹ de NPK na formulação 08-28-16 (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA, 2013).

As hibridações artificiais foram realizadas através da técnica de emasculação da flor utilizada como genitor feminino, em que se escolheram flores com botão floral que

apresentassem a coloração das pétalas visíveis entre as sépalas. Enquanto que para o genitor masculino, foram escolhidos botões florais que apresentassem bom estágio de desenvolvimento, com estandarte expandido e aberto na data do cruzamento, verificando na unha do polegar se a flor estava derriçando pólen (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Desta forma, o pólen do genitor masculino foi coletado e aplicado sobre o estigma da flor emasculada e então, identificou-se com uma etiqueta a data e horário do cruzamento e os respectivos genitores masculino e feminino. Os cruzamentos foram colhidos após o estágio fenológico R₈ (95% das vagens maduras) (FEHR; CAVINESS, 1977) (Figura 3).

Figura 3 – Cruzamentos de soja obtidos a partir dos blocos de cruzamentos.



Fonte: O autor.

2.4 Multiplicação de sementes F₁ para F₂

2.4.1 Semeadura e verificação do sucesso da hibridação

Devido ao baixo número de sementes, em 23 de abril de 2021 (safra 2020/21) as combinações híbridas F₁ foram semeadas em vaso de polietileno preto de 5 dm³, visando a obtenção de maior quantidade de diásporos para realização do experimento de análise dialélica em geração F₂. Os procedimentos adotados foram os mesmos que para o bloco de cruzamentos. Foi verificado, após a emergência, o sucesso da hibridação para as combinações que tinham genitores com presença de pigmentação antociânica no hipocótilo, porém, não foram verificadas plântulas resultantes de autofecundação.

2.4.2 Complementação nutricional mineral

No estágio fenológico V₄ (quatro nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas) (FEHR; CAVINESS, 1977), foi realizada a aplicação via foliar do fertilizante comercial composto por 4% (50,0 g L⁻¹) de nitrogênio total; 6% (75,0 g L⁻¹) de carbono orgânico total e aminoácidos livres; 1% (12,5 g L⁻¹) de cobalto; 5% (62,5 g L⁻¹) de molibdênio; 7% de agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos, a uma dose de 100 mL ha⁻¹, utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹. Foi utilizado um pulverizador manual 20 L de calda, com pressão constante de 2 BAR (ou 29 PSI), uma vazão de 0,35 L minuto⁻¹. A adubação de cobertura foi realizada periodicamente a cada 15 dias com NPK na formulação de 08-28-16 utilizando 5 g vaso⁻¹.

2.4.3 Controle de pragas e doenças

Para o controle de pragas e doenças foram realizadas 5 aplicações com o fungicida de contato e acaricida comercial composto por 800 g kg⁻¹ de enxofre na dose de 2,5 kg p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 300 L ha⁻¹; 1 aplicação do inseticida de contato e ingestão composto por 480 g L⁻¹ de clorpirifós na dose de 0,25 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L ha⁻¹; 1 aplicação com o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 mL L⁻¹; 01 aplicação do acaricida e inseticida de contato composto por 18 g L⁻¹ de abamectina na dose de 250 mL p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L. Todas as aplicações foram realizadas com o auxílio de um pulverizador manual de compressão prévia de 5 litros da marca Starfer.

2.5 Dialelo balanceado com progenitores e sem recíprocos

2.5.1 Delineamento experimental

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados (DBC), constituído por 15 tratamentos, dos quais, 10 foram as combinações em geração F₂ (UFUS 7010 × IAC Foscarin-31; UFUS 7010 × UFUS 7101; UFUS 7010 × TMG 803; UFUS 7010 × BRS 511; IAC Foscarin-31 × UFUS 7101; IAC Foscarin-31 × TMG 803; IAC Foscarin-31 × BRS 511; UFUS 7101 × TMG 803; UFUS 7101 × BRS 511 e TMG 803 × BRS 511),

enquanto 5 foram os genitores (UFUS 7010; IAC Foscarin-31; UFUS 7101; TMG 803 e BRS 511). Para cada tratamento foram utilizadas 8 repetições, totalizando 120 parcelas. A unidade experimental foi composta por um vaso de polietileno de 5 dm³ contendo uma única planta de soja de cada tratamento.

2.5.2 Análise do solo e preparo do substrato

Foi realizada a coleta de solo de barranco, classificado como Latossolo Vermelho pelo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (SANTOS et al., 2018) na Fazenda Experimental Capim Branco. Antes da utilização do solo no preparo do substrato, foram coletadas 10 amostras simples, com posterior confecção da amostra composta (200 g) para a realização da análise química e textural do solo em laboratório credenciado.

Os resultados para a análise química do solo demonstraram a necessidade da aplicação de corretivos para elevação do índice de saturação por bases e correção da acidez. O solo utilizado se enquadrava à classe textural “franco argiloso arenosa”, apresentando textura média (15 a 35% de argila) (Tabela 3).

Tabela 3 – Caracterização química e textural do solo de barranco antes da instalação do experimento.

Experimento:	Análise Química do Solo													
	pH	Al ¹	H+Al ²	Ca ¹	Mg ¹	SB	T	t	K ³	P ³	V	MO ⁴	CO ⁴	
	H ₂ O			cmol _c dm ⁻³					mg dm ⁻³		%	g kg ⁻¹		
Média	5,4	0,05	2,97	2,3	0,6	3,23	6,2	3,3	97	0,02	52,1	1,59	0,92	
Análise textural ⁵														
Areia grossa				Areia fina				Silte				Argila		
dag kg ⁻¹														
Média	14,61				50,21				8,14				27,04	

¹Ca, Mg e Al extraído com KCl 1 mol L⁻¹ (SILVA, 2009); ²H+Al extraído com acetato de cálcio 0,5 mol L⁻¹ (SILVA, 2009); ³K e P extraídos pelo Método Mehlich 1 (SILVA, 2009); ⁴MO e CO determinados pelo método Walkley e Black (DEFELIPO; RIBEIRO, 1981); ⁵Análise textural pelo Método da Pipeta (EMBRAPA, 1997). Abreviaturas: pH: potencial de hidrogênio; Al: alumínio; H+Al: acidez potencial; Ca: cálcio; Mg: magnésio; SB: soma de bases; T: CTC potencial; t: CTC efetiva; K: potássio; P: fósforo; MO: matéria orgânica; CO: carbono orgânico; V: saturação de bases. Fonte: Laboratório Leaves Engenharia (2021).

O substrato foi preparado na proporção de 3:1:1 (solo de barranco peneirado: substrato comercial: esterco bovino). Foi misturada ao substrato a adubação de semeadura correspondente a dose de 400 kg ha⁻¹ da fórmula comercial de NPK 08-28-16, juntamente com o calcário dolomítico (PRNT=85%) na dose de 0,57 ton ha⁻¹. O substrato foi

acondicionado em vasos de 5 dm³ (18,5 cm de altura × 24,0 cm de diâmetro da boca × 16,2 cm de fundo) de polietileno na coloração preta e com 16 furos (Figura 4).

Figura 4 – Preparo do substrato para implantação do experimento.



Fonte: O autor.

2.5.3 Tratamento e inoculação das sementes

As sementes de soja das combinações e suas respectivas testemunhas foram tratadas e inoculadas na data de semeadura. O tratamento das sementes foi realizado em copo descartável utilizando calda contendo inseticida sistêmico composto por 600 g L⁻¹ Imidacloprido na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹, fungicida sistêmico composto por 10 g L⁻¹ Ipconazol e 350 g L⁻¹ Tiram na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹ e um enraizador composto por 2% (24,2 g L⁻¹) de Molibdênio e 4,0% (48,4 g L⁻¹) de Zinco na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹.

Após a secagem do tratamento químico, foi realizada a inoculação das sementes com a bactéria fixadora de nitrogênio *Bradyrhizobium japonicum*, utilizando o inoculante turfoso Bioma Brady Turfoso, contendo as cepas SEMIA 5079 e SEMIA 5080 com a concentração de 5 x 10⁹ células viáveis g⁻¹.

2.5.4 Semeadura e desbaste

Foram semeadas 5 sementes por vasos para todos os tratamentos em 17 de setembro de 2021 (Figura 5a). A semeadura ocorreu a uma profundidade de, aproximadamente, 2,5 cm. O desbaste das plantas nos vasos foi realizado quando estas atingiram o estágio fenológico V₁ (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas) (FEHR; CAVINESS, 1977), mantendo-se uma planta por vaso (Figura 5b e 5c).

Figura 5 – Semeadura (a), plântulas F₂ emergidas (b) e plantas F₂ estabelecidas (c).



Fonte: O autor.

2.5.5 Complementação nutricional mineral

No estágio fenológico V₄ (quatro nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas), de acordo com a escala de desenvolvimento da soja de Fehr e Caviness (1977), foi realizada a aplicação via foliar do fertilizante comercial composto por 4% (50,0 g L⁻¹) de nitrogênio total; 6% (75,0 g L⁻¹) de carbono orgânico total e aminoácidos livres; 1% (12,5 g L⁻¹) de cobalto; 5% (62,5 g L⁻¹) de molibdênio; 7% de agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos a uma dose de 100 mL ha⁻¹, utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹. Para esta operação foi utilizado um pulverizador manual 20 L de calda, com pressão constante de 2 BAR (ou 29 PSI), uma vazão de 0,35 L minuto⁻¹.

A adubação de cobertura com NPK foi realizada duas vezes, sendo a primeira no estágio fenológico V₄ e a segunda 15 dias após a primeira cobertura com 5 g vaso⁻¹ de NPK na formulação de 08-28-16 em cada cobertura, de forma tal a complementar os macronutrientes lixiviados pela irrigação, cuja qual foi realizada diariamente, às 10h00min e às 15h00min, utilizando um regador manual com bico perfurado.

2.5.6 Controle de pragas e doenças

O controle de pragas e doenças foi realizado por de 4 aplicações com o fungicida de contato e acaricida comercial composto por 800 g kg⁻¹ de enxofre a cada 30 dias na dose de 2,5 kg p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 300 L ha⁻¹. Em de 26 de outubro de 2021, foram

aplicados os seguintes defensivos: fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 mL L⁻¹; fungicida e acaricida composto por 750 g kg⁻¹ de mancozebe na dose de 2 kg p.c. ha⁻¹.

Em 18 de novembro de 2021 foi realizada novamente aplicação dos seguintes defensivos: fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 mL L⁻¹; fungicida e acaricida composto por 750 g kg⁻¹ de mancozebe na dose de 2 kg p.c. ha⁻¹; do inseticida de contato e ingestão composto por 480,0 g L⁻¹ de clorpirifós na dose de 500,0 mL p.c. ha⁻¹.

Em 07 de dezembro de 2021 foi realizada a aplicação dos seguintes defensivos: fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 mL L⁻¹; fungicida e acaricida composto por 750 g kg⁻¹ de mancozebe na dose de 2 kg p.c. ha⁻¹; do inseticida sistêmico, de contato e ingestão composto por 141,0 g L⁻¹ de Tiametoxam e 106,0 g L⁻¹ de Lambda-Cialotrina na dose de 500 mL p.c. ha⁻¹. Todas as aplicações foram realizadas com o auxílio de um pulverizador manual de compressão prévia de 5 litros da marca Starfer.

2.6 Caracteres avaliados

Durante o decorrer do estudo foram avaliados em cada planta, nos estádios fenológicos VE (emergência), R₁ (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal) e R₈ conforme a escala de desenvolvimento da soja sugerido por proposta por Fehr e Caviness (1977), os seguintes caracteres:

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio fenológico R₁), resultado final foi expresso em dias;
- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em dias;
- Altura da planta no florescimento (APF): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma régua milimetrada no estágio fenológico R₁, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹;

- Altura de inserção da primeira vagem (APV): foi mensurada a distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal no estágio fenológico R₈, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹;
- Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma régua milimetrada no estágio fenológico R₈, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹;
- Número de nós no florescimento (NNF): contagem manual do número de nós na haste principal no estágio fenológico R₁, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós totais na maturidade (NNTM): contagem manual do número total de nós na haste principal no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós ramificados na maturidade (NNRAM): número total de nós com ramificações da haste principal no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós produtivos na maturidade (NNPROD): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de vagens com 1 grão (NV1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 2 grãos (NV2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 3 grãos (NV3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de sementes por vagem (NSV): contagem do número de sementes por vagem, posterior a colheita, resultado final foi expresso em sementes planta⁻¹.
- Produção de grãos por planta (PGP): peso total de grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas.

2.7 Colheita e armazenamento

A colheita das plantas de soja ocorreu 7 dias após estas atingirem o estágio fenológico R₈ (95% das vagens maduras/secas) (FEHR; CAVINESS, 1977). As plantas foram acondicionadas em sacos de papel kraft e acondicionadas em câmara fria para conservação das sementes e das plantas para posteriores avaliações.

2.8 Análise estatística dos dados

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variabilidade genética para os caracteres de estudo. Foi seguido o modelo estatístico descrito pela Equação 1, levando-se em consideração o delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \text{ (Eq. 1)}$$

Em que:

Y_{ij} : valor de cada caráter em uma parcela que compreende o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j;

ε_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Em seguida foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos.

O parâmetro de herdabilidade no sentido amplo foi estimado utilizando as Equações 2 e 3:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{QMT}{r}} \text{ (Eq. 2)}$$

$$\sigma_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r} \text{ (Eq. 3)}$$

Em que:

h_a^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

σ_g^2 : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Para análise dialélica balanceada foi utilizado o método 2 proposto por Griffing (1956), no qual são incluídos apenas os genitores e as combinações F_2 sem os seus recíprocos. O efeito de populações F_2 , foi decomposto em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) de acordo com o modelo estatístico descrito na Equação 4:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij} \text{ (Eq. 4)}$$

Em que:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do progenitor ($i = j$);

m: média geral;

g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo e do j-ésimo progenitor, respectivamente;

s_{ij} : efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j;

ε_{ij} : erro experimental médio.

Considerando as seguintes restrições:

$$\sum_i g_i = 0 \text{ e } \sum_i s_{ij} + s_{ji} = 0 \text{ (para cada i)}$$

Neste modelo, considera-se que $s_{ij} = s_{ji}$.

Para modelos fixos, os componentes quadráticos que expressam a variabilidade genética, em termos de capacidade geral (Eq. 5) e específica de combinação (Eq. 6) são estimados por meio das seguintes expressões:

$$\phi_g = \frac{QMG - QMR}{p + 2} \text{ (Eq. 5)}$$

$$\phi_s = QMS - QMR \text{ (Eq. 6)}$$

Os dados de produção de grãos por planta (PGP) foram transformados em \sqrt{x} para análise estatística. A ANOVA e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott foram executados por meio do software estatístico R versão 3.6.2 (R CORE TEAM, 2019), com scripts desenvolvidos para o pacote de dados ExpDes.pt versão 1.2 (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2010). As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de variância e herdabilidade

Foram verificadas diferenças significativas pelo teste F de Snedecor entre os genótipos estudados ao nível de 5%, 1% e 0,1% de probabilidade para todos os caracteres, com exceção da APM e NNPROD. Estes resultados demonstram que para a maioria dos caracteres houve variabilidade genética entre os genótipos (Tabela 4).

Tabela 4 – Quadrado médio do genótipo (QMG), da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), coeficiente de variação (CV) e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) uma análise dialélica envolvendo cinco genitores e combinações segregantes F_2 conduzida em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.

Caráter	QMG	CGC	CEC	CGC/CEC	CV (%)	h_a^2 (%)
NDF	273,42***	810,17***	58,72**	13,80	14,20	92,21
NDM	848,80***	2521,96***	179,54 ^{ns}	14,05	10,15	87,84
APF	1034,22***	2096,29***	209,39**	10,01	30,55	92,26
APV	31,18***	77,14***	12,79 ^{ns}	6,03	24,53	75,98
APM	649,11 ^{ns}	1363,13**	363,50 ^{ns}	3,75	30,51	42,41
NNF	17,73***	47,57***	5,79 ^{ns}	8,22	18,49	83,00
NNTM	40,41***	111,34***	12,03 ^{ns}	9,26	19,74	72,37
NNRAM	40,35***	124,35***	6,76 ^{ns}	18,39	59,71	86,33
NNPROD	128,94 ^{ns}	190,40 ^{ns}	104,36 ^{ns}	1,82	66,70	23,82
NV1G	56,78***	149,93***	19,53 ^{ns}	7,68	65,38	71,60
NV2G	4718,65***	14772,09***	697,27*	21,19	55,86	93,00
NV3G	650,75*	706,12 ^{ns}	628,60*	1,12	69,51	54,06
NVT	6949,70***	21189,15***	1253,93 ^{ns}	16,90	49,32	83,99
NSV	0,17***	0,40***	0,07*	5,71	7,98	81,31
PGP	7,64***	22,06***	1,87 ^{ns}	11,80	25,02	82,44

***Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. **Significativo ao nível de 1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. *Significativo ao nível de 5% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. ^{ns}: Não significativo. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente; NV1G, NV2G E NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta.

Os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) foram significativos para todos os caracteres, exceto para NNPROD e NV3G (Tabela 4). Este parâmetro é responsável por descrever o comportamento dos genitores, sendo atribuído aos efeitos aditivos, ou seja, é um indicador que pelo menos um genitor tem uma concentração diferente de alelos favoráveis do

que os outros genitores que contribuem para a transmissão da característica para seus descendentes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; GERHARDT et al., 2019).

Para a capacidade específica de combinação (CEC) foram significativos os caracteres de NDF, APF, NV2G, NV3G e NSV (Tabela 4). Este parâmetro, por sua vez, é responsável por atuar como um indicador que o comportamento do genótipo se desvia das expectativas baseadas na CGC, estando atrelada aos efeitos não aditivos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; GERHARDT et al., 2019; OLIVEIRA et al., 2014).

A presença dos efeitos significativos para CGC e CEC demonstram a existência do controle dos caracteres por componentes genéticos aditivos e não aditivos o que pode auxiliar na escolha de melhores genitores e combinações híbridas para o desenvolvimento de genótipos superiores. O caráter que apresenta alta relação CGC/CEC resulta em maiores ganhos de seleção na geração seguinte (BI et al., 2015; ROCHA et al., 2019).

No presente estudo foram observadas razão CGC/CEC variando entre 1,12 a 21,19, ou seja, este resulta indica a predominância de efeitos aditivos no controle dos caracteres e alta herdabilidade. Os resultados obtidos neste estudo corroboram com aqueles reportados por Daronch et al. (2014), Bi et al. (2015) e Teodoro et al. (2019), em que identificaram caracteres agrônômicos, em genitores e populações segregantes promissora através da capacidade combinatória de cultivares de soja. Os efeitos genéticos aditivos foram mais importantes na determinação de caracteres em relação aos efeitos não aditivos, principalmente para características quantitativas, o que também permite seleção bem-sucedida em gerações iniciais (DARONCH et al., 2014; ROCHA et al., 2019)

Os coeficientes de variação para os caracteres divergiram de 7,98 a 69,51% para NSV e NV3G, respectivamente (Tabela 4). Em Piracicaba-SP foram obtidos coeficientes de variação entre 1,43% (NDF) a 24,0% (produtividade) e de 2,74% (NDF) a 22,0% (produtividade) para 16 progenitores e 64 combinações em geração F₂, respectivamente, conduzidos a campo sob dialelo parcial pelo método 4 de Griffing (1956), vale ressaltar que foram avaliados apenas NDF, NDM, APM e produtividade (ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018). Na mesma localidade, foram observados coeficientes de variação oscilando entre 1,9% (NDM) a 12,5% (PGP) para um dialelo parcial pelo método 4 de Griffing (1956) conduzido a campo, com 49 combinações segregantes F₂ e 14 progenitores, ressaltando que foram poucos os caracteres estudados: NDM, teores de óleo e proteína e produtividade (OLIVEIRA et al., 2014). Ambos os estudos obtiveram percentuais baixos de coeficiente de variação em relação ao presente.

Resultados similares ao presente estudo foram obtidos em Viçosa-MG para um experimento em delineamento balanceado geneticamente 4 x 3 em DBC com três repetições para 12 combinações F₁ e 7 genitores em casa de vegetação. Os coeficientes de variação obtidos foram de 8,97% para NDF, 9,81% para NDM, 16,84% para APF, 19,29% para APM, 31,96 para NVT, 12,48% para NNPROD, 39,69% para NNRAM, 28,8% para número de grãos por planta, 13,32% para NSV e 33,28 para PGP (GOMES, 2018).

Em geral, é esperado em ensaios agropecuários coeficientes de variação variando entre 20,0 a 30,0% (FERREIRA, 2018). No presente estudo os caracteres NNRAM (59,71%), NNPROD (66,70%), NV1G (65,38%), NV2G (55,86%), NV3G (69,51%) e NVT (49,32%) (Tabela 4), porém, vale ressaltar que nem sempre coeficientes altos denotam baixa qualidade ambiental, pois dependem do tipo de ensaio e fatores de estudo (FERREIRA, 2018).

Foi verificado que a estimativa de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) oscilou entre 23,82% (NNPROD) a 93,00% (NV2G) (Tabela 4). Conforme a classificação proposta por Stansfield (1974) e Allard (1974), os caracteres de APM e NNPROD apresentaram coeficiente de herdabilidade médio, enquanto que NDF, NDM, APF, APV, NNF, NNTM, NNRAM, NV1G, NV2G, NV3G, NVT, NSV e PGP tiveram a h_a^2 classificada como alto coeficiente (Tabela 4). Esses altos valores de h_a^2 são esperados por serem as gerações iniciais de endogamia (DUDLEY; MOLL, 1969).

Os caracteres de NDF, NDM, APF, APV, NNF, NNTM, NNRAM, NV1G, NV2G, NVT, NSV e PGP apresentaram valores de h_a^2 superiores a 70% (Tabela 4), indicando que o fenótipo foi determinado pelo genótipo, o que torna a estimativa dos valores genéticos pelo fenótipo confiáveis e garante uma maior probabilidade de sucesso na seleção de genótipos com superioridades fenotípica em gerações iniciais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Informações acerca da herdabilidade em análises dialélicas são escassas. Resultados inferiores foram obtidos para o caráter de PGP em Piracicaba-SP para 16 progenitores e 64 combinações em geração F₂, respectivamente, conduzidos a campo sob dialelo parcial pelo método 4 de Griffing (1956), em que os valores obtidos para h_a^2 variaram entre -24,7% (USP 04-18.092 x USP 231-2228-01) à 66,6% (USP 04-17.027 x USP 231-2224-12) (ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018). Da mesma forma, em Uberlândia-MG a estimativa de herdabilidade obtida para PGP para um dialelo balanceado com quatro genitores e seis combinações em geração F₂ pelo método 2 de Griffing (1956) foi de 53,54%, inferior ao obtido no presente estudo (NASCIMENTO, 2021).

A alta magnitude de h_a^2 obtida para o caráter de PGP indica de que há baixa predominância de efeitos não aditivos associados à característica estudada, o que garante maior sucesso na obtenção de genótipos superiores (INOCENTE et al., 2021).

3.2 Capacidade geral e específica de combinação de genitores

A maioria dos programas de melhoramento da soja tem objetivado desenvolver cultivares mais precoces e mais produtivas (BEZERRA et al., 2017). Assim, se faz necessário escolher genitores que combinados gerem indivíduos híbridos superiores com características desejáveis (ROCHA et al., 2019). Quando as estimativas de g_i são altas, sejam positivas ou negativas, o genitor em questão é muito melhor ou pior do que os outros genitores do dialelo em termos de comportamento médio do cruzamento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em relação ao ciclo, as cultivares IAC Foscari-31 e BRS 511 apresentaram os maiores valores favoráveis de CGC para redução do NDF e NDM, enquanto que a cultivar TMG 803 apresentou o maior valor desfavorável à redução do ciclo. Em relação ao aumento favorável dos caracteres relacionados aos componentes de produção: NV1G, NV2G, NVT e PGP a cultivar TMG 803 se destacou como genitor (Tabela 5). O número de vagens é considerado um dos mais importantes componentes da produção, pois tem efeito direto na produtividade de grãos (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012).

Em relação aos demais caracteres, foi possível observar que APF, APV e APM apresentaram resultados favoráveis ao aumento para a cultivar TMG 803 em relação aos demais. Esta cultivar apresenta valores médios de porte e APV adequados ao exigido para cultivares comerciais. Além do mais, a TMG 803 como genitor apresentou maiores aumentos favoráveis aos NNRAM, o que indica que o material proporciona progênes com maior engalhamento e, ainda, um maior aumento favorável ao NNF. Entretanto, para o caráter de NNTM o maior aumento favorável foi constatado para a UFUS 7101 (Tabela 5).

Os genitores IAC Foscari-31 e BRS 511 apresentam alto potencial genético para redução do ciclo de florescimento e de maturidade em combinação com os demais genitores do estudo, com alta probabilidade de passar estas características para seus descendentes, uma vez que os caracteres de NDF e NDM apresentaram predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade (Tabela 4 e 5). Quando se deseja uma redução na expressão de um caráter, pelo menos um dos genitores deve apresentar valores de CGC negativos (KRAUSE; RODRIGUES; LEAL, 2012). A seleção de genótipos com maior precocidade

deve ser feita em gerações iniciais, devido a maior predominância do efeito aditivo (VALE et al., 2015).

Enquanto que o TMG 803 como genitor em cruzamentos dialélicos pode proporcionar indivíduos com boa ramificação, número de nós e produtividade, visto que estas características apresentaram predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade. O NDF e NDM são determinados principalmente por efeitos aditivos (ROCHA et al., 2019).

Tabela 5 – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) caracteres agrônômicos e de produção em cinco genitores de soja conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22 pelo método 2 de Griffing (1956).

Caráter	Progenitores				
	UFUS 7010	IAC Foscarin-31	UFUS 7101	TMG 803	BRS 511
NDF	-0,0464	-3,9571	0,6321	5,9357	-2,5643
NDM	-0,8000	-4,9964	1,7535	10,4857	-6,4428
APF	-2,5453	-7,0543	-3,1578	12,4439	0,3136
APV	-0,9482	-0,7250	-0,7250	1,7839	0,6143
APM	0,5071	-4,3678	0,3643	7,7393	-4,2428
NNF	-0,1750	-1,1393	0,2000	1,3964	-0,2821
NNTM	0,7607	-1,1500	2,0107	-0,2214	-1,4000
NNRAM	-0,6035	-0,8000	-0,2821	2,6286	-0,9429
NNPROD	1,3714	-1,3607	2,4250	-0,5036	-1,9321
NV1G	-0,8000	-0,0393	-0,4250	2,7357	-1,5500
NV2G	-6,6107	-11,0750	-5,6821	28,7643	-5,3964
NV3G	1,1250	-1,0536	4,5000	0,6607	-5,2321
NVT	-7,2929	-12,2928	-0,6679	33,6179	-13,3643
NSV	0,0495	0,0571	0,0407	-0,1459	-0,0014
PGP	-0,2692	-0,3132	-0,0228	1,0841	-0,4789

Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente; NV1G, NV2G e NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta.

Em relação à CEC obtidas, a combinação que proporcionaram as maiores redução do NDF e NDM foram UFUS 7010 × TMG 803 e IAC Foscarin-31 × TMG 803. Os maiores aumentos favoráveis para APF, APM, NNF, NVT e PGP foram obtidos para a combinação entre UFUS 7010 × BRS 511. Em relação à APV E NV1G o cruzamento entre TMG 803 × BRS 511 conferiu os maiores aumentos favoráveis.

Com relação ao NNTM, foi a combinação entre UFUS 7101 × TMG 803 que conferiu maiores ganhos favoráveis. Houve maior aumento favorável para NNRAM por parte do cruzamento entre UFUS 7010 × IAC Foscarin-31. A combinação entre os genitores UFUS

7101 × BRS 511 conferiu maiores aumentos favoráveis para NV2G. Por fim, para NSV a combinação entre IAC Foscarin-31 × BRS 511 proporcionou maior aumento favorável (Tabela 6). Segundo Cruz et al. (2011) populações segregantes com elevada CEC são resultado de um maior número de locus divergentes e apresentarão um desempenho superior aos pais.

De todas as dez combinações avaliadas pelo CEC, destacaram-se as oriundas do cruzamento entre UFUS 7010 × BRS 511, IAC Foscarin-31 × TMG 803 e UFUS 7101 × TMG 803. Sobre estas combinações, a IAC Foscarin-31 × TMG 803 gerou genótipos mais precoces e mais produtivos, porém as plantas oriundas deste cruzamento apresentaram ganhos desfavoráveis aos caracteres de altura, ou seja, as plantas poderão ser mais baixas. Diferentemente do cruzamento entre UFUS 7101 × TMG 803, que apresenta ganhos favoráveis para o porte juntamente com os demais caracteres de ciclo e componentes de produção, à exceção de APF, NV1G e NV2G. A combinação entre UFUS 7010 × BRS 511, por sua vez, proporcionou ganhos favoráveis para a maioria dos caracteres, em detrimento do ciclo que apresentou ganho desfavorável (Tabela 6).

Tabela 6 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ii} e s_{ij}) para caracteres agronômicos e de produção em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo cinco progenitores e dez combinações segrantes F_2 , conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22 pelo método 2 de Griffing (1956).

Caráter	Efeitos (s_{ii} e s_{ij})														
	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5	2x2	2x3	2x4	2x5	3x3	3x4	3x5	4x4	4x5	5x5
NDF	2,2262	-0,8631	1,0476	-5,7560	1,1190	0,9226	0,3333	-1,9703	0,6547	-0,6310	-1,3096	1,1904	4,6369	-0,2381	-1,3631
NDM	-0,5834	1,9881	-0,6369	-5,4941	5,3095	0,6845	4,0595	-7,2977	-0,1191	-0,6905	-2,9227	0,8809	8,5952	-1,4762	-2,2977
APF	1,7441	0,9405	-2,0184	-8,5827	6,1727	2,4994	0,7030	-5,7738	-0,8684	1,2316	-2,8827	1,7352	8,7655	-0,2916	-3,3738
APV	-0,2619	1,2648	0,2648	-1,4941	0,4881	0,1666	0,5416	-1,7173	-0,4227	0,6041	0,1577	-2,1727	0,7113	1,6309	0,2381
APM	-3,8601	7,2649	-6,6548	-3,7798	10,8899	-0,6101	1,8452	-2,2798	-5,6101	-1,3869	8,4256	-0,8423	-4,5119	6,6577	-5,5476
NNF	0,2083	0,0476	-0,1667	-1,6131	1,3154	0,1369	-0,0774	-0,2738	0,0298	-0,4167	0,2619	0,8154	0,8155	-0,0060	-1,0774
NNTM	-0,5714	0,7143	-0,4464	-0,8393	1,7143	-0,5000	0,0893	0,3214	-0,1250	-0,8214	2,0357	-0,0357	-1,3571	1,1964	-1,3750
NNRAM	-0,7262	1,2202	0,0774	-0,5834	0,7381	-0,9584	0,1488	0,7381	-0,1905	-0,9941	0,8452	0,9166	-0,6905	-0,3809	-0,9226
NNPROD	-3,8512	-0,4940	9,3452	-0,9762	-0,1726	-0,1369	-0,9226	1,6310	0,0595	-4,2083	0,2202	-0,2262	-1,3512	1,8274	-0,7440
NV1G	0,7083	-1,6310	-1,9167	0,4226	1,7083	0,2798	0,9940	1,2083	-1,1310	0,2083	-0,5774	1,0833	-1,4881	1,9226	-1,7917
NV2G	4,1964	1,7857	-0,3572	-16,554	6,7321	2,5000	0,3571	-6,2143	-0,9286	-0,2858	-6,9822	7,5535	18,0714	-6,3929	-3,4822
NV3G	-7,2500	-0,4464	0,2500	-0,5357	15,2321	-7,7679	2,5536	11,7679	1,6608	-6,500	10,8393	-0,6428	-8,8214	-4,4285	-5,9107
NVT	-2,6726	2,2024	-3,4226	-18,583	25,1488	-6,4226	5,2024	6,1666	-0,7262	-7,6726	4,6666	8,8988	8,3809	-9,0119	-12,155
NSV	-0,0977	0,0247	0,1173	0,0014	0,0519	-0,0793	-0,0254	-0,0025	0,1618	-0,0465	0,0714	-0,0705	0,0367	-0,1439	0,0003
PGP	-0,3867	0,1335	-0,0956	-0,3325	1,0680	-0,2900	0,0746	0,2626	0,1094	-0,3158	0,3810	0,2716	-0,0259	-0,2592	-0,5949

1: UFUS 7010; 2: IAC Foscari-31; 3: UFUS 7101; 4: TMG 803; 5: BRS 511. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente; NV1G, NV2G e NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta.

3.3 Agrupamento de médias fenotípicas

Foram formados três agrupamentos para o NDF, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 5 progênes F₂ (25,5 a 29,5 dias), seguido pelo segundo melhor com 9 progênes F₂ (31,0 a 37,7 dias) e o grupo com pior desempenho composto por 1 progênie F₂ (49,0 dias). Da mesma forma, foi verificada a formação de três agrupamentos para o NDM, em que o grupo constituído por 3 progênes F₂ (84,9 a 90,7 dias) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 11 progênes F₂ (96,2 a 109,4 dias) e, por fim, pelo grupo com desempenho inferior aos demais com 1 progênie F₂ (129,6 dias) (Tabela 7).

Tabela 7 – Ciclo e caracteres agrônômicos para cinco progenitores e dez combinações segregantes F₂ conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.

Com bina ção	Caráter								
	NDF	NDM	APF	APV	APM	NNF	NNM	NNRAM	NNPROD
 dias dias cm planta ⁻¹ cm planta ⁻¹ cm planta ⁻¹ nós planta ⁻¹ nós planta ⁻¹ nós planta ⁻¹ nós planta ⁻¹
1x1	34,6 b	97,9 b	25,9 c	9,0 c	60,3 a	9,2 c	17,9 a	2,0 b	13,7 a
1x2	27,6 a	96,2 b	20,6 d	10,8 c	66,6 a	8,1 c	17,2 a	3,7 b	14,4 a
1x3	34,1 b	100,4 b	21,6 d	9,8 c	57,4 a	9,2 c	19,2 a	3,1 b	28,0 a
1x4	32,6 b	104,2 b	30,6 c	10,5 c	67,6 a	9,0 c	16,2 a	5,4 a	14,7 a
1x5	31,0 b	98,1 b	33,2 c	11,3 c	70,3 a	10,2 b	18,0 a	3,1 b	14,1 a
2x2	25,5 a	90,7 a	17,7 d	9,9 c	53,8 a	7,2 c	14,1 b	1,4 b	12,0 a
2x3	29,5 a	100,9 b	19,8 d	10,2 c	61,0 a	8,4 c	17,9 a	3,0 b	15,0 a
2x4	32,5 b	98,2 b	28,9 c	10,5 c	64,2 a	9,4 c	15,9 b	6,5 a	14,6 a
2x5	26,6 a	88,5 a	21,7 d	10,6 c	48,9 a	8,0 c	14,2 b	2,0 b	11,6 a
3x3	33,1 b	102,9 b	24,2 d	10,3 c	62,5 a	9,4 c	20,1 a	2,4 b	15,5 a
3x4	37,7 b	109,4 b	35,7 c	12,4 b	79,7 a	11,2 b	20,7 a	7,1 a	17,0 a
3x5	31,7 b	96,2 b	28,2 c	8,9 c	58,4 a	10,1 b	17,5 a	3,6 b	15,1 a
4x4	49,0 c	129,6 c	62,9 a	15,4 a	74,1 a	13,0 a	15,1 b	8,5 a	12,5 a
4x5	35,6 b	102,6 b	41,7 b	15,2 a	73,3 a	10,5 b	16,5 a	6,0 a	14,2 a
5x5	26,0 a	84,9 a	26,5 c	12,6 b	49,1 a	7,8 c	12,7 b	1,1 b	10,2 a
\bar{x}	32,5	100,1	29,3	11,2	63,2	9,4	16,9	3,9	14,9

Médias seguidas de letras semelhantes nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. 1: UFUS 7010; 2: IAC Foscari-31; 3: UFUS 7101; 4: TMG 803; 5: BRS 511. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente.

No caráter de NDF foi observado que os menores ciclo vegetativos foram obtidos para os genitores IAC Foscari-31 e BRS 511 e para as combinações UFUS 7010 × IAC Foscari-31, IAC Foscari-31 × UFUS 7101 e IAC Foscari-31 × BRS 511. Enquanto que para NDF os menores ciclos totais foram obtidos para os genitores IAC Foscari-31 e BRS 511 e para a combinação IAC Foscari-31 × BRS 511. O maior NDF e NDM foi obtido apenas para o

genitor TMG 803 (Tabela 7). Estes resultados refletiram ao que foi observado em CGC e CEC (Tabela 5 e 6).

No Brasil, o objetivo de muitos programas de melhoramento é a obtenção de genótipos mais precoces, diante da demanda cada vez maior do mercado (DARONCH et al., 2019), e a constante busca para se equilibrar o florescimento e maturidade precoces com alta produção tem sido constantes, visto que estes caracteres são antagonistas (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERI, 2010). As cultivares de soja são classificadas em precoce (111 dias), semiprecoce (112 a 124 dias) e tardia (acima de 125 dias) (ALMEIDA et al., 2013). Todas as combinações geradas se classificaram como precoces para as condições normais de cultivo para a cultura.

Em Coimbatore, na Índia, os valores de NDF para 25 híbridos F_1 obtidos a partir do cruzamento entre 10 genitores, oscilou entre 28,5 a 36,5 dias, com uma média de 33,26 dias para o florescimento, valores similares ao presente estudo, enquanto que para NDM as médias variaram entre 77,0 a 87,0 dias, com média de 82,60 dias (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017). Resultados superiores foram observados em Piracicaba-SP, em que o NDM oscilou entre 118 a 143 dias, com uma média geral de 135 dias para um dialelo parcial com 49 combinações em geração F_2 e 14 genitores (OLIVEIRA et al., 2014).

Em Gurupi-TO, um dialelo balanceado com sete genitores e vinte e uma combinações foi conduzido nas gerações F_1 e F_2 , sendo em casa de vegetação e em campo respectivamente, sendo que os valores de NDF oscilou entre 31 a 46 dias para geração F_1 e de 37 a 45 dias para F_2 , enquanto que para NDM oscilou entre 105 a 116 dias para F_1 e 99 a 116 dias para F_2 (COLOMBO et al., 2018). Estes resultados foram mais altos que os obtidos no presente estudo.

Foram formados quatro agrupamentos para o APF, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 1 progênie F_2 (62,9 cm planta⁻¹), seguido pelo segundo melhor com 1 progênie F_2 (41,7 cm planta⁻¹), o terceiro melhor constituído por 7 progênies F_2 (25,9 a 35,7 cm planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 6 progênies F_2 (17,7 a 24,2 cm planta⁻¹). Da mesma forma, foi verificada a formação de três agrupamentos para o APV, em que o grupo constituído por 2 progênies F_2 (15,2 a 15,4 cm planta⁻¹) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 2 progênies F_2 (12,4 a 12,6 cm planta⁻¹) e, por fim, pelo grupo com desempenho inferior aos demais com 11 progênies F_2 (8,9 a 11,3 cm planta⁻¹). Para a APM houve a formação de apenas um grupo de 15 progênies (48,9 a 79,7 cm planta⁻¹) (Tabela 7).

Em relação ao caráter de APF, o genitor TMG 803 apresentou a maior média, enquanto que a combinação de TMG 803 × BRS 511 apresentou a segunda maior APF. O

caráter de APV o genitor TMG 803 e combinação de TMG 803 \times BRS 511 apresentaram resultados superiores que em relação aos demais tratamentos. Para APM não foram constatadas diferenças significativas entre os genótipos estudados (Tabela 7).

É recomendado que as cultivares comerciais de soja apresentem altura de 50,0 a 60,0 cm para solos com topografia plana e 70,0 a 80,0 cm para topografias acidentadas, plantas com alturas superiores a 90,0 cm favorecem o acamamento (BEZERRA et al., 2017). A APM dos genótipos variaram entre 48,9 (IAC Foscarin-31 \times BRS 511) a 79,7 cm planta⁻¹ (UFUS 7101 \times TMG 803), ou seja, com exceção do genitor BRS 511 (49,1 cm planta⁻¹) e a combinação IAC Foscarin-31 \times BRS 511 (48,9 cm planta⁻¹), todos os genótipos se adequaram ao exigido.

Em relação ao APV as cultivares de soja devem tê-lo variando entre 10,0 a 15,0 cm planta⁻¹ (BEZERRA et al., 2017), de modo a se obter máxima eficiência na colheita. Assim, à exceção dos genitores UFUS 7010 e IAC Foscarin-31 e das combinações UFUS 7010 \times UFUS 7101 e UFUS 7101 \times BRS 511, todos os genótipos se enquadraram a esse intervalo.

Em Coimbatore, na Índia, os valores de APM para 25 híbridos F₁ obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, oscilaram entre 24,85 a 47,90 cm planta⁻¹, com uma média de 35,85 cm planta⁻¹, resultados bem inferiores aos obtidos no presente estudo (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017).

Foram formados três agrupamentos para o NNF, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 1 progênie F₂ (13,0 nós planta⁻¹), seguido pelo segundo melhor com 4 progênies F₂ (10,1 a 11,2 nós planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 10 progênies F₂ (7,2 a 9,4 nós planta⁻¹). Foi verificada a formação de dois agrupamentos para o NNTM, em que o grupo constituído por 10 progênies F₂ (16,2 a 20,7 nós planta⁻¹) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 5 progênies F₂ (12,7 a 15,9 nós planta⁻¹). Para o NNRAM houve a formação de dois agrupamentos sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 5 progênie F₂ (5,4 a 8,5 nós planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 10 progênies F₂ (1,1 a 3,7 nós planta⁻¹). Para a NNPROD houve a formação de apenas um grupo de 15 progênies (10,2 a 28,0 nós planta⁻¹) (Tabela 7).

O maior valor de NNF foi obtido para o genitor TMG 803. Os segundos maiores valores foram observados para os cruzamentos UFUS 7010 \times BRS 511, UFUS 7101 \times TMG 803, UFUS 7101 \times BRS 511 e TMG 803 \times BRS 511. Os genitores UFUS 7010 e UFUS 7101 e as combinações UFUS 7010 \times IAC Foscarin-31, UFUS 7010 \times UFUS 7101, UFUS 7010 \times TMG803, UFUS 7010 \times BRS 511, IAC Foscarin-31 \times UFUS 7101, UFUS 7101 \times

TMG 803, UFUS 7101 \times BRS 511 e TMG 803 \times BRS 511 apresentaram os maiores valores de NNTM (Tabela 7).

Em relação ao caráter de NNRAM o genitor TMG 803 e os cruzamentos UFUS 7010 \times TMG 803, IAC Foscarin-31 \times TMG 803, UFUS 7101 \times TMG 803 e TMG 803 \times BRS 511 apresentaram os maiores valores. Diferentemente de NNPROD que não apresentou diferenças significativas entre os genótipos avaliados (Tabela 7). É recomendado que as cultivares de soja apresentem entre 17 a 18 nós na haste principal de modo a proporcionar bons rendimentos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015), sendo que a média de NNTM se manteve próximo disso.

Em Coimbatore, na Índia, os valores de NNRAM para 25 híbridos F_1 obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, oscilou entre 4,90 a 7,90 nós planta⁻¹, com uma média de 5,95 nós planta⁻¹, resultados bem inferiores aos obtidos no presente estudo (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017).

Foram formados dois agrupamentos para o NV1G, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 7 progênies F_2 (6,5 a 10,1 vagens planta⁻¹), e o grupo com pior desempenho composto por 8 progênies F_2 (1,25 a 5,5 vagens planta⁻¹). Foi verificada a formação de três agrupamentos para o NV2G, em que o grupo constituído por 1 progênie F_2 (108,1 vagens planta⁻¹) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 4 progênies F_2 (38,1 a 49,5 vagens planta⁻¹) e pelo pior agrupamento com 10 progênies F_2 (12,9 a 29,0 vagens planta⁻¹). Para o NV3G houve a formação de dois agrupamentos sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 7 progênies F_2 (26,1 a 40,9 vagens planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 8 progênies F_2 (8,5 a 24,0 vagens planta⁻¹) (Tabela 8).

Em relação aos componentes de produção, os genitores IAC Foscarin-31 e TMG e os cruzamentos UFUS 7010 \times TMG 803, IAC Foscarin-31 \times UFUS 7101, IAC Foscarin-31 \times TMG 803, UFUS 7101 \times TMG 803 e TMG 803 \times BRS 511 apresentaram maior NV1G. Para NV2G as maiores médias foram obtidas para o genitor TMG 803 e as combinações IAC Foscarin-31 \times TMG 803, UFUS 7101 \times TMG 803 e TMG 803 \times BRS 511 (Tabela 8).

Com relação ao caráter de NV3G o genitor UFUS 7101 e as combinações UFUS 7010 \times UFUS 7101, UFUS 7010 \times TMG 803, UFUS 7010 \times BRS 511, IAC Foscarin-31 \times UFUS 7101, IAC Foscarin-31 \times TMG 803 e UFUS 7101 \times TMG 803 apresentaram os maiores valores. Enquanto que para o NVT foi observado que o genitor TMG 803 apresentou o maior valor, enquanto que os segundos maiores foram verificados para os cruzamentos de IAC Foscarin-31 \times TMG 803 e UFUS 7101 \times TMG 803 (Tabela 8).

Tabela 8 – Componentes de produção de cinco progenitores e dez combinações segregantes F₂ conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2021/22.

Com bina ções	Caráter					
	NV1G	NV2G	NV3G	NVT	NSV	PGP
	vagens planta ⁻¹				grãos planta ⁻¹	g planta ⁻¹
1x1	5,2 b	23,5 c	19,9 b	50,4 c	2,22 b	14,12 c
1x2	3,7 b	16,6 c	24, b	50,2 c	2,35 a	18,75 c
1x3	3,0 b	19,9 c	30,7 a	56,25 c	2,43 a	18,75 c
1x4	8,5 a	38,1 b	26,1 a	75,4 c	2,13 c	27,62 b
1x5	5,5 b	27,2 c	36,0 a	72,1 c	2,32 a	26,12 b
2x2	6,5 a	12,9 c	15,0 b	36,6 c	2,26 b	14,25 c
2x3	6,7 a	16,1 c	30,9 a	59,9 c	2,29 b	19,87 c
2x4	10,1 a	44,0 b	36,2 a	95,1 b	2,13 c	35,37 b
2x5	3,5 b	15,1 c	20,2 b	41,2 c	2,44 a	16,75 c
3x3	5,5 b	20,9 c	27,4 a	58,6 c	2,26 b	19,25 c
3x4	7,8 a	48,6 b	40,9 a	105,2 b	2,19 b	38,25 a
3x5	5,2 b	29,0 c	23,5 b	62,5 c	2,19 b	20,62 c
4x4	10,1 a	108,1 a	17,4 b	143,2 a	1,97 d	48,12 a
4x5	9,2 a	49,5 b	15,9 b	78,9 c	1,93 d	26,12 b
5x5	1,25 b	18,2 c	8,5 b	28,75 c	2,22 b	9,87 c
\bar{x}	6,1	32,5	24,9	67,6	2,22	23,59

Médias seguidas de letras semelhantes nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. 1: UFUS 7010; 2: IAC Foscari-31; 3: UFUS 7101; 4: TMG 803; 5: BRS 511. Abreviaturas: NV1G, NV2G e NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta.

Foram formados três agrupamentos para o NVT, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 1 progênie F₂ (143,2 vagens planta⁻¹), seguido do segundo melhor grupo com 2 progênies F₂ (95,1 a 105,2 vagens planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 12 progênies F₂ (28,75 a 78,90 vagens planta⁻¹). Foi verificada a formação de quatro agrupamentos para o NSV, em que o grupo constituído por 4 progênie F₂ (2,32 a 2,44 sementes vagem⁻¹) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 7 progênies F₂ (2,19 a 2,29 sementes vagem⁻¹), e pelo terceiro melhor agrupamento com 2 progênies F₂ (2,13 a 2,13 sementes vagem⁻¹) e pelo pior agrupamento com 2 progênies F₂ (1,93 a 1,97 sementes vagem⁻¹). Para o PGP houve a formação de três agrupamentos sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 2 progênies F₂ (38,25 a 48,12 g planta⁻¹), seguido do segundo melhor agrupamento composto por 4 progênies F₂ (26,12 a 35,37 g planta⁻¹) e o grupo com pior desempenho composto por 9 progênies F₂ (9,87 a 20,62 g planta⁻¹) (Tabela 8).

Em relação ao caráter de NVT, as cultivares nacionais de soja apresentam em média um valor máximo de 80 vagens planta⁻¹ (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). A média geral obtida no presente estudo foi abaixo da média nacional, entretanto, as

combinações IAC Foscarin-31 × TMG 803 e UFUS 7101 × TMG 803 se apresentaram muito superiores à média.

Em Viçosa-MG, foram obtidas médias de NVT oscilando entre 23,53 a 82,80 vagens planta⁻¹, com média geral de 49,25 vagens planta⁻¹ para um dialelo balanceado com seis genitores e 15 combinações em geração F₂ sem recíprocos conforme Griffing (1956) em condições de campo, resultados inferiores ao presente estudo (DARONCH et al., 2014). Por sua vez, em Coimbatore, na Índia, os valores de NVT para 25 híbridos F₁ obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, oscilou entre 52,30 a 138,20 vagens planta⁻¹, com uma média de 87,80 vagens planta⁻¹, resultados superiores aos obtidos no presente estudo (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017).

Em Gurupi-TO, um dialelo balanceado com sete genitores e vinte e uma combinações foi conduzido nas gerações F₁ e F₂, sendo em casa de vegetação e em campo respectivamente, sendo que os valores de NVT oscilou entre 39,6 a 108,0 vagens plantas⁻¹ para geração F₁ e de 26,0 a 81,0 vagens planta⁻¹ para F₂ (COLOMBO et al., 2018).

Para o caráter de NSV as combinações foram superiores em relação aos seus genitores, em que as combinações UFUS 7010 × IAC Foscarin-31, UFUS 7010 × UFUS 7101, UFUS 7010 × BRS 511 e IAC Foscarin-31 × BRS 511 apresentaram a maior quantidade de sementes por vagem. Em relação ao PGP, o genitor que apresentou maior produção foi o TMG 803 juntamente com a combinação UFUS 7101 × TMG 803 (Tabela 8).

Em Coimbatore, na Índia, os valores de NSV para 25 híbridos F₁ obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, oscilaram entre 2,00 a 2,50 sementes vagem⁻¹, com uma média de 2,14 sementes vagem⁻¹, resultados similares aos obtidos no presente estudo (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017). Da mesma forma, em Gurupi-TO, um dialelo balanceado com sete genitores e vinte e uma combinações foi conduzido nas gerações F₁ e F₂, sendo em casa de vegetação e em campo respectivamente, sendo que os valores de NSV oscilaram entre 1,81 a 2,52 sementes vagem⁻¹ para geração F₁ e de 1,68 a 2,15 sementes vagem⁻¹ para F₂ (COLOMBO et al., 2018).

Em Viçosa-MG, foram obtidas médias de PGP oscilando entre 6,84 a 24,38 g planta⁻¹, com média geral de 13,47 g planta⁻¹ para um dialelo balanceado com seis genitores e 15 combinações em geração F₂ sem recíprocos conforme Griffing (1956) em condições de campo, resultados inferiores ao presente estudo (DARONCH et al., 2014). Resultados superiores foram observados em Piracicaba-SP, em que a PGP oscilou entre 47,0 a 162 g planta⁻¹, com uma média geral de 113,4 g planta⁻¹ para um dialelo parcial com 49 genótipos F₂ e 14 genitores (OLIVEIRA et al., 2014).

Em Coimbatore, na Índia, os valores de PGP para 25 híbridos F_1 obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, oscilaram entre 11,07 a 39,59 g planta⁻¹, com uma média de 19,54 g planta⁻¹, resultados próximos aos obtidos no presente estudo (NAGARAJAN; KALAIMAGAL; MURUGAN, 2017). Resultados inferiores foram obtidos em Gurupi-TO, um dialelo balanceado com sete genitores e vinte e uma combinações foi conduzido nas gerações F_1 e F_2 , sendo em casa de vegetação e em campo respectivamente, sendo que os valores de PGP oscilaram entre 8,5 a 24,0 g planta⁻¹ para geração F_1 e de 6,45 a 20,56 g planta⁻¹ para F_2 (COLOMBO et al., 2018).

Como visto, o agrupamento das médias evidenciaram os resultados obtidos para CGC e CEC, uma vez que os cruzamentos IAC Foscarin-31 \times TMG 803 (NNRAM, NV1G, NV2G, NV3G, NVT) e UFUS 7101 \times TMG 803 (NNF, NNTM, NNRAM, NV1G, NV2G, NV3G, NVT e PGP) foram superiores nos principais caracteres. Outro cruzamento que se destacou, por ter proporcionado plantas de maior altura (APF, APV) e maior quantidade de nós (NNF, NNTM, NNRAM) e vagens com 1 e 2 grãos (NV1G e NV2G) foi o TMG 803 \times BRS 511 (Tabela 8).

4 CONCLUSÕES

- A. Foi constatado a predominância do efeito gênico aditivo em todos os caracteres e alta estimativa de herdabilidade para todos os caracteres na análise dos genitores IAC Foscarin-31, UFUS 7010, TMG 803, UFUS 7101 e BRS 511, exceto para APM, NNPROD e NV3G.
- B. Os genitores IAC Foscarin-31 e BRS 511 contribuem para obtenção de populações segregantes precoces, em função da aditividade para redução do número de dias para florescimento e maturidade, enquanto que o genitor TMG 803 contribui para o potencial produtivo devido efeito aditivo para número de vagens totais, com 1 grão e 2 grãos e produção de grãos.
- C. A combinação segregante IAC Foscarin-31 \times TMG 803 se mostrou promissora para a obtenção de populações precoces com alto potencial produtivo e com menor porte.
- D. A combinação segregante UFUS 7101 \times TMG 803 demonstrou ser promissora na obtenção de populações com equilíbrio nos ganhos dos caracteres agronômicos e geração de populações precoces com alto potencial produtivo.
- E. A combinação segregante UFUS 7010 \times BRS 511 apresentou potencial para a obtenção de populações segregantes com alto potencial produtivo.

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético das plantas**. Rio de Janeiro: Edgard Blucher, 1974. 381 p.
- ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. Desempenho agrônomo de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013. Disponível em: <https://cepnor.ufra.edu.br/index.php?journal=ajaes&page=article&op=view&path%5B%5D=539>. Acesso em: 20 jan. 2022.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7044>. Acesso em: 23 jan. 2022.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L. S.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical Aspects of the Development of Cultivars. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (eds.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. Cap. 21. p. 395-411. DOI: 10.1007/978-3-319-57433-2_21
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 8. p. 173-195.
- BHULLAR, G. S.; GILL, K. S.; KHEHRA, A. S. Combining ability analysis over F₁-F₅ generations in diallel crosses of bread wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v. 55, n. 2, p. 77-80, 1979. DOI: 10.1007/BF00285194. Disponível em <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00285194>. Acesso em: 25 dez. 2021.
- BI, Y.; LI, W.; XIAO, J.; LIN, H.; LUI, M.; LIU, M.; LUAN, X.; ZHANG, B.; XIE, X.; GUO, D.; LAI, Y. Heterosis and Combining Ability Estimates in Isoflavone Content Using Different Parental Soybean Accessions: Wild Soybean, a Valuable Germplasm for Soybean Breeding, **PLoS ONE**, [s.l.], v.10, n.1, p1-13, 2015. DOI: 10.1371/journal.pone.0114827. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0114827>. Acesso em: 23 dez. 2021.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2021. 384 p.
- COLOMBO, G. A.; CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 61, p. 1-9, 2018. DOI: 10.22491/rca.2018.2696. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/view/2696>. Acesso em: 21 dez. 2021.
- 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. DOI: 10.4025/actasciagron.v38i4.32629. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/sLvDYF5MYv9kWR5MKgxb6sL/abstract/?lang=en>. Acesso em: 14 ago. 2021.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, M. F. A.; SOUZA, G. A.; RODRIGUES, F. A.; SEDIYAMA, C. S.; BARROS, E. G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 2, p. 215-218, 2011. DOI: 10.1590/S0100-204X2011000200015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/bP8JWmjDymhBdTGLVRyY8fh/?lang=pt>. Acesso em: 23 dez. 2021.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, F. S.; TAVARES, A. T.; SOUZA, C. M. Eficiência ambiental e divergência genética de genótipos de soja na região central do Tocantins. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 28, n. 1, p.1-18, 2019. DOI: 10.32929/2446-8355.2019v28n1p1-18. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2019v28n1p1-18>. Acesso em: 15 jan. 2022.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/18208>. Acesso em: 14 dez. 2021.

DEFELIPO, B.V.; RIBEIRO, A.C. **Análise química do solo**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 1981. 17p. (Boletim Extensão, 29).

DUDLEY, J. W.; MOLL, R. H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 9, p. 257-262, 1969. DOI: 10.2135/cropsci1969.0011183X000900030001x. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1969.0011183X000900030001x>. Acesso em: 17 jan. 2022.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Manual de Métodos de Análise de Solo**. 2. ed. Rio de Janeiro, RJ: EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos, 1997.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja**: Região Central do Brasil 2014. Londrina, PR: EMBRAPA Soja, 2013. 266 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology. 1977. 11 p. (Special Report, 80).

FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada às ciências agrárias**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2018. 588 p.

GAVIOLI, I. L. C.; LEMOS, L. B.; FARINELLI, R.; CAVARIANI, C. Desempenho agrônomo e tecnológico de cultivares de soja convencional e com características especiais para alimentação humana. **Journal of Agronomic Sciences**, Uberlândia, v. 1, n. 1, p. 84-99, 2012.

GERHARDT, I. F. S.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PENA, G. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; LIMA, V. J.; VIVAS, M.; SANTOS, P. H. A. D.; FERREIRA, F. R. A.; FREITAS, M. S. M.;

KAMPHORST, S. H. Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 5, 2019. DOI: 10.1371/journal.pone.0216980. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0216980>. Acesso em: 20 jan. 2022.

GOMES, B. E. L. **Seleção de genitores de soja para produtividade de grãos e precocidade**. 2018. 42 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, Minas Gerais, 2018.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956. DOI: 10.1071/B19560463. Disponível em: <https://www.publish.csiro.au/bi/B19560463>. Acesso em: 26 dez. 2021.

HAYES, H. K.; IMMER, F. R. **Methods of plant breeding**. New York: Mc Graw Hill Book Co., Inc., 1942.

INOCENTE, G.; GARBUGLIO, D. D.; ARAÚJO, P. M.; RUAS, P. M. Heritability and combined parental information to define the number of crosses in circulant diallels. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 21, n. 2, e37472125, 2021. DOI: 10.1590/1984-70332021v21n2c34. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/8gddBxKH356GDPZBx5MMGdc/?lang=en>. Acesso em: 14 dez. 2021.

KAUSHIK, P.; PLAZAS, M.; PROHENS, J.; VILANOVA, S.; GRAMAZIO, P. Diallel genetic analysis for multiple traits in eggplant and assessment of genetic distances for predicting hybrids performance. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 13, n. 6, e0199943, 2018. DOI: 10.1371/journal.pone.0199943. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0199943>. Acesso em: 23 dez. 2021.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para caracteres em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012. DOI: 10.1590/S1806-66902012000300015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/m65YyD8nnLtD7kbP58WVQtd/?lang=pt>. Acesso em: 25 jan. 2022.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 2. p. 27-53.

NAGARAJAN, D.; KALAIMAGAL, T.; MURUGAN, E. Combining Ability Analysis for Yield Component and Biochemical Traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 6, n. 11, p. 2894-2901, 2017. DOI: 10.20546/ijcmas.2017.611.341. Disponível em: <https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=5261&vol=6-11-2017&SNo=341>. Acesso em: 18 dez. 2021.

NASCIMENTO, A. G. G. **Análise dialélica e dissimilaridade genética em soja**. 2021. 69 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, 2022.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. 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. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576>. Acesso em: 28 dez. 2021.

OLIVEIRA, I. J.; VELLO, N. A.; VIEIRA, P. M. J.; WYMINERSKY, P. T. Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [s.l.], v. 57, n.2, p. 178-186, 2014. DOI: 10.1590/S1516-89132014000200004. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/babt/a/ncK37C7k4WGSN6DRctFgzbg/?lang=en>. Acesso em: 23 dez. 2021.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2019.

RIBEIRO, G. H. M. R.; PINTO, C. A. B. P. Potenciais genitores visando o melhoramento de batata para aparência de tubérculos e tolerância ao calor. **Revista Cultura Agrônômica**, Ilha Solteira, v. 29, n. 1, p. 22-37, 2020. DOI: 10.32929/2446-8355.2019v29n1p22-37. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2019v29n1p22-37>. Acesso em: 20 dez. 2021.

ROCHA, G. A. F.; PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A. Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 18, n. 3, p. 267-275, 2018. DOI: 10.1590/1984-70332018v18n3a40. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/DgSRcNgcR857cz4LJyKQYVj/?lang=en>. Acesso em: 19 dez. 2021.

ROCHA, M. R.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JÚNIOR, S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 43, e028018, 2019. DOI: 10.1590/1413-7054201943028018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/cvym94bwtvZYhzcQh7SDFK/?lang=en>. Acesso em: 30 dez. 2021.

SANTOS, H. G.; T., JACOMINE P. K.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. À.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A.; ARAÚJO FILHO, J. C.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. 355 p.

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

SILVA, F. C. S. (ed.). **Manual de análises químicas de solos, plantas e fertilizantes**. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica. 2009.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974. 958p.

SUSANTO, G. W. A. Estimation of gene action through combining ability for maturity in soybean. **SABRAO Journal of Breeding and Genetics**, [s.l.], v. 50, n. 1, p. 62-71, 2018. Disponível em: <http://sabraojournal.org/wp-content/uploads/2018/03/SABRAO-J-Breed-Genet-50-1-62-71-SUSANTO.pdf>. Acesso em: 17 dez. 2021.

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAIO, F. H. R.; GAVA, R.; SILVA JÚNIOR, C. A.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 12, e0226523, 2019. DOI: 10.1371/journal.pone.0226523. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0226523>. Acesso em: 18 dez. 2021.

VALE, N. M.; BARILI, L. D.; OLIVEIRA, H. M.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015. DOI: 10.1590/S0100-204X2015000200006. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/DC9dBgcqsmTqxmzwv8gq5rx/?lang=pt>. Acesso em: 20 jan. 2022.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E. (ed.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. Campinas: Fundação Cargill, 1978.

CAPÍTULO III

PARÂMETROS GENÉTICOS E ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE PROGÊNIES DE SOJA VISANDO PRECOCIDADE E PRODUTIVIDADE DE GRÃOS

RESUMO

Os parâmetros genéticos e as correlações são ferramentas úteis em programas de melhoramento, auxiliando na tomada de decisões sobre o método mais eficiente de seleção de progênies de soja que sejam superiores para caracteres de interesse como precocidade e produtividade de grãos. Objetivou-se determinar parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em 52 genótipos de soja, provenientes de 4 populações e selecionar as progênies superiores para precocidade e produtividade de grãos. O experimento foi conduzido na safra 2020/21, em delineamento em blocos casualizados composto por 55 tratamentos, isto é, quatro populações segregantes RCF_{3:4} e três testemunhas (UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560). Foram avaliados caracteres agrônômicos e de produtividade. Os dados foram submetidos à análise de variância, os agrupamentos pelo teste Scott-Knott, à correlação fenotípica pelo teste de t e correlação genotípica e, por fim, aos índices de seleção. Foi verificada a existência de variabilidade genética apenas para os caracteres de número de dias para florescimento (NDF) e maturidade (NDM), altura no florescimento, maturidade (APM) e de inserção da primeira vagem, número de nós no florescimento e maturidade (NNTM), número de sementes de vagem (NSV) e produtividade. Para os caracteres de NDF, NDM, APM e NNTM foi observada estimativa de herdabilidade alta e condição favorável à seleção. Foi constatada a existência de correlações entre os caracteres com predominância de causas genéticas, sugerindo também o estudo de seleção indireta nas progênies RCF_{3:4} avaliadas. Pelo método de Mulamba e Mock foi obtido o maior ganho de seleção, porém para método de índice da distância genótipo-ideótipo foram obtidos maiores ganhos para componentes de produção, portanto, foram selecionadas 15 progênies RCF_{3:4} superiores precoces e produtivas com ciclo entre 79,0 a 105,0 dias e produção de 302,5 a 463,0 g parcela⁻¹.

Palavras-chave: índices de seleção; melhoramento de soja; população segregante.

GENETIC PARAMETERS AND SELECTION STRATEGIES FOR SOYBEAN PROGENIES AIMING AT PRECOCITY AND GRAIN YIELD

ABSTRACT

Genetic parameters and correlations are useful tools in breeding programs, helping to make decisions about the most efficient method to select soybean progenies as those superior for traits of interest such as precocity and grain yield. The objective was to determine genetic parameters and correlations between characters in 52 soybean genotypes, from 4 populations and to select the superior progenies for early cycle and grain yield. The experiment was carried out in the 2020/21 season, in a randomized block design consisting of 55 treatments, that is, four segregating populations RCF_{3:4} and three controls (UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560). Agronomic and yield traits were evaluated. Data were subjected to analysis of variance, clustering using the Scott-Knott test, phenotypic correlation using the t test and genotypic correlation and, finally, selection indices. The existence of genetic variability was verified for the characters number of days to flowering (NDF) and maturity (NDM), height at flowering, maturity (APM), insertion of the first pod, number of nodes at flowering and maturity (NNTM), seed number per pod (NSV) and productivity. For NDF, NDM, APM and NNTM characters, high heritability and favorable conditions for selection were observed. Correlations were found between the traits of predominance genetic causes, also suggesting the study of indirect selection in the evaluated RCF_{3:4} progenies. By the Mulamba and Mock method, the highest selection gain was obtained, however, for the genotype-ideotype distance index method, greater gains were obtained for production components, therefore, 15 early cycle and productive superior RCF_{3:4} progenies were selected with a cycle between 79.0 and 105.0 days and production of 302.5 to 463.0 g plot⁻¹.

Keywords: selection indices; soy breeding; segregating population.

1 INTRODUÇÃO

O sucesso do melhoramento genético vegetal de qualquer cultura agrícola de importância socioeconômica depende diretamente da existência da variabilidade genética, a qual possibilita a seleção de genótipos de soja que sejam superiores em relação aos cultivares existentes (CARNEIRO et al., 2021; LEITE et al., 2016). Estes novos genótipos devem apresentar de maneira simultânea um conjunto de características favoráveis que proporcionem o aumento significativo da produtividade de grãos e atender às demandas do mercado (VIANNA et al., 2019).

Avaliar a variabilidade genética existente em uma determinada população é de extrema importância para guiar o melhorista, visto que permite ampliar e expor o pool genético, enquanto que as informações sobre a dimensão do controle genético de um dado caráter é dado por meio da herdabilidade (ONWUBIKO; UGURU; CHIMDI, 2019). Além do mais, permite que seja realizada seleção nas primeiras gerações de forma eficaz, o que traz economia de tempo e recursos físicos e financeiros ao permitir a remoção de descendentes de baixo potencial genético (SILVA et al., 2021).

No processo de melhoramento da soja, é comum que após o cruzamento de genitores promissores e o desenvolvimento de populações endogâmicas através da hibridação artificial, sejam avaliadas as progênies resultantes de plantas endogâmicas com base na aparência ou pontuação fenotípica para avanço em testes replicados e eventual liberação de cultivares (SMALLWOOD et al., 2019). A aplicação deste método conferiu um aumento médio de 15,1 kg ha⁻¹ (0,6% ao ano) na produtividade da soja entre as décadas de 1920 e 1980 (SPECHT; WILLIAM, 1984), e da década de 1980 até a atualidade o ganho médio tem variado de 1,5 a 2,0% ao ano no Brasil (FELIPE; GERDE; LEITE et al., 2015; ROTUNDO, 2016).

A maioria dos caracteres agronômicos de importância econômica na cultura da soja são de natureza quantitativa estando intrinsecamente correlacionados entre si, o que torna o processo de seleção de genótipos superiores complexo (LEITE et al., 2018), tornando necessária a análise simultânea dos caracteres durante o processo de seleção (SILVA et al., 2018). Isto pode ser efetuado por meio de estimativa de parâmetros genéticos, que permitem identificar e estudar os caracteres de interesse. Enquanto que a análise da correlação entre caracteres agronômicos permite verificar se a variação observada em um caráter pode influenciar a variação observada em outro caráter (GESTEIRA et al., 2018).

A estimativa destas variáveis permite escolher o método mais adequado de seleção (HAMAWAKI et al., 2012; BALDISSERA et al., 2014). Os índices de seleção permitem a

seleção simultânea eficiente de caracteres (SILVA et al., 2021), sendo que alguns dos mais empregados são os baseados no índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e no índice de distância genótipo-ideótipo (CRUZ et al., 2017).

Vale ressaltar, que boa parte dos programas brasileiros de melhoramento de soja têm buscado desenvolver cultivares cada vez mais precoces, tendo em vista antecipar a colheita e possibilitar a semeadura da safrinha em sucessão, além de conferir melhor manejo de doenças (BEZERRA et al., 2017; HARTMAN; SIKORA; RUPE, 2015; SPEHAR et al., 2014). Porém, a precocidade pode incidir de forma negativa sobre a produtividade de grãos, uma vez, que existe uma correlação positiva e de grande magnitude entre produtividade de grãos e maturidade absoluta da soja, em outras palavras, a redução do ciclo, em tese, reduziria o rendimento de grãos (GESTEIRA et al., 2018).

Desta forma, o presente estudo teve por objetivo estimar parâmetros genéticos e correlações entre caracteres de interesse agrônômico em quatro populações segregantes RCF_{3;4} de soja e selecionar as progênies superiores simultaneamente para precocidade e produtividade.

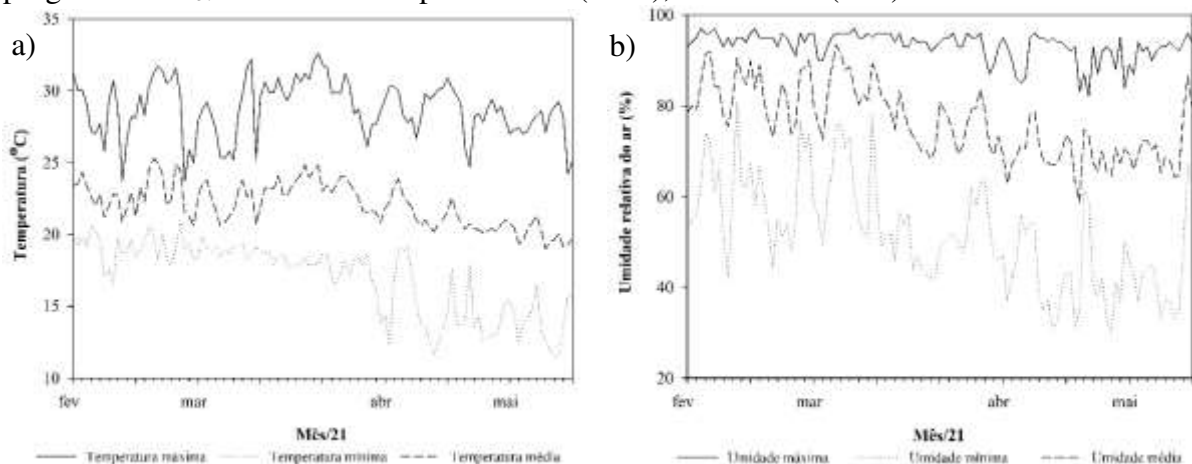
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Caracterização da área experimental

O experimento de progênies RCF_{3:4} foi conduzido em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), locada na Fazenda Experimental Capim Branco, cujo georeferenciamento é 18°52' de latitude S, 48°20' de longitude W e 835 m de altitude, no município de Uberlândia (MG). O experimento foi realizado na safra agrícola 2020/21 (Fevereiro à Maio/21).

Segundo a classificação climática de Köppen e Geiger (1936), o clima da região é classificado em *Aw*, isto é, megatérmico, tropical com verão chuvoso (novembro à abril) e inverno seco (maio à outubro). A temperatura média é de 22,6°C e a precipitação média anual é de 1487 mm (PETRUCCI; OLIVEIRA, 2019). Durante o experimento foram coletados os parâmetros meteorológicos de umidade média, mínima e máxima relativa do ar (%UR) (Figura 1a), temperaturas média, mínima e máxima do ar (°C) (Figura 1b) e precipitação pluviométrica (mm) através da Estação Meteorológica Capim Branco (18°52'52,5" latitude S e 48°20'37,3" de longitude W).

Figura 1 – Umidade média, mínima, máxima relativa do ar (a) e temperatura média, mínima e máxima do ar (a) de fevereiro a maio de 2021, durante a condução em campo do teste de progênies RCF_{3:4} na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia (MG).



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (UFU).

A precipitação acumulada foi de 176,4 mm, 81,5 mm, 42,5 e 15,9 para fevereiro, março, abril e maio de 2021, respectivamente. Vale acrescentar que o solo da área

experimental era classificado como Latossolo Vermelho Escuro Distrófico (SANTOS et al., 2018).

2.2 Esquema experimental

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados composto por 55 tratamentos, os quais eram constituídos por 4 populações segregantes $RCF_{3;4}$ advindas de retrocruzamentos simples, sendo elas PS-A: UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada TMG 801 com 10 progênies $RCF_{3;4}$; a PS-B: UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada com UFUS 7010 com 11 progênies $RCF_{3;4}$; PS-C: UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com BRSG 7560 com 16 progênies $RCF_{3;4}$ e, por fim, PS-D: UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com UFUS 7010 com 15 progênies $RCF_{3;4}$. As testemunhas utilizadas foram UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560. Cada tratamento teve 2 repetições. Cada parcela experimental foi composta por uma linha de 5,0 m de comprimento, espaçada das demais por 0,5 m, com densidade de semeadura de 20 sementes por metro linear.

2.3 Instalação e condução do experimento

2.3.1 Preparo e adubação do solo

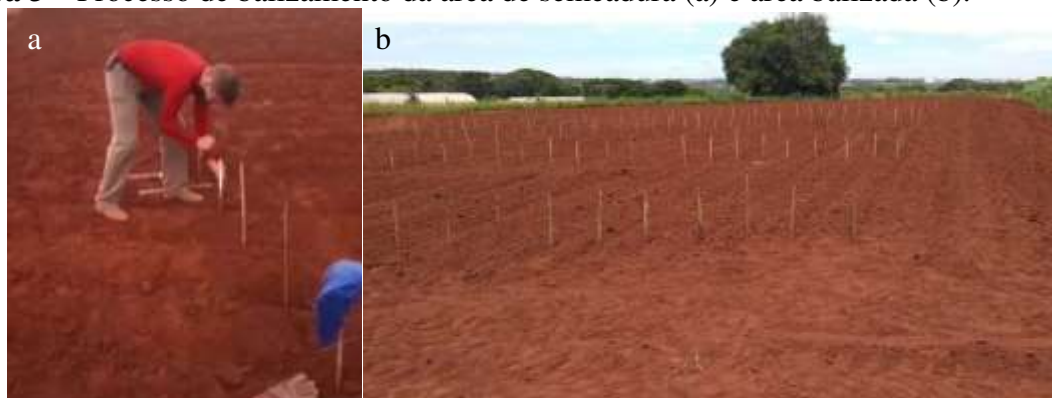
O solo da área experimental foi previamente preparado pelo sistema convencional, em que as operações realizadas foram uma subsolagem do solo, uma aração, duas gradagens e uma nivelção e, por fim, foi feita a abertura das linhas com semeadora, com posterior balizamento da área experimental (Figura 2 e 3). A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com, aproximadamente, 5,0 cm de profundidade, empregando-se 400 kg ha^{-1} da fórmula NPK 08-28-16.

Figura 2 – Área experimental preparada convencionalmente (a) e abertura de linhas (b).



Fonte: O autor.

Figura 3 – Processo de balizamento da área de semeadura (a) e área balizada (b).



Fonte: O autor.

2.3.2 Tratamento de sementes e semeadura

As sementes de soja das progênies e seus genitores foram tratadas e inoculadas na data de semeadura. O tratamento das sementes foi realizado em copo descartável utilizando calda contendo inseticida sistêmico composto por 600 g L⁻¹ Imidacloprido na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹, fungicida sistêmico composto por 10 g L⁻¹ Ipconazol e 350 g L⁻¹ Tiram na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹ e um enraizador composto por 2% (24,2 g L⁻¹) de Molibdênio e 4,0% (48,4 g L⁻¹) de Zinco na dose de 200 mL 100 kg sementes⁻¹ (Figura 4).

Após a secagem do tratamento químico, foi realizada a inoculação das sementes com a bactéria fixadora de nitrogênio *Bradyrhizobium japonicum*, utilizando o inoculante turfoso Bioma Brady Turfoso, contendo as cepas SEMIA 5079 e SEMIA 5080 com a concentração de 5 x 10⁹ células viáveis g⁻¹.

A semeadura das sementes ocorre em 01 de fevereiro de 2021, a uma profundidade aproximada de 2,0 cm. A distribuição das sementes ocorreu no esquema de parcelas de progênies com parcelas dos genitores intercalados. A cada 20 parcelas de progênies RCF_{3;4} foi colocada uma parcela do genitor.

Figura 4 – Separação de sementes (a), tratamento das sementes para a semeadura (b) e acondicionamento em saquinhos de papel.



Fonte: O autor.

2.3.3 Manejo fitossanitário

Após a semeadura foi realizada a aplicação, com auxílio de um pulverizador costal manual de 20 L o herbicida seletivo de pré-emergência composto por 960,0 g L⁻¹ de S-Metolacolor e 46,2 g L⁻¹ de Nafta de Petróleo na dose de 1,0 L p.c. ha⁻¹. Para controle de planta daninha foi realizada capina manual em 04 de março de 2021 (Figura 5).

Figura 5 – Experimento após operação de capina em 04 de março de 2021.



Fonte: O autor.

Em relação ao controle fitossanitário, foi realizado em 22 de fevereiro de 2021 a aplicação dos defensivos: inseticida de contato e ingestão composto por 480,0 g L⁻¹ de clorpirifós na dose de 500,0 mL p.c. ha⁻¹, o inseticida de contato e ingestão, translaminar e sistêmico composto por 200,0 g L⁻¹ de Acetamiprido e 100,0 g L⁻¹ de Piriproxifem na dose de 300,0 mL p.c. ha⁻¹. Em 29 de março de 2021 (Figura 6) foram aplicados os defensivos: o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150,0 g L⁻¹ de Trifloxistrobina e 175,0 g L⁻¹ de Protiocanazol na dose de 400,0 mL p.c. ha⁻¹, fungicida de contato composto por 750,0 g kg⁻¹ de mancozebe na dose de 2,0 kg p.c. ha⁻¹, do inseticida sistêmico, de contato e ingestão composto por 141,0 g L⁻¹ de Tiametoxam e 106,0 g L⁻¹ de Lambda-Cialotrina na dose de 250,0 mL p.c. ha⁻¹ e de um adjuvante na dose de 50 mL ha⁻¹ (Figura 7).

Figura 6 – Cenário experimental em 29 de março de 2021 do experimento de 4 populações segregantes RCF_{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.



Fonte: O autor.

No dia 09 de abril de 2021 foram aplicados os defensivos: o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150,0 g L⁻¹ de Trifloxistrobina e 175,0 g L⁻¹ de Protiocanazol na dose de 400,0 mL p.c. ha⁻¹, o fungicida de contato composto por 800,0 g kg⁻¹ de Mancozebe na dose de 2,0 kg p.c. ha⁻¹, um fertilizante foliar composto por 45 g L⁻¹ de N na dose de 150 mL p.c. ha⁻¹ e o inseticida de contato, ingestão e sistêmico composto por 750,0 g kg⁻¹ de acefato na dose de 1 kg p.c. ha⁻¹. Em 30 de abril de 2021 (Figura 8) foram aplicados os defensivos: o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150,0 g L⁻¹ de Trifloxistrobina e 175,0 g L⁻¹ de Protiocanazol na dose de 400,0 mL p.c. ha⁻¹, o inseticida sistêmico, de contato e ingestão composto por 141,0 g L⁻¹ de Tiametoxam e 106,0 g L⁻¹ de Lambda-Cialotrina na dose de 500

mL p.c. ha⁻¹ e um adjuvante na dose de 150 mL ha⁻¹. Todas as aplicações foram realizadas utilizando uma calda de 200,0 L e uma vazão de 133,33 L ha⁻¹

Figura 7 – Operação de pulverização de defensivos agrícolas no experimento de 4 populações segregantes RCF_{3;4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.



Fonte: O autor.

2.3.4 Complementação nutricional

No estágio fenológico V₄ (quatro nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas), de acordo com a escala de desenvolvimento da soja de Fehr e Caviness (1977), foi realizada a aplicação via foliar de um fertilizante comercial composto por 4% (50,0 g L⁻¹) de nitrogênio total; 6% (75,0 g L⁻¹) de carbono orgânico total e aminoácidos livres; 1% (12,5 g L⁻¹) de cobalto; 5% (62,5 g L⁻¹) de molibdênio; 7% de agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos a uma dose de 100 mL ha⁻¹, utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹. Para esta operação foi utilizado um pulverizador manual 20 L de calda, com pressão constante de 2 BAR (ou 29 PSI), uma vazão de 0,35 L minuto⁻¹. Ainda foi realizada a adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) (60% K₂O) a lanço na dose de 150 kg ha⁻¹.

Figura 8 – Cenário experimental em 24 de abril de 2021 do experimento de 4 populações segregantes RCF_{3;4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.

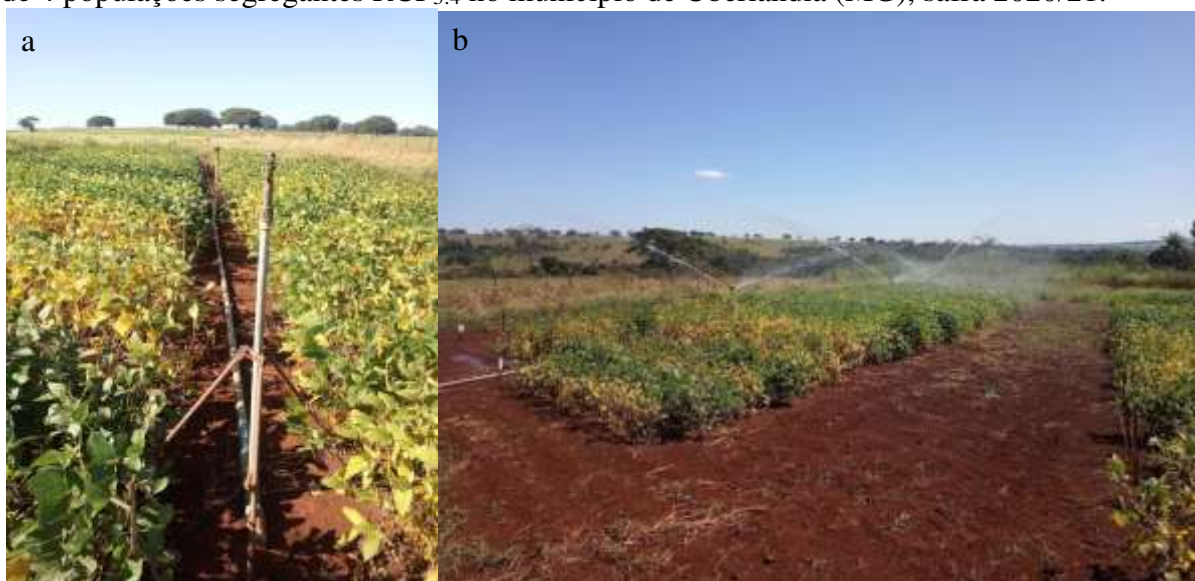


Fonte: O autor.

2.3.5 Complementação hídrica

Após sete dias sem precipitação pluviométrica, realizou em 22 de abril de 2021 a irrigação, com aspersor, utilizando uma lâmina de água de 20 mm durante uma hora. A operação foi repetida em 27 de abril e 05 de maio de 2021 (Figura 9).

Figura 9 – Montagem do sistema de irrigação (a) e operação de irrigação (b) no experimento de 4 populações segregantes RCF_{3:4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.



Fonte: O autor.

2.4 Seleção e caracteres avaliados

O experimento foi avaliado para os caracteres agronômicos e componentes de produção nos estádios fenológicos R₁ (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal) e R₈ (95% das vagens na cor do genótipo) de acordo com a classificação de Fehr e Caviness (1977). Para todos os caracteres, com exceção da produção de grãos por parcela, foram amostradas as 5 plantas fenotipicamente superiores (Figura 10), seguindo os atributos agronômicos preconizados por Bezerra et al. (2017) para o desenvolvimento de cultivares, tais como precocidade, planta ereta, altura de planta próxima a faixa de 60,0 a 70,0 cm, altura de inserção da primeira vagem variando próxima a 10,0 a 15,0 cm, resistência à deiscência de vagens e quantidade de vagens. Assim, os caracteres obtidos foram:

- Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até o início do florescimento (estádio fenológico R₁), resultado final foi expresso em dias (Figura 11a);

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em dias;
- Altura da planta no florescimento (APF): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma régua milimetrada no estágio fenológico R₁, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹ (Figura 11b);
- Altura de inserção da primeira vagem (APV): foi mensurada a distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal no estágio fenológico R₈, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹;
- Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma régua milimetrada no estágio fenológico R₈, o resultado final foi expresso em cm planta⁻¹;
- Número de nós no florescimento (NNF): contagem manual do número de nós na haste principal no estágio fenológico R₁, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹ (Figura 11c);
- Número de nós totais na maturidade (NNTM): contagem manual do número total de nós na haste principal no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós ramificados na maturidade (NNRAM): número total de nós com ramificações da haste principal no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós produtivos na maturidade (NNPROD): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens no estágio fenológico R₈, resultado final foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de vagens com 1 grão (NV1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 2 grãos (NV2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 3 grãos (NV3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de sementes por vagem (NSV): contagem do número de sementes por vagem, posterior a colheita, resultado final foi expresso em sementes planta⁻¹.

- Produção de grãos por parcela (PROD): peso total de grãos de soja produzidos por parcela, expresso em gramas.

Figura 10 – Plantas fenotipicamente superiores da parcela do experimento de 4 populações segregantes RCF_{3;4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.



Fonte: O autor.

Figura 11 – Avaliação da data de florescimento (a), altura de plantas no florescimento (b) e número de nós no florescimento (c) de 4 populações segregantes RCF_{3;4} no município de Uberlândia (MG), safra 2020/21.



Fonte: O autor.

2.5 Análise estatística dos dados

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variabilidade genética para os caracteres de estudo. Foi seguido o modelo estatístico descrito pela Equação 1, levando-se em consideração o delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \text{ (Eq. 1)}$$

Em que:

Y_{ij} : valor de cada caráter em uma parcela que compreende o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j;

ε_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

A ANOVA e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott foram executados por meio do software estatístico R versão 3.6.2 (R CORE TEAM, 2019), com scripts desenvolvidos para o pacote de dados ExpDes.pt versão 1.2 (FERREIRA; CAVALCANTI; NOGUEIRA, 2010). As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016). As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Em seguida foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos das populações segregantes.

O coeficientes de variação genotípica (CVg) (Eq. 2) e ambiental (CVe) (Eq. 3) e a razão CVg/CVe (Eq. 4), por meio das expressões a seguir:

$$CVg = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \times 100 \text{ (Eq. 2); } CVe = \frac{\sqrt{\sigma_e^2}}{\mu} \times 100 \text{ (Eq. 3); } CVg/CVe = \frac{CVg}{CVe} \text{ (Eq. 4)}$$

Em que:

CVg: coeficiente de variação genotípica (CVg);

CVe: coeficiente de variação ambiental (CVe);

CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genotípica e coeficiente de variação ambiental;

$\sqrt{\sigma_g^2}$: variância genotípica;

$\sqrt{\sigma_e^2}$: variância ambiental;

μ : média geral do caráter.

Ainda, foi estimado o parâmetro herdabilidade no sentido amplo com base na Equação 5:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{QMT}{r}} \text{ (Eq. 5)}$$

$$\sigma_g^2 = \frac{QMT - QMR}{r} \text{ (Eq. 6)}$$

Em que:

h_a^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

σ_g^2 : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas seguindo as Equações 7 e 8, sendo que a significância da correlação fenotípica foi estimada pelo *test t* com (n-2) graus de liberdade, em que n refere-se ao número de genótipos avaliados.

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}} \text{ (Eq. 7)}$$

Em que:

r_f : estimador de correlação fenotípica;

PMG_{xy} : produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG_x : quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;

QMG_y : quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y.

$$r_g = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})/r}{\sqrt{\sigma_{g(x)}\sigma_{g(y)}}} = \frac{\sigma_{g(xy)}}{\sqrt{\sigma_{g(x)}^2\sigma_{g(y)}^2}} \text{ (Eq. 8)}$$

Em que:

r_g : estimador de correlação genotípica;

$\sigma_{g(xy)}$: estimador da covariância genotípica;

$\sigma_{g(x)}$ e $\sigma_{g(y)}$: estimador das variâncias genotípicas dos caracteres X e Y, respectivamente.

As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por diferentes estratégias de seleção:

- Seleção direta e indireta (CRUZ et al, 2017);
- Índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978)

c) Índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ et al., 2017).

Assim, para realizar a seleção de progênes superiores, foi estabelecido como critérios de seleção a redução dos caracteres de ciclo e aumento dos demais caracteres de estudo. De modo a determinar os ganhos de seleção (GS), foi adotada a proporção de 25% das melhores progênes, sendo os GS para seleção indireta e direta baseados no diferencial de seleção pelas Equações 9 e 10.

$$GS_i = (X_{si} - X_{oi})h_i^2 = DS_i h_i^2 \text{ (Eq. 9)}$$

Em que:

GS_i : ganho de seleção direto no i-ésimo caráter;

X_{si} : média das progênes selecionadas para o caráter i;

X_{oi} : media original da população para o caráter i;

h_i^2 : herdabilidade do caráter i;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população.

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h_i^2 \text{ (Eq. 10)}$$

Em que:

$GS_{j(i)}$: ganho de seleção indireto no j-ésimo caráter pela ação no i-ésimo caráter;

$DS_{j(i)}$: diferencial de seleção indireto obtido em função da média do caráter j nos indivíduos selecionados com base no caráter i.

h_i^2 : herdabilidade do caráter i;

Para o índice de somas de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) foram somadas as ordens de cada progênie, resultando no índice de seleção, como descrito pela Equação 11 e 12.

$$I_i = r_{i1} + r_{i2} + \dots + r_{in} \text{ (Eq. 11)}$$

Os pesos foram dados por:

$$I_i = p_{i1}r_1 + p_{i2}r_2 + \dots + p_{in}r_n \text{ (Eq. 12)}$$

Em que:

I_i : valor do índice para a progênie i;

r_{ij} : classificação (ou “rank”) da progênie i em relação ao j-ésimo caráter;

n: número de caracteres considerado no índice.

p_j : peso econômico atribuído ao j-ésimo caráter.

No índice da distância genótipo-ideótipo (DGI) (CRUZ et al., 2017), foram calculados a média e o máximo e o mínimo dos valores para cada variável. Considerou-se X_{ij} como o

valor fenotípico médio do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima característica. Também considerou-se o valor Y_{ij} que representa o valor fenotípico médio transformado, e C_j uma constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim, teve-se: LI_j como limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica j, LS_j como limite superior a ser apresentado pelo genótipo e VO_j como valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

$$\text{Se } LI_j \leq X_{ij} \leq, \text{ então } Y_{ij} = X_{ij}$$

$$\text{Se } X_{ij} < LI_j, Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$$

$$\text{Se } X_{ij} > LS_j, Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j - C_j$$

Em que:

LI_j : limite inferior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j;

LS_j : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o caráter j;

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Foi considerado que $C_j = LS_j - LI_j$. Assim, o valor da constante C_j garantiu que qualquer valor de X_{ij} que estivesse próximo do intervalo que era satisfatório retornasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j). Dessa forma, os valores Y_{ij} obtidos por transformação foram padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter pela Equação 13.

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)} \quad (\text{Eq. 13})$$

Em que:

$S(Y_j)$: desvio-padrão dos valores fenotípicos médios obtidos pela transformação;

a_j : peso ou valor econômico da característica.

O valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi calculado de acordo com a Equação 14:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)} \quad (\text{Eq. 14})$$

A seguir foram estimados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a Equação 15.

$$IDGI = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - VO_j)^2}$$

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estimativas de parâmetros genéticos

Foram verificadas diferenças significativas pelo teste F de Snedecor ao nível de 1% e 0,1% de probabilidade para os caracteres de NDF, NDM, APF, APV, APM, NNF, NNTM, NSV e PROD. Isto demonstrou a existência de variabilidade genética entre as progênes RCF_{3:4} das quatro populações segregantes avaliadas, o que possibilita a seleção de progênes promissoras baseado nestes caracteres (Tabela 1).

Tabela 1 – Quadrado médio do genótipo (QMG), coeficiente de variação (CV), herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/CVe) de caracteres agrônômicos de progênes RCF_{3:4} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.

Caráter	Parâmetros genéticos			
	QMG	CV (%)	h_a^2 (%)	CVg/CVe
NDF	21,40***	6,49	72,37	1,14
NDM	144,36***	3,85	92,21	2,43
APF	78,97**	11,74	54,64	0,78
APV	22,25***	22,37	64,97	0,96
APM	193,72***	11,47	79,07	1,37
NNF	1,01**	7,00	55,07	0,78
NNTM	5,40***	7,58	80,08	1,42
NNRAM	3,55 ^{ns}	40,33	23,19	0,39
NNPROD	3,41 ^{ns}	14,78	27,90	0,44
NV1G	8,46 ^{ns}	35,26	0,00	0,00
NV2G	40,66 ^{ns}	30,64	9,27	0,23
NV3G	66,64 ^{ns}	37,27	23,29	0,39
NVT	134,34 ^{ns}	29,10	0,00	0,00
NSV	0,02***	4,13	65,02	0,96
PROD	12032,11***	21,55	59,67	0,86

***Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. **Significativo ao nível de 1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. ^{ns}: Não significativo. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente; NV1G, NV2G e NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos por parcela.

Para os programas de melhoramento um pré-requisito é a existência de variabilidade genética para análise da viabilidade do processo seletivo (SOARES et al., 2020). Por sua vez, para os caracteres de NNRAM, NNPROD, NV1G, NV2G, NV3G e NVT não foi constatada variância genética (Tabela 1).

O coeficiente de variação (CV) oscilou entre 3,85% a 40,33% para os caracteres de NDM e NNRAM, respectivamente (Tabela 1). De acordo com Ferreira (2018) é esperado que o CV de ensaios agropecuários não ultrapasse 20%, entretanto, o mesmo autor afirma que há circunstâncias, em que CV's superiores a 20% são aceitáveis, como no caso de estudos realizados com as primeiras gerações de soja, nos quais sido verificados altos CV's (SANTOS et al., 2018; SANTOS et al., 2019; BIANCHI et al., 2020; CARNEIRO et al., 2021; SILVA et al., 2021). Assim, estes altos CV's podem ser justificados pelo fato que a maior parte dos caracteres de estudo serem de natureza quantitativa, altamente influenciados pelo ambiente, bem como pelas diferenças genéticas e fenotípicas das populações, ainda em segregação, o que resulta em uma alta dispersão dos dados experimentais (SILVA et al., 2021).

Foi verificado que a estimativa de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) oscilou entre 0,00 a 92,21% (Tabela 1). Conforme a classificação proposta por Falconer e Mackay (1996), os caracteres NV1G, NV2G e NVT apresentaram coeficiente de herdabilidade baixo, enquanto que os caracteres NNRAM, NNPROD e NV3G apresentaram coeficiente de herdabilidade médio, contudo os caracteres NDF, NDM, APF, APV, APM, NNF, NNTM, NSV e PROD foram classificados com alto coeficiente de herdabilidade.

Os caracteres NDF, NDM, APM e NNTM apresentaram valores de h_a^2 superiores à 70%, o que de acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) denota que estes obtiveram altas estimativas, logo, o fenótipo pode ser considerado totalmente determinado pelo genótipo. Estes resultados indicam probabilidade de sucesso na seleção de genótipos com superioridade em gerações iniciais nas quatro populações estudadas. Entretanto, para os demais caracteres com baixa h_a^2 , deve-se realizar a seleção em gerações avançadas, quando estas apresentarão maior homozigose.

As progênie segregantes $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$, provenientes do cruzamento P 98Y11 RR × BRS Favorita RR, semeadas em três localidades (Lavras-MG, Itutinga-MG e Ijaci-MG) nas safras 2016/17 e 2017/18 forneceram altas estimativas de herdabilidade para os caracteres de NDF (94%), NDM (94%), APV (62%), APM (86%) e acamamento (75%) e média estimativa para produtividade de grãos (33%) (BIANCHI et al., 2020), resultados semelhantes aos obtidos no presente estudo. Da mesma forma, foi obtido das progênie $F_{2:3}$ de 229 plantas F_2 de soja, provenientes do cruzamento IAC-100 × CD215 semeadas em Anhumas-SP na safra 2008/09, altas estimativas de herdabilidade para os caracteres de NDF (84,41%), NDM (80,96%), APF (81,12%), APM (90,02%) e PROD (70,90%) (SANTOS et al., 2018).

Resultados distintos foram obtidos para 145 progênies $F_{2:3}$, provenientes dos cruzamentos entre UFUS 7415 \times TMG 7161 RR e semeada no município de Uberlândia - MG na safra 2017/18, as quais forneceram altas estimativas de herdabilidade apenas para os caracteres de NDM (73,21%) e APM (83,46%) (SILVA et al., 2021). Por sua vez, foram verificadas altas estimativas de herdabilidade para os caracteres de NDF (96,42%), NDM (94,35%), APM (85,26 %), NNTM (87,32 %) e, diferentemente do presente trabalho para NNF (73,02 %), APF (82,25%) e NNRAM (92,69%) de 21 linhagens de soja avaliadas na safra 2015/16 no município de Uberlândia-MG (MACHADO et al., 2017).

A razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e) é um indicador eficiente em relação ao grau de obtenção de ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores. Assim, as condições são favoráveis para seleção quando este indicador apresenta unidades superiores ou iguais a 1,0 (LEITE et al. 2016). Nestas condições, os ganhos de seleção são significativos ao se aplicar métodos simples de seleção (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Assim, as razões CV_g/CV_e observadas foram iguais ou superiores a 1,0 para os caracteres de NDF, NDM, APM e NNTM, evidenciando situação favorável para seleção (Tabela 1). Da mesma forma, foram verificadas condições favoráveis à seleção em progênies $F_{3:4}$ de duas populações segregantes de soja, oriundas do cruzamento entre BRSMG 790A \times BRSMG 810C, semeadas em Jaboticabal-SP na safra 2015/16, uma vez que apresentaram relação CV_g/CV_e igual ou superior a 1,0 para os caracteres NDM (1,82 e 1,58 população A e B, respectivamente) e NNTM (1,01 e 1,04 para população A e B, respectivamente). A APM (0,48 e 0,52 para população A e B, respectivamente) das mesmas progênies, porém, apresentou valores inferiores a 1,0, diferentemente do presente estudo (AZEVEDO et al., 2021).

Resultados semelhantes foram verificados para 20 progênies F_2 oriundas de 20 cruzamentos distintos, semeadas em Brasília-DF na safra 2013/14, que apresentaram condições favoráveis à seleção para os caracteres de NDM (1,49) e APM (1,56) e desfavoráveis para APV (0,46), NVT (0,58) e rendimento de grãos (0,58) (SANTOS et al., 2019). Para 145 progênies $F_{2:3}$, provenientes dos cruzamentos entre UFUS 7415 \times TMG 7161 RR e semeada no município de Uberlândia - MG na safra 2017/18, as condições foram favoráveis à seleção de modo semelhante ao presente estudo para os caracteres de NDF (1,05), NDM (1,17), APM (1,59) e, diferentemente do presente estudo, ainda foi favorável para NNPRO (8,29) e desfavorável para NNTM (0,47) (SILVA et al., 2021).

3.2 Agrupamento das médias fenotípicas

Foi verificada a formação de diferentes grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a uma probabilidade de 5% para a maioria dos caracteres agrônômicos avaliados. A amplitude das médias de cada um dos grupos dentro dos caracteres se encontra exposta na Tabela 2.

Tabela 2 – Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agrônômicos de progênies RCF_{3;4} de 4 populações segregantes de soja e suas testemunhas conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.

Caráter	Número de progênies	Amplitude das médias	Grupo
NDF (dias)	6	44,0-46,0	c ¹
	21	38,0-39,5	b
	28	33,0-36,5	a
NDM (dias)	9	100,0-105,0	c
	9	93,0-95,0	b
	37	79,0-83,0	a
APF (cm planta ⁻¹)	40	49,1-66,0	a
	15	34,3-48,0	b
APV (cm planta ⁻¹)	19	13,6-20,4	a
	36	6,9-13,0	b
APM (cm planta ⁻¹)	33	54,2-70,9	a
	10	46,1-53,6	b
	12	33,4-45,2	c
NNF (nós planta ⁻¹)	22	9,8-11,0	a
	33	7,8-9,7	b
NNTM (nós planta ⁻¹)	37	13,2-16,9	a
	18	10,1-12,9	b
NNRAM (nós planta ⁻¹)	55	0,0-7,2	a
NNPROD (nós planta ⁻¹)	55	7,9-13,9	a
NV1G (vagens planta ⁻¹)	55	3,6-13,6	a
NV2G (vagens planta ⁻¹)	55	11,5-32,0	a
NV3G (vagens planta ⁻¹)	55	8,0-42,5	a
NVT (vagens planta ⁻¹)	55	29,5-72,9	a
NSV (sementes vagem ⁻¹)	55	1,9-2,54	a
PROD (g parcela ⁻¹)	26	328,5-463,0	a
	29	118,75-324,0	b

¹Médias seguidas de letras semelhantes pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF, NNTM, NNRAM e NNPROD: número de nós no florescimento, na maturidade, ramificados e produtivos, respectivamente; NV1G, NV2G E NV3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NVT: número de vagens total; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (g) por parcela.

Foram formados três agrupamentos para o NDF, sendo que o apresentou melhor desempenho foi composto por 28 progênies RCF_{3:4} (33,0 a 36,5 dias), seguido pelo segundo melhor com 21 progênies RCF_{3:4} (38,0 a 39,5 dias) e o grupo com pior desempenho composto por 6 progênies RCF_{3:4} (44,0 a 46,0 dias). Da mesma forma, foi verificada a formação de três agrupamentos para o NDM, em que o grupo constituído por 37 progênies RCF_{3:4} (79,0 a 83,0 dias) apresentou o melhor resultado, seguido pelo agrupamento de 9 progênies RCF_{3:4} (93,0 a 95,0 dias) e, por fim, pelo grupo com desempenho inferior aos demais com 9 progênies RCF_{3:4} (100,0 a 105,0 dias) (Tabela 2).

Vale ressaltar que as progênies do grupo “a”, se semeadas em outubro, provavelmente terão um ciclo próximo a 100 dias, pois a semeadura tardia é responsável por encurtar o ciclo (MATTOS et al., 2020). Além disso, progênies que resultam em cultivares precoces permitem a utilização do sistema de sucessão de culturas, que permite o cultivo de uma segunda safra após a colheita da soja nos principais estados produtores de cereais do país, além de ser uma alternativa para evitar doenças foliares e final de ciclo (BEZERRA et al., 2017; HARTMAN; SIKORA; RUPE, 2015).

O mercado brasileiro tem demandado cultivares precoces (DARONCH et al., 2019), porém, vale salientar que a seleção de genótipos com florescimento mais precoce pode resultar em menor produtividade (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERI, 2010). As cultivares de soja são classificadas em precoce (111 dias), semi-precoce (112 a 124 dias) e tardia (acima de 125 dias) (ALMEIDA et al., 2013). Todos os genótipos avaliados no presente estudo se classificaram como precoces.

As populações segregantes do presente estudo foram semeadas no mês de fevereiro, porém a época adequada para a semeadura para a região de Uberlândia – MG situa-se no início de novembro (MATTOS et al., 2020). Este atraso na época da semeadura pode trazer alguns aspectos negativos para os componentes de produção da cultura, uma vez que esta espécie é sensível ao fotoperíodo, o qual reduz com aproximação do solstício de inverno, resultando na diminuição do estágio vegetativo resultando em alterações morfofisiológicas significativas, portanto, semeaduras mais tardias (dezembro adiante) conferem menor rendimento de grãos (FRIGERI et al., 2019; UMBURANAS et al., 2019; MATTOS et al., 2020). Além do fotoperíodo, outras variáveis climáticas afetam o ciclo das cultivares semeadas com atraso com resultado negativo sobre a produtividade, tais como a redução da precipitação pluviométrica, umidade relativa do ar, temperaturas noturnas (ALVES et al., 2015; CARVALHO et al., 2021).

Foi verificado para 20 cultivares de soja semeadas em 05 de janeiro de 2017 em Uberlândia-MG que o caráter de NDF oscilou entre 33,25 a 46,25 dias e o NDM de 98,75 a 121,25 dias, valores semelhantes de NDF e superiores para NDM obtida no presente estudo (MATTOS et al., 2020). Da mesma forma, foram obtidos resultados similares ao do presente estudo para o NDF de 123 progênies $F_{3:4}$ de soja semeadas em Uberlândia-MG, oriundas do cruzamento entre BRS 256 RR \times TMG 1179 RR, o caráter oscilou entre 43,5 a 48,0 dias para o primeiro agrupamento e 38,0 a 43,0 dias para o segundo agrupamento (CARNEIRO et al., 2021). Em progênies F_2 (UFUS 7415 \times TMG 7161 RR) semeadas em Uberlândia-MG foram obtidos valores de NDM entre 76,0 a 108,0 dias, similar ao presente estudo (SILVA et al., 2021).

Para o caráter de APF foram formados dois agrupamentos, em que o grupo com maior APF foi composto por 40 progênies $RCF_{3:4}$ (49,1 a 66,0 cm planta⁻¹), seguido do grupo com menor APF constituído por 15 progênies $RCF_{3:4}$ (34,3 a 48,0 cm planta⁻¹). Em relação ao caráter de APM, foram gerados três agrupamentos, um com a maior APM formado por 33 progênies $RCF_{3:4}$ (54,2 a 70,9 cm planta⁻¹), outro com valores intermediários composto por 10 progênies $RCF_{3:4}$ (46,1 a 53,6 cm planta⁻¹) e, finalmente, o grupo com menor APM constituído por 12 progênies $RCF_{3:4}$ (33,4 a 45,2 cm planta⁻¹) (Tabela 2).

Os caracteres de APF e APM são extremamente importantes, pois influenciam diretamente na colheita mecanizada. No geral, são recomendadas plantas com 50,0 a 60,0 cm para solos com topografia plana e 70,0 a 80,0 cm para topografias acidentadas, plantas com alturas superiores a 90,0 cm favorecem o acamamento (BEZERRA et al., 2017). As progênies do agrupamento “a” (54,2 a 70,9 cm planta⁻¹) atendem a estas exigências, enquanto os demais apresentam porte inferior a 53,6 cm planta⁻¹, assim, a menor estatura confere às plantas um menor número de nós e um menor número de vagens o que interfere no potencial produtivo da planta (VIANNA et al., 2019).

Dentre os fatores que podem afetar a altura das plantas de soja estão época de semeadura, espaçamento entre e dentro das fileiras, umidade, temperatura, fertilidade do solo e resposta fotoperiódica da cultivar (ROCHA et al., 2012; SPEHAR et al., 2014). Em Uberlândia-MG, Rio Verde-GO e Selvíria-MS foi observado que as semeaduras mais tardias proporcionaram plantas de menor altura e a diminuição da altura correlacionou-se com a redução do número de vagens e do rendimento de grãos (CARMO et al., 2018; FRIGERI et al., 2019; MATTOS et al., 2020).

Em Uberlândia-MG foi obtido para 20 cultivares de soja (dentre elas UFUS 7010 e TMG 801) semeadas em 05 de janeiro de 2017 médias de APM oscilando entre 34,80 a 49,06

cm planta⁻¹, com média de 43,04 cm planta⁻¹, a qual foi 85,5% menor que em relação às plantas semeadas em 22 de outubro de 2016, evidenciando a influência da época da semeadura sobre o caráter (MATTOS et al., 2020). Na mesma localidade, foi observado que 123 progênies F_{3:4} de soja (BRS 256 RR × TMG 1179 RR) apresentaram APF oscilando entre 40,5 a 62,0 cm planta⁻¹ para o agrupamento de maior APF, e entre 26,5 a 40,0 cm planta⁻¹ para o grupo de menor APF, resultados semelhantes ao do presente estudo (CARNEIRO et al., 2021). Enquanto que para progênies F₂ (UFUS 7415 × TMG 7161 RR) foi obtido APM oscilando entre 8,0 a 85,0 cm planta⁻¹ (SILVA et al., 2021).

Para o caráter de APV foram formados dois agrupamentos, em que o grupo com maior APV foi composto por 19 progênies RCF_{3:4} (13,6 a 20,4 cm planta⁻¹), enquanto que o grupo com a menor APV foi constituído por 36 progênies RCF_{3:4} (6,9 a 13,0 cm planta⁻¹) (Tabela 2). É recomendado que as cultivares de soja apresentem APV variando entre 10,0 a 15,0 cm planta⁻¹ (BEZERRA et al., 2017), de modo a se obter máxima eficiência na colheita, sendo que boa parte das progênies avaliadas se situaram neste intervalo.

Foi verificado em Uberlândia-MG que 127 plantas F₂ (UFUS 7010 × MG/BR 446 Conquista) conduzidas em casa de vegetação apresentaram APV oscilando entre 10,0 a 44,0 cm planta⁻¹ (TEIXEIRA et al., 2017). Por sua vez, foi verificado, em condições de campo, que 123 progênies F_{3:4} de soja (BRS 256 RR × TMG 1179 RR) apresentaram APV oscilando entre 11,5 a 22,0 cm planta⁻¹ para o agrupamento de maior APV, e entre 5,5 a 11,0 cm planta⁻¹ para o grupo de menor APV, resultados semelhantes ao do presente estudo (CARNEIRO et al., 2021).

Foram formados dois agrupamentos para o caráter NNF, dentre os quais, o com maior valor de NNF foi constituído por 22 progênies RCF_{3:4} (9,8 a 11,0 nós planta⁻¹), e o grupo com menor NNF foi composto por 33 progênies RCF_{3:4} (7,8 a 9,7 nós planta⁻¹). Da mesma forma, para o caráter de NNTM foram gerados dois agrupamentos, em que o com maior valor foi constituído por 37 progênies RCF_{3:4} (13,2 a 16,9 nós planta⁻¹) e o menor por 18 progênies RCF_{3:4} (10,1 a 12,9 nós planta⁻¹) (Tabela 2).

É recomendado que as cultivares de soja apresentem entre 17 a 18 nós na haste principal de modo a proporcionar bons rendimentos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). As progênies avaliadas apresentaram número de nós inferiores a esse intervalo. Uma justificativa para os resultados encontrados é que a semeadura realizada fora de época tende reduzir o número final de nós, em função da menor altura das plantas (MATTOS et al., 2020; ROCHA et al., 2018).

Foi observado que 20 cultivares de soja semeadas em 05 de janeiro de 2017 em Uberlândia-MG apresentaram NNTM oscilando entre 10,40 a 14,00 nós planta⁻¹, com média de 12,04 nós planta⁻¹, valor este 34,21% menor que em relação às plantas semeadas em 22 de outubro de 2016, o que mostra que a época interfere diretamente neste caráter (MATTOS et al., 2020). Em Jaboticabal-SP foi observado valor médio de 14,60 e 15,32 nós planta⁻¹ para populações A e B respectivamente em progênies F_{3:4} (BRSMG 790A × BRSMG 810C) (AZEVEDO et al., 2021), resultado semelhante ao do presente estudo.

Apenas um agrupamento foi formado para os caracteres de NNRAM (0,0 a 7,2 nós planta⁻¹), NNPROD (7,9 a 13,9 nós planta⁻¹), NV1G (3,6 a 13,6 vagens planta⁻¹), NV2G (11,5 a 32,0 vagens planta⁻¹), NV3G (8,0 a 42,5 vagens planta⁻¹), NVT (29,5 a 72,9 vagens planta⁻¹) e NSV (1,9 a 2,54 sementes vagem⁻¹) (Tabela 2).

Em relação aos caracteres de NNRAM e NNPROD, foi verificado para 123 progênies F_{3:4} de soja (BRS 256 RR × TMG 1179 RR) semeadas em Uberlândia valores de 10,0 a 12,0 nós planta⁻¹ para o grupo "a" e de 6,0 a 9,5 nós planta⁻¹ para o grupo "b" para NNPROD, enquanto que para NNRAM foram obtidos valores entre 3,5 a 6,0 nós planta⁻¹ para o grupo "a" e de 0,0 a 3,0 nós planta⁻¹ para o grupo "b", intervalo de médias similares ao do presente estudo (CARNEIRO et al., 2021). Enquanto que para progênies F₂ (UFUS 7415 × TMG 7161 RR) foi obtido NNPROD oscilando entre 4,0 a 17,0 nós planta⁻¹ (SILVA et al., 2021).

Em relação ao caráter de NVT, as cultivares nacionais de soja apresentam em média um valor máximo de 80 vagens planta⁻¹ (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). O NVT encontrado no presente estudo foi inferior a 72,9 vagens planta⁻¹, entretanto, semeadura fora de época e fatores climáticos podem ter interferido negativamente no florescimento, que é essencial para a formação de vagens (TEJO; FERNANDES; BURATTO, 2019), como observado em Uberlândia-MG, Rio Verde-GO e Selvíria-MS (CARMO et al., 2018; FRIGERI et al., 2019; MATTOS et al., 2020). Em Uberlândia, o atraso da semeadura de outubro para janeiro de 20 cultivares foi responsável em reduzir a média de NVT de 60,18 vagens planta⁻¹ para apenas 10,17 vagens planta⁻¹, uma queda de 83,10% (MATTOS et al., 2020).

Resultado superior foi obtido em Anhumas-SP foi obtida NVT oscilando entre 74.53 a 261.83 vagens planta⁻¹ para progênies F_{2:3} (IAC-100 × CD215) semeadas na safra 2008/09 (SANTOS et al., 2018). Em condições de casa de vegetação, resultado similar ao do presente estudo foi obtido para 127 plantas F₂ (UFUS 7010 × MG/BR 446 Conquista) que apresentaram NVT variando entre 5,0 a 79,0 vagens planta⁻¹ (TEIXEIRA et al., 2017). Da mesma forma, em Nagpur-Índia foi obtido NVT que oscilou entre 27,00 a 49,24 vagens

planta⁻¹ para progênies F₃ de três populações segregantes de soja (Cat 3293 × NRC 2; JS 97-52 × NRC 37 e JS 97-52 × 104-31) (BAMBODKAR et al., 2019).

Com relação ao caráter de NSV, foi verificado em Uberlândia-MG que 127 plantas F₂ (UFUS 7010 × MG/BR 446 Conquista) conduzidas em casa de vegetação apresentaram valores entre 1,80 a 2,89 sementes vagem⁻¹ (TEIXEIRA et al., 2017). Em condições de campo na mesma localidade, progênies F₂ (UFUS 7415 × TMG 7161 RR) apresentaram entre 1,8 a 2,8 sementes vagem⁻¹ (SILVA et al., 2021). Os resultados destes estudos foram semelhantes ao do presente estudo.

Para o caráter de PROD foram formados dois agrupamentos, em que o grupo com maior produção de grãos foi composta por 26 progênies RCF_{3:4} (328,5 a 463,0 g parcela⁻¹), enquanto que o menor foi constituído por 29 progênies RCF_{3:4} (118,75 a 324,0 g parcela⁻¹) (Tabela 2).

Em Londrina-PR foi obtida PROD variando de 299,4 a 910,9 g parcela⁻¹ para 64 genótipos do Banco de Germoplasma de Soja da Universidade Estadual de Londrina e quatro cultivares (BRS 257; BRS258; NK7059 e BMX Potência) semeados em linhas de 4,0 m com espaçamento de 0,5 m na safra 2015/2016 (PERINI et al. 2018). Enquanto que em Uberlândia-MG foram obtidos valores de PROD oscilando entre 110,0 a 419,5 g parcela⁻¹ para 123 progênies F_{3:4} de soja (BRS 256 RR × TMG 1179 RR) semeadas em setembro em linhas de 1,5 m espaçadas entre si por 0,5 m (CARNEIRO et al., 2021).

Estes resultados foram superiores aos obtidos no presente estudo. Entretanto, vale salientar o mesmo foi exposto à condições adversas como semeadura tardia, diminuição do fotoperíodo, baixa precipitação pluviométrica e redução da temperatura média (Figura 1). Durante o período de florescimento a temperatura média diária foi de 22,96°C, sendo que a temperatura média mínima diária foi de 18,52°C, sendo que nesta fase o ideal é que as temperaturas variem entre 21 a 27 °C no período noturno (PARKER; BORTHWICK, 1943). Apesar deste cenário, as cultivares TMG 801 e UFUS 7010 do presente estudo apresentaram produção superior às obtidas por Mattos et al. (2020) quando estas foram semeadas em janeiro de 2017.

Em Uberlândia-MG o atraso da semeadura de outubro para novembro já foi suficiente em reduzir em 30,58% a produtividade das plantas de 20 cultivares, este percentual aumenta drasticamente quando as plantas foram semeadas em janeiro: 88,84%. Este efeito foi atribuído à diminuição do fotoperíodo, o que fez com que as plantas apresentassem menor altura, com menor dossel vegetativo, reduzindo a absorção de radiação para a produção de fotoassimilados (MATTOS et al., 2020).

Em Rio Verde-GO, as cultivares BMX Potência RR e BM Desafio RR quando semeadas em novembro apresentaram redução de 36,35% e 18,66%, respectivamente, na produtividade de grãos quando comparado com a semeada em outubro. Este cenário possivelmente se deu pelo estresse hídrico (veranico) ocorrido na fase de enchimento de grãos, o qual prejudica a produção de fotoassimilados, essenciais neste período (CARMO et al., 2018). O déficit hídrico quando ocorre nas fases de floração e enchimento de grãos resulta em reduções significativas nos componentes de produção como número de vagens por planta, número de grãos por planta e potencial produtivo total (BARBOSA et al., 2020).

Em Tangará da Serra-MT as cultivares de soja AS7397, TMG 1179 e P98Y30 semeadas em 20 de novembro de 2012 apresentaram, respectivamente, 15,77%, 14,62% e 26,01% de redução na produtividade em relação às que foram semeadas em 20 de outubro (SILVA; CARVALHO; DALLACORT, 2019). Isto evidencia o quão sensível o caráter de produtividade de grãos às variações ambientais, o que já é esperado, visto que se trata de um caráter de natureza quantitativa.

3.3 Estimativas de correlações

É de extrema importância conhecer as correlações em um programa de melhoramento, pois elas são responsáveis por quantificar a possibilidade de ganhos indiretos pela seleção em caracteres correlacionados, além disso, permite que a seleção de caracteres de baixa herdabilidade seja eficiente quando realizada em caracteres que são correlacionado. As correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) entre os caracteres agrônômicos de progênies RCF_{3;4} de quatro populações de soja estão expostas na Tabela 3. A correlação entre caracteres possibilita medir o grau de interferência de um caráter sobre outro de interesse, assim como praticar a seleção indireta (ZUFFO et al., 2018).

Vale salientar que a interpretação dos resultados deve levar em consideração a magnitude, a qual é alta acima de 0,7 (SOUZA et al., 2016), porém, caracteres com correlações com valores superiores a 0,5 têm sido valorizados por permitir a seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Outros dois aspectos que devem ser levados em conta é a direção, que pode ser positivo, indicando a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, ou negativo, que indica a tendência de uma variável aumentar quando a outra diminui; e a significância (NOGUEIRA et al., 2012).

Tabela 3 – Correlações fenotípicas (r_f) e genotípicas (r_g) de caracteres agronômicos de progênies RCF_{3:4} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.

Caráter	r	NDF	NDM	APF	APV	APM	NNF	NNTM	NSV	PROD
NDF	r_f		0,60**	0,21	0,57**	0,32*	0,19	0,39**	0,12	-0,14
	r_g		0,72	0,41	0,78	0,38	0,41	0,50	0,11	-0,36
NDM	r_f			0,16	0,63**	0,37**	0,30*	0,50**	0,07	-0,13
	r_g			0,21	0,79	0,41	0,37	0,58	0,11	-0,26
APF	r_f				0,46**	0,72**	0,56**	0,44**	0,04	0,28*
	r_g				0,68	0,97	0,64	0,57	0,11	0,45
APV	r_f					0,62**	0,37**	0,59**	-0,06	-0,05
	r_g					0,65	0,75	0,71	0,05	-0,10
APM	r_f						0,64**	0,78**	-0,01	0,09
	r_g						0,99	0,82	0,08	0,06
NNF	r_f							0,62**	0,10	0,16
	r_g							0,91	0,15	0,26
NNTM	r_f								-0,05	-0,03
	r_g								-0,09	-0,10
NSV	r_f									0,32*
	r_g									0,53
PROD	r_f									
	r_g									

** e * são significativos ao nível de 1 e 5%, respectivamente, de probabilidade pelo teste de t. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF e NNTM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (g) por parcela.

Assim, foi verificado pelo teste de t a 1% e 5% de probabilidade que 20 correlações fenotípicas foram significativas. As estimativas oscilaram entre 0,28 a 0,78, o que evidencia que houve um alto grau de correlação entre alguns caracteres avaliados (Tabela 3). Para estes caracteres também foi observado que apresentaram correlação genotípica alta e com valores maiores que a correlação fenotípica, indicando que os fatores genéticos foram responsáveis pela correlação e não o ambiente (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010). Resultados similares também foram encontrados para os caracteres agronômicos de 28 linhagens de soja avaliadas Currais-PI (LEITE et al., 2015) e 71 progênies F₆ no município de Uberlândia-MG (SOUSA et al., 2015).

A ocorrência de pleiotropismo, propriedade na qual um gene afeta simultaneamente duas ou mais características, pode ser o principal fator que contribui para a obtenção de alta magnitude das correlações genéticas. Outro fator é a ligação gênica em situações de desequilíbrio, que é transitória e ocorre, sobretudo, em populações provenientes de cruzamentos divergentes. Este cenário pode vir a favorecer a seleção simultânea de um conjunto de caracteres, por meio da seleção de um único caráter, o que possibilita que sejam

aplicados índices de seleção indiretos para obtenção de genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; LEITE et al., 2016; MACHADO et al., 2017; SANTOS et al., 2019).

Para o caráter de NDF foi observada correlação fenotípica significativa, de alta magnitude e positiva com os caracteres NDM (0,60) e APV (0,57). As correlações genotípicas foram de alta magnitude para NDF com os caracteres NDM (0,72) e APV (0,78). Estes resultados indicam que a seleção de genótipos com base no NDF poderá resultar em plantas com maiores APM e APV (Tabela 3).

Para o caráter de NDM foi verificada correlação fenotípica significativa, de alta magnitude e positiva com os caracteres APV (0,63) e NNTM (0,50). As correlações genotípicas foram de alta magnitude para NDM com os caracteres APV (0,79) e NNTM (0,58). Estes resultados indicam que os genótipos selecionados com base em NDM poderão possuir uma maior APV e um maior NNTM (Tabela 3).

Resultados diferentes dos obtidos para a correlação fenotípica do NDF e NDM com os demais caracteres de 22 progênes F_{2:3} (SILVA et al., 2021). Porém, para 20 progênes F₂ semeadas em Brasília, foi obtida correlação fenotípica significativa do NDM com APM (0,69) (SANTOS et al., 2019). O caráter de NDF se correlacionou significativamente com os caracteres de NDM (0,41) e APV (0,41) de 71 progênes F₆ no município de Uberlândia-MG, enquanto que o NDM se correlacionou com APM (0,27) (SOUSA et al., 2015).

Em relação ao caráter de APF foram verificadas correlações fenotípicas significativas, de alta magnitude e positiva com os caracteres de APM (0,72) e NNF (0,56). As correlações genotípicas foram de alta magnitude para APF com os caracteres APM (0,97) e NNF (0,64). Estes resultados indicam que a seleção baseada na APF pode proporcionar indivíduos com maior APM e NNF (Tabela 3).

Resultados semelhantes dos obtidos para a correlação fenotípica significativas entre APF com APM (0,54), APV (0,36), NNTM (0,26) e PROD (0,23) de 22 progênes F_{2:3} (SILVA et al., 2021). Da mesma forma, 21 linhagens de soja semeadas em Uberlândia apresentaram correlação fenotípica significativa do caráter de APF com NNF (0,59), NNTM (0,52) e APM (0,72) (MACHADO et al., 2017). O caráter de APF se correlacionou significativamente com os caracteres de APM (0,30) e APV (0,53) de 71 progênes F₆ semeadas no município de Uberlândia-MG (SOUSA et al., 2015). A APF de 28 linhagens de soja avaliadas Currais-Pi se correlacionou com os caracteres de APM (0,42) e APV (0,69) (LEITE et al., 2015).

O caráter APV apresentou correlações fenotípicas significativas, de alta magnitude e positiva com os caracteres de APM (0,62) e NNTM (0,59). Em relação às correlações genotípicas, estas foram de alta magnitude para APV com os caracteres APM (0,65) e NNTM (0,71). Estes resultados indicam que a seleção de plantas com maior APV, poderá resultar em plantas com maior APM e NNTM (Tabela 3).

Resultados semelhantes dos obtidos para a correlação fenotípica significativas entre APV com APM (0,40) e NNTM (0,28) de 22 progênies $F_{2:3}$ (SILVA et al., 2021). Da mesma forma, foi obtida para 20 progênies F_2 semeadas em Brasília, correlação fenotípica significativa do APV com APM (0,60) (SANTOS et al., 2019). O caráter de APV se correlacionou significativamente com os caracteres de APM (0,37) de 71 progênies F_6 semeadas no município de Uberlândia-MG (SOUSA et al., 2015).

Para o caráter de APM foram observadas correlações fenotípicas significativas, de alta magnitude e positiva com os caracteres de NNF (0,64) e NNTM (0,78). Em relação às correlações genotípicas, estas foram de alta magnitude para APV com os caracteres NNF (0,99) e NNTM (0,82). Estes resultados indicam que a seleção de plantas com maior APM poderá resultar em plantas com maiores NNF e NNTM (Tabela 3).

Resultados semelhantes dos obtidos para a correlação fenotípica significativas entre APM com NNF (0,58) e NNTM (0,41) de 22 progênies $F_{2:3}$ (SILVA et al., 2021). Assim como 21 linhagens de soja semeadas em Uberlândia que apresentaram correlação fenotípica significativa do caráter de APM com NNTM (0,49) (MACHADO et al., 2017). A APM de 28 linhagens de soja avaliadas Currais-PI se correlacionou com os caracteres de APV (0,51), PROD (0,44) e NNTM (0,43) (LEITE et al., 2015)

O caráter de NNF apresentou correlação fenotípica significativa, de alta magnitude e positiva com o caráter de NNTM (0,62) e alta magnitude para correlação genotípica (0,91). Este resultado é um indicativo que a seleção de plantas com maior NNF poderá resultar em plantas com maior NNTM (Tabela 3). Resultados semelhantes dos obtidos para a correlação fenotípica significativas entre NNF com NNTM (0,49) de 22 progênies $F_{2:3}$ (SILVA et al., 2021).

Em relação ao caráter de NSV foi observado que este apresentou correlação fenotípica significativa, de baixa magnitude e positiva com o caráter de PROD (0,32) e correlação genotípica de alta magnitude (0,53) (Tabela 3). Da mesma forma que para 22 progênies $F_{2:3}$, que apresentaram correlação fenotípica significativa entre NSV e PROD (0,23) (SILVA et al., 2021). O caráter de NSV não se correlacionou com os caracteres de 71 progênies F_6 semeadas no município de Uberlândia-MG (SOUSA et al., 2015).

Da mesma forma que o presente estudo, 71 progênies F₆ no município de Uberlândia-MG não apresentaram correlações fenotípicas significativas de PROD com os demais caracteres (SOUSA et al., 2015). O caráter de PROD por ser de natureza quantitativa, isto é, governado por vários genes, torna difícil a seleção, sendo essenciais os estudos de correlações neste caráter. São os caracteres de média e alta magnitude considerados na seleção (VALE et al., 2014).

3.4 Índices de seleção

Em programas de melhoramento, a identificação e seleção de genótipos superiores é um dos maiores desafios para os melhoristas, especialmente porque os alvos de melhoramento são predominantemente de natureza quantitativa (XIONG et al., 2018). Nesse contexto, utilizar informações de correlações e meios fenotípicos permite a análise de estratégias de seleção visando maiores ganhos no processo seletivo. Ao praticar a seleção direta, altos ganhos são alcançados para o personagem alvo (Tabela 4).

Tabela 4 – Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies RCF_{3;4} de 4 populações segregante de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.

Caráter	Ganho de seleção (%)								
	NDF	NDM	APF	APV	APM	NNF	NNTM	NSV	PROD
NDF	-6,26¹	-4,58	-3,65	-7,95	-8,77	-1,62	-4,31	-0,83	-0,04
NDM	-3,10	-7,83	-2,40	-11,11	-8,79	-1,24	-7,67	-0,62	3,61
APF	0,76	-0,34	6,96	5,10	9,43	3,46	2,79	0,52	5,33
APV	4,37	6,62	3,18	22,84	9,67	1,09	4,98	-0,47	0,62
APM	3,79	6,23	5,02	13,22	14,60	3,12	6,46	-0,62	-0,57
NNF	0,57	3,51	4,46	7,25	10,81	4,99	6,70	0,97	2,68
NNTM	4,37	4,96	2,18	10,10	9,15	3,27	10,48	-0,25	-5,14
NSV	0,70	1,04	1,25	-2,60	-0,40	-0,59	-2,63	3,83	7,48
PROD	-0,33	-0,73	3,17	2,60	4,16	1,09	1,00	1,70	17,00

¹Em destaque corresponde ao ganho de seleção direta do caractere. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF e NNTM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (g) por parcela.

Foi verificado que o ganho de seleção (GS) direta oscilou entre -7,83 e 22,84 para NDM e APV, respectivamente. Para os caracteres de NDF e NDM foi verificado que a seleção direta proporcionou a redução do ciclo das progênies RCF_{3;4}. A seleção direta obteve os melhores GS para todos os caracteres avaliados, sendo que GS superiores a 10% foram

obtidos para os caracteres de APV, APM, NNTM e PROD, isto é, a seleção direta proporciona incrementos nas características estudadas (Tabela 4).

Ao selecionar diretamente o caráter de NDF e NDM ocorreu redução do GS pela seleção indireta para todos os caracteres de estudo, com exceção da PROD que teve um ganho de 3,61% ao se selecionar diretamente para NDM, o que indica que a seleção de genótipos precoces poderá resultar em genótipos mais produtivos. Almeida, Peluzio e Afferri (2010) afirmaram que a seleção de genótipos com florescimento precoce resulta em plantas menos produtivas, pois as plantas apresentaram menor altura e número de nós, os quais são essenciais para a produção de grãos. Contudo realizando-se seleção pelo caráter APF é o que apresentou melhor resultados para a seleção indireta para os caracteres de NSV e PROD (Tabela 4).

Além do caráter NDM, a seleção indireta realizada para o caráter de NSV, APF, NNF, e APV resultam em GS indireta para PROD de 7,48%, 5,33%, 2,68% e 0,62%, respectivamente. Contudo, a seleção direta para PROD proporcionou o maior GS, não afetando de forma negativa caracteres secundários, em alguns casos os ganhos destes foram poucos expressivos, tendendo a zero (NDF, NDM e NNTM) (Tabela 4).

A aplicação da seleção direta em 145 progênies $F_{2:3}$ (UFUS 7415 \times TMG 7161 RR) em Uberlândia-MG conferiu menor GS de NDF (-5,34) e NDM (-4,22%), enquanto que os maiores GS foram obtidos para PROD (16,19%), APF (12,21%) e APM (16,45%), resultado próximo ao do presente estudo (SILVA et al., 2021).

Em 386 progênies F_5 de sete populações segregantes semeados em Jaboticabal-SP foram obtidos GS bem superiores ao do presente trabalho para PROD (34,58%) e APV (27,55 %), o GS foi similar para o caráter de APM (12,68%), enquanto que o NDM (3,29%) diferenciou-se do observado (BIZARI et al., 2017). Por sua vez, em 123 progênies $F_{3:4}$ de soja (BRS 256 RR \times TMG 1179 RR) foram observados GS diretos de -2,32% para NDF, 7,22% para APF, 12,93% para APV, 18,06% para NNTM e 9,12% para PROD (CARNEIRO et al., 2021).

Entretanto, como há a necessidade de selecionar simultaneamente progênies mais precoces e produtivas, a seleção direta e indireta pode não resultar em resultados expressivos, assim, a alternativa mais viável é aplicar os índices de seleção que selecionam de forma eficaz combinando vários caracteres (ROSADO et al., 2012).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo estão expostos na Tabela 5. O índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) resultou em maior valor de ganho total (36,51%) que

em relação ao índice da distância genótipo-ideótipo. Contudo este último proporcionou um incremento de 2,34% para o caractere de PROD e de 63,09% a mais para NSV que em relação ao conferido pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978). Porém, este último conferiu GS de 1,07%, 42,37%, 6,28% e 2,03% a mais que em relação ao índice da distância genótipo-ideótipo para os caracteres de APF, APV, APM e NNF, respectivamente (Tabela 5).

Os índices de distância genótipo-ideótipo e de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) têm sido os mais recomendados como estratégia de seleção na cultura da soja, proporcionando resultados mais favoráveis à seleção. O índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) tem proporcionado maiores GS totais e uma distribuição equilibrada do GS entre os caracteres, enquanto que o índice de distância genótipo-ideótipo confere maiores GS em alguns caracteres que os demais índices utilizados (BIZARI et al., 2017; LEITE et al., 2016; ROSADO et al., 2012; SILVA et al., 2021; TEIXEIRA et al., 2017). Estas circunstâncias foram observadas no presente estudo (Tabela 5).

Tabela 5 – Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice distância Genótipo-Ideótipo e índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies RCF_{3:4} de 4 populações segregantes RCF_{3:4} de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2020/2021.

Caráter	Ganho de Seleção (%)	
	Mulamba e Mock (1978)	Distância Genótipo-Ideótipo
NDF	-2,12	-2,12
NDM	-1,38	-1,38
APF	5,64	5,58
APV	6,35	4,46
APM	10,14	9,54
NNF	3,10	3,03
NNTM	4,97	4,97
NSV	0,84	1,37
PROD	8,97	9,18
Ganho total	36,51	34,63

Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF e NNTM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (g) por parcela.

Em 386 progênies F₅ de sete populações segregantes semeados em Jaboticabal-SP foi obtido GS total de 36,04% para o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) enquanto que para o índice de distância genótipo-ideótipo foi obtido 29,85% de GS total (BIZARI et al., 2017). Por sua vez, foram obtidos GS totais semelhantes para 123 progênies F_{3:4} de soja (BRS 256 RR × TMG 1179 RR), em que foi obtido GS total de 37,11% para o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) enquanto que para o índice de

distância genótipo-ideótipo foi obtido 36,95% de GS total, sendo que a PROD neste último foi de 4,42% e para a soma de "ranks" de 3,55% (CARNEIRO et al., 2021).

Foram selecionadas 15 progênies RCF_{3;4} superiores de 4 populações segregante de soja que apresentaram maiores ganhos de seleção através dos índices de seleção aplicados. Esses genótipos são candidatos ao avanço de geração por apresentarem superioridade nos caracteres analisados (Tabela 6).

As progênies RCF_{3;4} selecionadas apresentaram PROD que oscilou entre 302,5 a 463,0 g parcela⁻¹ e NDM que variou entre 79,0 a 105,0 dias para maturação, o que permite a disponibilidade da área para o plantio de outra cultura. O aumento da PROD em relação à testemunha de maior PROD (TMG 801) oscilou entre 9,70 a 27,64%. As progênies RCF_{3;4} que se destacaram em relação à maior PROD e precocidade simultaneamente foram G13, G36 e G39 que apresentaram PROD 20,80%, 17,28%, 17,28% maior que à TMG 801, enquanto que para NDM uma redução de 22,92%, 22,92% e 20,97% no ciclo em relação à TMG 801, respectivamente.

Tabela 6 – Progênies RCF_{3;4} de quatro populações segregantes de soja selecionadas pelo índice distância genótipo-ideótipo.

Genótipo	Caráter							NSV	PROD
	NDF	NDM	APF	APV	APM	NNF	NNTM		
 dias cm	planta ⁻¹ nós	planta ⁻¹ ..		
									g
G2	35,5	83,0	53,0	14,9	62,2	9,2	14,5	2,2	409,5
G6	36,0	83,0	53,5	11,5	62,0	9,4	14,8	2,3	328,5
G13	38,0	79,0	56,4	10,0	70,9	10,9	16,9	2,2	423,0
G15	36,0	83,0	55,7	13,0	65,5	11,0	15,9	2,2	308,0
G20	36,0	95,0	56,2	14,7	65,1	10,2	14,9	2,3	379,5
G21	35,5	95,0	52,3	11,7	60,1	10,4	15,6	2,4	388,0
G29	39,0	95,0	56,3	15,9	63,0	10,1	13,8	2,4	418,0
G33	36,0	83,0	53,2	14,7	54,2	9,7	13,3	2,2	463,0
G36	33,0	79,0	56,9	17,8	61,6	10,0	13,6	2,2	405,0
G38	33,0	83,0	54,5	12,2	61,7	9,4	13,6	2,2	346,0
G39	38,5	81,0	59,2	12,7	61,0	10,2	13,3	2,3	405,0
G42	36,5	83,0	52,4	10,6	60,4	9,1	14,9	2,2	369,5
G48	38,0	105,0	56,4	13,8	65,8	10,7	14,8	2,4	363,5
G51	38,5	83,0	66,2	14,7	64,0	10,6	13,8	2,2	302,5
G52	38,5	83,0	66,2	14,7	64,0	10,6	13,8	2,2	302,5
UFUS 7010	34,0	83,0	58,9	13,0	50,6	10,6	13,6	2,2	307,5
BRSGO7560	36,5	81,0	50,1	11,1	44,1	7,8	11,7	2,3	299,0
TMG 801	44,0	102,5	44,4	13,8	45,2	10,0	16,0	2,2	335,0

Genótipos G2 e G6: oriundos da PS-A. Genótipos G13, G15, G20 e G21: oriundos da PS-B. Genótipos G29, G33, G36: oriundos da PS-C. Genótipos G38, G39, G42, G48, G51 e G52: oriundos da PS-D. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF e NNTM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos por parcela.

4 CONCLUSÕES

A herdabilidade foi de alta magnitude e a relação CV_g/CV_e foi favorável para seleção dos caracteres NDF, NDM, APM e NNTM em 52 progênies de soja. A seleção direta para NDM proporcionou ganhos genéticos para o caráter PROD, entretanto, a seleção direta para o caráter PROD proporcionou melhor GS para os caracteres secundários, como os relacionados à precocidade. Os índices de seleção proporcionaram os maiores ganhos genéticos para ciclo precoce e produtividade de grãos quando comparados à seleção direta, além disso, foram mais eficientes, pois permitem a seleção simultânea de diferentes caracteres agronômicos.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013. Disponível em: <https://cepnor.ufra.edu.br/index.php?journal=ajaes&page=article&op=view&path%5B%5D=539>. Acesso em: 20 jan. 2022.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7044>. Acesso em: 23 jan. 2022.
- ALVES, C. Z.; ZAQUEU, G. M.; SERAGUZI, E. F.; LEAL, A. J. F.; SILVA, J. B. Production and physiological quality of soybean seeds in orthic quartzarenic neosoil of the cerrado region. **Revista Caatinga**, Mossoró, v. 28, n. 4, p. 127-134, 2015. DOI: 10.1590/1983-21252015v28n414rc. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/cyFfbzXJLBqDSPQNfcwNnn/?lang=en>. Acesso em: 23 jan. 2022.
- AZEVEDO, C. V. G.; VAL, B. H. P.; ARAÚJO, L. C. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Genetic parameters of soybean populations obtained from crosses between grain and food genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 43, e46968, 2021. DOI: 10.4025/actasciagron.v43i1.46968. Disponível em: <https://www.periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/46968>. Acesso em: 13 jan. 2022.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632>. Acesso em: 27 dez. 2021.
- BAMBODKAR, P. P.; KAMDI, S. R.; PATIL, S. R.; MESHRAM, M. P.; DEOTALE, R. D.; BISANE, R. D.; PAWAR, V. S. Genetic variability studies in F3 segregating generations in soybean for yield and its components. **Journal of Soils and Crops**, [s.l.], v. 29, n. 2, p. 366-370, 2019. Disponível em: <https://www.journalofsoilsandcrops.com/Download/dec2019issue/26.pdf>. Acesso em: 25 jan. 2022.
- BARBOSA, J. R.; PEREIRA FILHO, J. V.; OLIVEIRA, V. M.; SOUSA, G. G.; GOES, G. F.; LEITE, K. N. Produtividade da cultura da soja irrigada com déficit hídrico regulado no cerrado piauiense. **Revista Brasileira de Agricultura Irrigada**, Fortaleza, CE, v. 14, n. 4, p. 4200-4210, 2020. DOI: 10.7127/rbai.v14n401196. Disponível em: <https://inovagri.org.br/revista/index.php/rbai/article/view/1196>. Acesso em: 14 jan. 2022.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Atributos agronômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 4. p. 62-77.

BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; RIBEIRO, F. O.; GESTEIRA, G. S. Heritability and the genotype×environment interaction in soybean. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, [s.l.], v. 3, e20020, 2019. DOI: 10.1002/agg2.20020. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/agg2.20020>. Acesso em: 16 jan. 2022.

BIZARI, E.H.; VAL, B.H.P.; PEREIRA, E.M.; MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCmJn6s7DJR/?lang=en>. Acesso em: 17 dez. 2021.

CARMO, E. L.; BRAZ, G. B. P.; SIMON, G. A.; SILVA, A. G.; ROCHA, A. G. C. Desempenho agrônomo da soja cultivada em diferentes épocas e distribuição de plantas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v.17, n.1, p.61-69, 2018. DOI: 10.5965/223811711712018061. Disponível em: <https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/9684>. Acesso em: 24 jan. 2022.

CARNEIRO, A. R. T.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, A. F. E.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Selection strategies in agronomic characters in progenies F_{3:4} of transgenic soy RR. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 45, e012421, 2021. DOI: 10.1590/1413-7054202145012421. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/gZFskhbd67gkfZXtBGcJr3t/?lang=en>. Acesso em: 19 dez. 2021.

CARVALHO, E. V.; PELUZIO, J. M.; FREIBERGER, C. N.; PROVENCIO, L. Z.; MOTA, W. C. S. A época de semeadura na produção de sementes de soja em condições de várzea tropical. **Revista Sítio Novo**, Palmas, v. 5, n. 1, p. 100-117, 2021. Disponível em: <https://sitionovo.iftto.edu.br/index.php/sitionovo/article/view/757/281>. Acesso em: 19 jan. 2022.

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. DOI: 10.4025/actasciagron.v38i4.32629. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/sLvDYF5MYv9kWR5MKgxb6sL/abstract/?lang=en>. Acesso em: 14 ago. 2021.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.

CRUZ, C. D.; RODRIGUES, H. S.; ROSADO, R. D. S.; BHERING, L. L. Biometrics Applied to Soybean Breeding. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (eds.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. Cap. 11. p. 193-227. DOI: 10.1007/978-3-319-57433-2_11

DARONCH, D. J.; PELUZIO, F. S.; TAVARES, A. T.; SOUZA, C. M. Eficiência ambiental e divergência genética de genótipos de soja na região central do Tocantins. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 28, n. 1, p.1-18, 2019. DOI: 10.32929/2446-8355.2019v28n1p1-18. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2019v28n1p1-18>. Acesso em: 15 jan. 2022.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman, 1996. 480 p.

FEHR, W.R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology. 1977. 11 p. (Special Report, 80).

FELIPE, M.; GERDE, J. A.; ROTUNDO, J. L. Soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. **Crop Science**, Madison, v. 56, p. 3066–3077, 2016. DOI: 10.2135 /cropsoci2016.04.0214. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsoci2016.04.0214>. Acesso em: 23 jan. 2022.

FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. **Package ‘ExpDes.pt’**. 2010. Disponível em: <http://127.0.0.1:19474/library/ExpDes.pt/html/ExpDes.pt-package.html>. Acesso em: 23 nov. 2021.

FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada às ciências agrárias**. Viçosa, MG; Editora UFV, 2018. 588 p.

FRIGERI, A. R.; LAZARINI, E.; ORIOLI JÚNIOR, V.; BERNARDES, J. V. S. Épocas de semeadura e população de plantas para três cultivares de soja. **Acta Iguazu**, Cascavel, v. 8, n. 4, p. 41-52, 2019. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/actaiguazu/article/view/20553/14929>. Acesso em: 21 jan. 2022.

GESTEIRA, G. S.; BRUZI, A. T.; ZITO, R. K.; FRONZA, V.; ARANTES, N. E. Selection of Early Soybean Inbred Lines Using Multiple Indices. **Crop Science**, Madison, v. 58, n. 6, p. 2494-2502, 2018. DOI: 10.2135/cropsoci2018.05.0295. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsoci2018.05.0295>. Acesso em: 24 jan. 2022.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012. DOI: 10.14295/cs.v3i2.192. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 28 dez. 2021.

HARTMAN, G. L.; SIKORA, E. J.; RUPE, J. C. Rust. In: HARTMAN, G. L.; RUPE, J. C.; G. L.; SIKORA, E. J.; DOMIER, L. L.; DAVIS, J. A.; STEFFEY, K. L. **Compendium of soybean diseases**. 5 ed. Saint Paul: APS Press, 2015. p. 56-59.

KÖPPEN, W. **Das geographische System der Klimate**. Gebr: Borntraeger, 1936. 44 p.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: 10.14295/cs.v7i3.1176. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1176>. Acesso em: 15 dez. 2021.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015. DOI: 10.14583/2318-

7670.v03n04a03. Disponível em: <http://www.bibliotekevirtual.org/index.php/2013-02-07-03-02-35/2013-02-07-03-03-11/1625-nativa/v03n04/16693-estimativas-de-parametros-geneticos-e-correlacoes-entre-caracteres-agronomicos-em-genotipos-de-soja.html>. Acesso em: 17 dez. 2021.

LEITE, W. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; SILVA, A. J.; DI MAURO, A. O. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018. DOI: 10.5935/1806-6690.20180056. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/xTq3J59Skz7kDBFv6s4cRMz/?lang=en>. Acesso em: 15 jan. 2022.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, G. F. JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS L. A.; HAMAWAKI R. L.; HAMAWAKI C. D. L. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, 2017. DOI: 10.4238/gmr16029696. Disponível em: <http://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-2/pdf/gmr-16-02-gmr.16029696.pdf>. Acesso em: 23 dez. 2021.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 2. p. 27-53.

MATTOS, T. P.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; LUIZ, M. C. P.; TEIXEIRA, F. G.; SHIGIHARA, D.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKIM C. D. L. Effect of sowing season on soybean performance. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 36, n. 5, p. 1603-1616, 2020. DOI: 10.14393/BJ-v36n5a2020-42446. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42446>. Acesso em: 16 jan. 2022.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Cairo, v. 7, p. 40-57, 1978.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. 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. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576/11096>. Acesso em: 23 jan. 2022.

ONWUBIKO, N. C.; UGURU, M. I.; CHIMDI, G. O. Estimates of Genetic Parameters in Bambara Groundnut { *Vigna subterranea* (L.) VERDC. }. **Plant Breeding and Biotechnology**, [s.l.], v. 7, n. 4, p. 295-301, 2019. DOI: 10.9787/PBB.2019.7.4.295. Disponível em: <https://www.plantbreedbio.org/journal/view.html?volume=7&number=4&spage=295&year=2019>. Acesso em: 24 jan. 2022.

PARKER, M. W.; BORTHWICK, H. A. Influence of temperature on photoperiodic reactions in leaf blades of Biloxi soybean. **Botanical Gazette**, Chicago, v. 104, n. 4, p. 612-619, 1943. DOI: 10.1086/335174. Disponível em: <https://www.journals.uchicago.edu/doi/10.1086/335174>. Acesso em: 23 dez 2021.

PERINI, L. J.; ZEFFA, D. M.; FREIRIA, G. H.; NOVAIS, P. S.; PRETE, C. E. C. Diversidade genética entre acessos de soja tipo alimento com base no algoritmo de gower. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 14, n. 4, p. 47-57, 2018. DOI: 10.5747/ca.2018.v14.n4.a248. Disponível em: <https://journal.unoeste.br/index.php/ca/article/view/2663/2589>. Acesso em: 10 jan. 2022.

PETRUCCI, E.; OLIVEIRA, L. A. Relações entre intensidade, duração e frequência das precipitações máximas de 24 horas e equação de chuvas intensas para a cidade de Uberlândia-MG. **Revista Brasileira de Climatologia**, Dourados, n. 15, v. 25, p. 337-354, 2019. Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/revistaabclima/article/view/57767/39230>. Acesso em 30 abr. 2021.

R CORE TEAM. **R**: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2019.

ROCHA, R. S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A., SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012. DOI: 10.1590/S1806-66902012000100019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/QtfP9W4BbRkrTz5F4WRj5sc/?lang=pt>. Acesso em: 12 jan. 2022.

ROCHA, T. S. M.; STRECK, N. A.; BEXAIRA, K. B.; RIBAS, G.G.; TA, E. L.; WINCK, J. E. M.; WEBWE, P. S.; RICHTER, G. L.; SILVA, M. R.; ALVES, A. F.; RIBEIRO, B. S. M. R. R.; ZANON, A. J. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura. **Agrometeoros**, [s.l.], v. 26, n. 1, p. 247-256, 2018. DOI: 10.31062/agrom.v26i1.26346. Disponível em: <http://seer.sct.embrapa.br/index.php/agrometeoros/article/view/26346>. Acesso em: 23 jan. 2022.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012. DOI: 10.1590/S0034-737X2012000100014. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/KmpTGhgpXVNFL7nZn3LgGct/?lang=en>. Acesso em: 04 jan. 2022.

SANTOS, E. R.; ROBERTO SPEHAR, C.; ROBERTO PEREIRA, P.; CAPONE, A.; BARROS, H. BB. Parâmetros genéticos e avaliação agrônoma em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 14, n. 1, e5625, 2019. DOI: 10.5039/agraria.v14i1a5625. Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: 18 dez. 2021.

SANTOS, H. G.; T., JACOMINE P. K.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. À.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A.; ARAÚJO FILHO, J. C.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. 355 p.

SANTOS, M. F.; MÖLLER, M.; CLOUGH, S. T.; PINHEIRO, J. B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in an F₂:3 soybean population

derived from IAC-100. **Journal of Crop Improvement**, [s.l.], v. 32, n. 1, p. 1-18, 2018. DOI: 10.1080/15427528.2017.1370404. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/full/10.1080/15427528.2017.1370404>. Acesso em: 23 jan. 2022.

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

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F₂ and F_{2:3} soybean populations. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 113, n. 4, 2021. DOI: 10.1002/agj2.20692. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/agj2.20692>. Acesso em 19 dez. 2021.

SILVA, E. S.; CARVALHO, M. A. C.; DALLACORT, R. Desempenho agrônômico de cultivares de soja em diferentes épocas de semeadura em Tangará da Serra e Diamantino, Mato Grosso. **Acta Iguazu**, Cascavel, v. 8, n. 1, p. 1-11, 2019. Disponível em: <https://e-revista.unioeste.br/index.php/actaiguazu/article/view/17609/13898>. Acesso em: 20 jan. 2022.

SILVA, F. C.; PEREIRA, H. S.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C. Selection of parents and segregating populations of common bean with high agronomic potential and slow seed-coat darkening. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 48, n. 1, p. 75-82, 2018. DOI: 10.1590/1983-40632018v4849519. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pat/a/QsdjvYmJsL6CDYdPfwS6VcC/?lang=en>. Acesso em: 03 jan. 2022.

SMALLWOOD, C. J.; SAXTON, A. M.; GILLMAN, J. D.; BHANDARI, H. S.; WADL, P. A.; FALLEN, B. D.; HYTEN, D. L.; SONG, Q.; PANTALONE, V. R. Context-Specific Genomic Selection Strategies Outperform Phenotypic Selection for Soybean Quantitative Traits in the Progeny Row Stage. **Crop Science**, Madison, v. 59, n. 1, p. 54-67, 2019. DOI: 10.2135/cropsci2018.03.0197. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2018.03.0197>. Acesso em: 03 jan. 2022.

SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GESTEIRA, G. D. S.; SILVA, K. B.; GUILHERME, S. R.; CIANZIO, S. R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 20, n. 4, e28092046, 2020. DOI: 10.1590/1984-70332020v20n4a59. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/pLJtgKSZB6LzpwDTBpmLYhD/?lang=en>. Acesso em: 06 jan. 2022.

SOUSA, L. B.; JÚNIOR, C. D. S.; ROMANATO, F. N.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; DE MELO MUNDIM, F.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in F₆ soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699. 2015. DOI: 10.14393/BJ-v31n6a2015-26217. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/26217/17381>. Acesso em: 23 dez. 2021.

SOUZA, A. G.; SMIDERLE, O. J.; SPINELLI, V. M.; SOUZA, R. O.; BIANCHI, V. J. Correlation of biometrical characteristics of fruit and seed with twinning and vigor of *Prunus persica* rootstocks. **Journal of Seed Science**, [s.l.], v. 38, n. 4, p. 322-328, 2016. DOI: 10.1590/2317-1545v38n4164650. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/jss/a/GCGCbfp6sm6f4P4KWMfdwdPq/?lang=en>. Acesso em: 25 jan. 2022.

SPECHT, J. E.; WILLIAMS, J. H. Contribution of genetic technology to soybean productivity: Retrospect and prospect. In: FEHR, W. R. (ed.). **Genetic contributions to yield gains of five major crop plants**. Madison, WI: ASA, 1984. Cap. 3. p. 49–74. DOI: 10.2135/cssaspecpub7.c3. Disponível em:

<https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cssaspecpub7.c3>. Acesso em: 20 jan. 2022.

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. **Journal of Agricultural Science**, v. 153, p. 1059-1068, 2014. DOI: 10.1017/S0021859614000781.

Disponível em: <https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-agricultural-science/article/abs/yield-stability-of-soybean-cultivars-in-response-to-sowing-date-in-the-lower-latitude-brazilian-savannah-highlands/DF3AC94F00FA87BAF67E06014B94F593>.

Acesso em: 17 dez. 2021.

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAI, R.L.; HAMAWAKI, C.L.; MATTOS, T.P.; SILVEIRA, I.C.; MEDEIROS, L.A. Inheritance of precocity and agronomic characters in soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 4, 2017a. DOI: 10.4238/gmr16039842. 10.4238/gmr16039842. Disponível em: <https://www.geneticsmr.com/sites/default/files/articles/year2017/vol16-4/pdf/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: 22 dez. 2021.

TEJO, D. P.; FERNANDES, C. H. S.; BURATTO, J. S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. **Revista Científica Eletrônica de XIX da FAEF**, Garça, v. 35, n. 1, p. 1-9, 2019. Disponível em:

http://faef.revista.inf.br/imagens_arquivos/arquivos_destaque/hw9EU5Lusw7rZZH_2019-6-19-14-11-1.pdf. Acesso em: 11 dez. 2021.

UMBURANAS, R. C.; YOKOYAMA, A. H.; BALENA, L.; DOURADO-NETO, D.; TEIXEIRA, W. F.; ZITO, R. K.; REICHARDT, K.; KAWAKAMI, J. Soybean yield in different sowing dates and seeding rates in a subtropical environment. **International Journal of Plant Production**, v. 13, n. 2, p. 117-128, 2019. DOI: 10.1007/s42106-019-00040-0.

Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s42106-019-00040-0>. Acesso em: 23 jan. 2022.

VALE, E. H.; HAWERROTH, M. C.; CAVALCANTI, J. J. V.; VIDAL NETO, F. C.; MELO, D. S. Desempenho de híbridos de cajueiro-anão-precoce no litoral do estado do Ceará. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 36, n. 4, p. 940-949, 2014. DOI: 10.1590/0100-2945-403/13. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rbf/a/TgBbmfvN8TN8CYyZ7LpBBys/?lang=pt>. Acesso em: 19 jan. 2022.

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; HAMAWAKI, R. L.; SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic parameters, and

correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 35, n. 5, p. 1300-1314, 2019. DOI: 10.14393/BJ-v35n5a2019-42656. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42656>. Acesso em: 20 jan. 2022.

ZUFFO, A. M.; RIBEIRO, A. B. M.; BRUZI, A. T.; ZAMBIAZZI, E. V.; FONSECA, W. L. Correlações e análise de trilha em cultivares de soja cultivadas em diferentes densidades de plantas. **Cultura Agrônômica**, Ilha, Solteira, v.27, n.1, p.78-90, 2018. DOI: 10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90. Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2018v27n1p78-90>. Acesso em: 23 dez. 2021.