



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA, DIVERSIDADE GENÉTICA E
CORRELAÇÕES EM SOJA**

Aluna: Morganna Aparecida Justino Teixeira

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

**UBERLÂNDIA – MG
2021**



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA, DIVERSIDADE GENÉTICA E
CORRELAÇÕES EM SOJA**

Aluna: Morganna Aparecida Justino Teixeira

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

**Disertação apresentada à
Universidade Federal de
Uberlândia como parte dos
requisitos para obtenção do
Título de Mestre em Genética e
Bioquímica (Área Genética).**

**UBERLÂNDIA - MG
2021**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

- T266c
2021
- Teixeira, Morganna Aparecida Justino, 1993-
Capacidade combinatória, diversidade genética e correlações em soja
[recurso eletrônico] / Morganna Aparecida Justino Teixeira. - 2021.
- Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia.
Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2021.5598>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.
1. Genética. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Orient.). II.
Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em
Genética e Bioquímica. III. Título.

CDU: 575

Glória Aparecida
Bibliotecária - CRB-6/2047



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e
Bioquímica

Av. Pará 1720, Bloco 2E, Sala 244 - Bairro Umarama, Uberlândia-MG, CEP 38400-902
Telefone: +55 (34) 3225-8438 - www.ppggb.ibtec.ufu.br - ppggb@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico/PPGGB.				
Data:	Trinta de junho de dois mil e vinte e um	Hora de início:	14:50h	Hora de encerramento:	15:30h
Matrícula do Discente:	11822GBI011				
Nome do Discente:	Morganna Aparecida Justino Teixeira				
Título do Trabalho:	Capacidade combinatória, diversidade genética e correlações em soja.				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Epigenética, Biologia e Melhoramento de Plantas Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento e técnicas de validação artificial para seleção de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática por fenotipagem por imagem.				

Aos trinta dias do mês de junho de dois mil e vinte e um, às 14:50 horas, reuniu-se via web conferência pela plataforma *Google Meet*, em conformidade com a Portaria nº 36, de 19 de março de 2020 da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES e Resolução de nº 06/2020 do Conselho de Pesquisa e Pós-graduação pela Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientador), Raphael Lemes Hamawaki e Polianna Alves Silva Dias. A participação dos dois últimos se deu por epístola. Iniciando os trabalhos o (a) presidente Dr (a). Ana Paula Oliveira Nogueira apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença dos participantes, 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 procedeu a leitura das epístolas enviadas pelos membros da banca. Em seguida os membros presentes, passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a leitura das epístolas e 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.

Esta defesa de Dissertação de Mestrado é 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 **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/06/2021, às 17:07, 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 **Polianna Alves Silva Dias, Usuário Externo**, em 30/06/2021, às 19:47, 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 **Raphael Lemes Hamawaki, Usuário Externo**, em 30/06/2021, às 19:52, 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 **2834629** e o código CRC **201D9EE4**.

Referência: Processo nº 23117.038237/2021-94

SEI nº 2834629



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
PÓS-GRADUAÇÃO EM GENÉTICA E BIOQUÍMICA**

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA, DIVERSIDADE GENÉTICA E
CORRELAÇÕES EM SOJA**

ALUNA: Morganna Aparecida Justino Teixeira

COMISSÃO EXAMINADORA

Presidente: Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientadora)

Examinadores: Raphael Lemes Hamawaki
Polianna Alves Silva Dias

Data da Defesa: 30/06/2021

As sugestões da Comissão Examinadora e as Normas PGGB para o formato da Dissertação/Tese foram contempladas

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

Dedico este trabalho a Deus, por sempre estar ao meu lado, à minha mãe Rubia e minha vó Anestora, pelo carinho e suporte, e aos meus amigos por todo apoio e incentivo.

AGRADECIMENTOS

Dedico a Deus, por me dar força e sabedoria para enfrentar todos os obstáculos e poder realizar mais esta conquista.

À toda minha família, especialmente minha mãe, Rubia, e minha vó, Anestora, pelo apoio incondicional durante mais esta etapa, me fazendo prosseguir.

À minha tia Wesleyne e seu marido Edimilson, por todo o suporte e auxílio durante a caminhada.

Aos colegas do Programa de Melhoramento de Soja, Alex e Fábio, por todo auxílio com os experimentos.

A todos os alunos da Agronomia e Biotecnologia que contribuíram de alguma forma com os trabalhos, especialmente a Ketly, que me ajudou bastante na avaliação dos experimentos.

Às amigas que o Mestrado me deu, Anna Regina e Lorryne, e suas respectivas famílias, pela parceria durante esses anos, tanto nos experimentos na fazenda, quanto na vida, o apoio de vocês foi imprescindível.

Ao meu amigo Lander, por sempre acreditar em mim e me apoiar.

À Vanessa, por toda ajuda na parte final do trabalho e por toda disponibilidade.

Ao professor Dr. Osvaldo T. Hamawaki e ao Programa de Melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade.

À Professora Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, pela orientação e disponibilidade.

À CAPES, pelo suporte financeiro que tornou possível a conclusão deste projeto.

A todos que contribuíram de forma direta e indireta para que mais esta etapa fosse concluída. A contribuição de cada um foi essencial para o meu crescimento.

A todos, o meu muito obrigada!

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1 - Genitores e híbridos F1's (tratamentos) de soja utilizados no estudo.....	31
Tabela 2 - Resumo da análise de variância em esquema de dialelo parcial envolvendo seis combinações híbridas e quatro genitores.....	35
Tabela 3 - Agrupamento de médias dos genitores e híbridos F1's para os caracteres agronômicos avaliados.....	38
Tabela 4 - Estimativas do efeito da capacidade geral de combinação (g_i) de três cultivares de soja e uma linhagem do Programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia.....	42
Tabela 5 - Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação (S_{ii} S_{ij}) de três cultivares de soja e uma linhagem do Programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia.....	45

CAPÍTULO III

Tabela 1 - Teste F, coeficiente de variação (CV) e herdabilidade entre 27 genótipos de soja para 14 caracteres agronômicos.....	68
Tabela 2 - Médias de caracteres de 27 genótipos de soja convencional cultivadas no município de Uberlândia, MG safra 2018/2019.....	71
Tabela 3 - Médias de caracteres de 27 genótipos de soja convencional cultivadas no município de Uberlândia, MG safra 2019/2020.....	73
Tabela 4 - Dissimilaridade genética, baseada na distância generalizada de Mahalanobis, entre 27 genótipos de soja com relação a 14 caracteres para as safras de 2018/2019 e 2019/2020.....	80
Tabela 5 - Agrupamento de otimização de Tocher entre 27 genótipos de soja, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis obtida por caracteres agronômicos da safra 2018/2019 e 2019/2020.....	83
Tabela 6 - Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas para 27 genótipos na safra de 2018/2019 e 2019/2020.....	84

Tabela 7 - Contribuição relativa de caracteres agronômicos em 27 genótipos de soja para a safra 2018/2019 e 2019/2020, conforme critério de Singh (S.j.) (1981).....	88
Tabela 8 - Correlações fenotípicas e genotípicas entre 14 caracteres agronômicos avaliados em 27 genótipos de soja nas safras de 2018/2019 e 2019/2020, Uberlândia – MG.....	90

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO II

Figura 1. Temperatura máxima e mínima na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, safra 2019/20, durante os meses de outubro de 2019 a fevereiro de 2020..... 28

CAPÍTULO III

Figura 1. Precipitação e temperaturas máxima, média e mínima no período de novembro/2018 a abril/2019 em Uberlândia-MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC)..... 57

Figura 2. Precipitação e temperaturas máxima, média e mínima no período de outubro/2019 a abril/2020 em Uberlândia-MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC)..... 58

Figura 3. Dendogramas representativos da dissimilaridade genética de 27 genótipos de soja convencionais avaliados em Uberlândia-MG, pelo método UPGMA. A) Safra 2018/2019; B) Safra 2019/2020. Coeficiente de correlação cofenética: 0,94** e 0,90**, safras de 2018/2019 e 2019/2020, respectivamente. **Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo test t..... 82

Figura 4. Dispersão gráfica de 27 genótipos de soja, em relação às três primeiras variáveis canônicas. VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2; VC3: Variável canônica 3; Pontos de 1 a 19 e 21 a 27: linhagens do Programa da UFU em ordem numérica; Ponto 20: Cultivar BRS GO 7560. A) safra 2018/2019. B) safra 2019/2020..... 86

SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO.....	1
CAPÍTULO I - FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	2
1.1 Soja: origem, introdução e expansão no Brasil.....	2
1.2 Importância da soja sob a perspectiva econômica.....	3
1.3 Importância do melhoramento genético da soja.....	5
1.4 Análise dialética.....	7
1.5 Diversidade genética em soja.....	9
1.6 Análises multivariadas aplicadas em estudo de diversidade genética.....	11
1.7 Correlações entre caracteres.....	13
REFERÊNCIAS.....	15
CAPÍTULO II. Avaliação de genitores de soja via análise dialética visando produtividade de grãos e caracteres agronômicos.....	24
1 INTRODUÇÃO.....	26
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	28
2.1 Local de instalação do experimento.....	28
2.2 Seleção dos genitores.....	28
2.3 Instalação do bloco de cruzamentos e hibridação.....	29
2.4 Análise genético-estatística.....	33
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	34
4 CONCLUSÕES.....	47
REFERÊNCIAS.....	48
CAPÍTULO III. Diversidade genética entre linhagens de soja a partir de caracteres de interesse agronômico.....	53
1 INTRODUÇÃO.....	55
2 MATERIAL E MÉTODOS.....	57
2.1 Local do experimento.....	57
2.2 Tratamento e delineamento experimental.....	58

2.3 Instalação e condução dos experimentos.....	59
2.4 Tratos culturais.....	59
2.5 Caracteres agronômicos avaliados.....	60
2.6 Análise estatística.....	61
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	68
4 CONCLUSÕES.....	93
REFERÊNCIAS.....	94

APRESENTAÇÃO

O aumento da produtividade da soja, assim como sua expansão, se deve ao avanço de novas tecnologias de produção e ao melhoramento genético. Em programas de melhoramento, o incremento de grãos, a adaptabilidade e a resistência aos fatores bióticos e abióticos dos genótipos são priorizados.

Neste processo, algumas etapas fundamentais envolvem a escolha dos genitores, a obtenção e a condução da população segregante até a seleção de linhas puras. Estudos revelam que a base genética da soja é estreita e, uma vez que a variabilidade genética é o que dá suporte ao melhoramento, metodologias que auxiliem na seleção dos genitores e na predição da performance das populações segregantes são de extrema importância.

Neste contexto, os estudos de divergência genética e análise dialélica podem ser utilizados para esta finalidade. A avaliação de parâmetros genéticos também é essencial no entendimento em relação à influência dos genes envolvidos na expressão dos caracteres. As correlações são úteis para o entendimento das inter-relações dos caracteres e auxiliam os melhoristas na melhor definição dos critérios de seleção.

O primeiro capítulo desta dissertação aborda aspectos gerais sobre a cultura da soja, o impacto econômico da cultivar, a importância do melhoramento genético vegetal, análise dialélica, diversidade genética e estudos de correlações. O segundo capítulo foi desenvolvido visando verificar a capacidade geral e específica entre o cruzamento de quatro genitores (BRS 263, TMG 4185, TMG 803 e UFUS Guará), pretendendo identificar as melhores combinações híbridas para atributos agronômicos e, conseqüentemente, a geração de linhagens de sucesso. O terceiro capítulo teve como objetivo a análise da diversidade genética entre 27 genótipos de soja e a correlação entre os caracteres avaliados.

CAPÍTULO 1 - FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

1.1 Soja: origem, introdução e expansão no Brasil

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] tem como centro de origem o nordeste da China, mais especificamente a região da Manchúria. Há aproximadamente 5.000 anos atrás, plantas rasteiras que se desenvolviam ao longo do rio Yangtse constituam a soja selvagem, a qual era utilizada como base alimentar pelos povos locais. A partir de cruzamentos naturais realizados por pesquisadores da antiga China com duas espécies de soja selvagem, o grão passou pelo processo de domesticação, originando assim a soja cultivada atualmente (QI et al., 2021).

Ao longo de dois milênios, a soja permaneceu restrita apenas à China. Apenas no início do século XVI, com a chegada dos primeiros navios europeus no país, a soja foi introduzida no Ocidente. O primeiro plantio no continente europeu ocorreu no ano de 1739, no Jardim Botânico de Paris e, posteriormente, sementes de soja foram também distribuídas para a Alemanha, Áustria, Holanda, Suíça, Polônia, França, Itália e Hungria (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

O ano de 1804 marcou a chegada da soja nas Américas, precisamente na região da Pensilvânia, nos Estados Unidos. No mesmo século, a espécie tornou-se conhecido em países como Argentina, Cuba e Canadá, sendo que em 1880, grande parte das estações experimentais de agricultura já realizavam ensaios com a soja (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Por sua vez, em 1882, cultivares oriundos dos Estados Unidos foram introduzidos no estado da Bahia, no Brasil. Contudo, em decorrência das condições climáticas e diferenças de latitude em relação ao seu local de origem, a soja não apresentou boa adaptação. Porém, no estado do Rio Grande do Sul, observou-se que a soja apresentou melhor desenvolvimento. De fato, as condições climáticas do estado eram semelhantes às condições encontradas nos Estados Unidos, o que contribuiu para seu sucesso na região Sul (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015; CATTELAN, DALL'AGNOL, 2018).

Dessa forma, à medida em que foi constatada uma boa adaptação da soja na região sul, as pesquisas com a cultivar foram intensificadas, e foram realizados investimentos em estudos referentes à fertilidade do solo, além da implantação de

programas de melhoramento genético. A partir de 1935, a soja passou a ser produzida em escala comercial no Rio Grande do Sul e, em 1938, a Alemanha foi o primeiro país a importar a soja brasileira (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Já em 1950, o cultivo da planta avançou para as regiões Sudeste, Norte e Nordeste, e nessa mesma década, foi inaugurada a primeira fábrica de extração de óleo para fins alimentícios, constituindo mais um atrativo à cadeia produtiva do grão (SENTELHAS et al., 2015).

Devido ao trabalho de experimentação, elevado valor da soja no mercado internacional e rápida expansão no território nacional a partir da década de 1970, a participação do Brasil na produção mundial passou de 0,5%, conforme estatísticas de 1958, para 16% em 1976. Dados recentes da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) apontam que, após o encerramento da safra 2019/2020, o Brasil retornou para o posto de maior país produtor de soja no âmbito mundial (CONAB, 2021).

1.2 Importância da soja sob a perspectiva econômica

Dentre as atividades econômicas que tem se destacado na última década, a sojicultura tem mostrado resultados consideráveis, apresentando um aumento de 200 milhões de toneladas no consumo global desde os anos setenta (BOEREMA et al., 2016). Algumas razões podem ter contribuído para tal acontecimento, dentre elas o progresso e estruturação de um mercado internacional consolidado vinculado com a comercialização de um conjunto de produtos oriundos de diferentes etapas produtivas da agroindústria; a utilização da leguminosa como fonte significativa de proteína vegetal e os avanços tecnológicos, que tornaram viáveis o crescimento e aproveitamento da soja para diferentes regiões do mundo (HIRAKURI; LAZZAROTTO, 2014).

A soja representa uma das maiores fontes de óleo vegetal e componentes proteicos, podendo ser utilizados na alimentação humana, animal e produtos industriais (MONTEIRO et al., 2017; ROCHA; PEREIRA; VELLO, 2018). Ela possui o maior conteúdo de proteína (40-42%) de todas as outras culturas alimentares e ocupa a segunda posição dentre as outras leguminosas em relação ao teor de óleo (18-22%) (PAGANO; MIRANSARI, 2016). Recentemente, também tem sido

utilizada para produção de biodiesel, tinta, biocompósitos e bioplásticos, adesivos e ceras, dentre outros. Nesse sentido, sua vasta utilização revela a importância da cultura para a economia global (PAN; ZHANG; ZICARI, 2019).

A produção mundial de soja tem crescido massivamente nos últimos anos, sendo que durante o período de 2000/2001 a 2016/2017, houve um crescimento de 176 milhões para 350 milhões de toneladas. De acordo com a *United States Department of Agriculture* (USDA), a produção mundial de soja na safra 2019/2020 foi de 337,30 milhões de toneladas em uma área plantada de 122,64 milhões de hectares, e poderá alcançar 370,40 milhões de toneladas na safra 2020/2021 (USDA, 2020).

Enquanto os Estados Unidos passaram a ser o segundo maior produtor de soja do planeta, com uma produção de 96,676 milhões de toneladas em uma área plantada de 30,33 milhões de hectares (USDA, 2020), o Brasil retomou o posto de maior produtor mundial do grão, totalizando uma produção de 124,84 milhões de toneladas de soja em uma área de plantio de 36,95 milhões de hectares (CONAB, 2020). Projeções da Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) estimam que a produção da safra brasileira de 2020/2021 supere a safra anterior, totalizando 133,70 milhões de toneladas e uma área cultivada de 36,90 milhões de hectares, mantendo assim o Brasil como o principal produtor mundial (CONAB, 2020).

Além de ser um importante produtor, o Brasil também se destaca como um notável exportador. Conforme a Associação Nacional dos Exportadores de Cereais (ANEC), o Brasil exportou o equivalente a 82,27 milhões de toneladas de soja em 2020, um aumento de 13,56% em comparação ao ano anterior. O principal comprador de soja do país foi a China, com uma representação massiva de 74% das exportações, seguido pela Espanha (4%) (ANEC, 2021). No ano de 2017, segundo a Secretaria de Comércio Exterior (SECEX/MDIC), o país exportou uma receita equivalente a US\$ 31,7 bilhões, colocando a soja na principal posição da pauta de exportações do Brasil, destacando sua importância em âmbito nacional e mundial (IEA, 2018). De acordo com o mais recente relatório emitido pela CONAB, em 2021, a estimativa é de uma exportação aproximada de 85,6 milhões de toneladas de grãos de soja (AMAZONAS, 2021).

No Brasil, o estado do Mato Grosso é o responsável pela maior produção de soja, seguido pelo Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul, que

contribuem com quase 80% do total da produção do país (CONAB, 2020). Por sua vez, em relação ao estado de Minas Gerais, destaca-se que a produção da soja atingiu seu recorde na safra 2019/2020, com 15,40 milhões de toneladas de grãos produzidos, e sinaliza um novo recorde para a safra de 2020/2021, com uma estimativa de 17 milhões de toneladas, indicando um crescimento de 14,6% em relação à safra anterior, em uma área plantada de 1,9 milhão de hectares, totalizando um aumento expressivo de 16,4% em comparação à safra 2019/2020 (CONAB, 2021).

1.3 Importância do melhoramento genético da soja

As inovações tecnológicas no setor da produção de soja têm contribuído para o desenvolvimento de melhores cultivares e aumento de produtividade, e nesse contexto, destacam-se os programas de melhoramento genético (CONCEIÇÃO et al., 2014; GAZZONI, 2018). Originalmente, os programas de melhoramento genético da soja limitavam-se somente à introdução de linhagens originadas dos Estados Unidos, caracterizada como uma planta de dias curtos e clima temperado. No entanto, conforme o cultivo expandiu para o Norte, Nordeste e Centro-Oeste, regiões que apresentam condições agroclimáticas diferentes da região de origem da soja, foi necessário que os programas de melhoramento genético elaborassem estratégias de seleção e desenvolvimento de linhagens com período juvenil mais longo (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Dessa forma, foram consideradas populações segregantes de cruzamentos envolvendo acessos do Banco Ativo de Germoplasma americano, o que praticamente dobrou a produtividade dos grãos e resultou em um expressivo aumento de hectares de soja cultivados no país, saltando de aproximadamente 7 milhões no ano de 1976 para trinta milhões na safra de 2014/2015 (CONAB, 2015).

O melhoramento genético vegetal engloba desde a domesticação de genótipos selvagens até a utilização de técnicas científicas modernas para a produção de cultivares melhoradas (MACHADO, 2014). Atualmente, os programas de melhoramento de soja têm desenvolvido novos cultivares com elevada estabilidade, adaptabilidade, uniformidade e caracteres agronômicos superiores. De fato, o melhoramento genético da soja tem auxiliado de forma considerável a

cadeia produtiva do grão e, conseqüentemente, o sistema agrícola brasileiro, diminuindo os custos de produção, expandindo o cultivo para novas áreas, elevando o rendimento produtivo e contribuindo com o produto interno bruto (PIB) do país (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

O desenvolvimento de genótipos superiores de soja advém de incessantes estudos do melhoramento genético. Os programas de melhoramento são fundamentados em fins gerais e específicos, cujo objetivo é solucionar as barreiras enfrentadas pelas cultivares, limitando-as de expressar todo seu potencial produtivo (DALLASTRA et al., 2014). Dentre as qualidades que tornam uma cultivar interessante, pode-se citar a resistência à doenças e pragas; resistência ao acamamento e a deiscência precoce; boa qualidade fisiológica da semente, adequação às exigências ambientais específicas e ideótipo de planta propício ao complexo agrícola da localidade em que a produção ocorrerá (SEDIYAMA, SILVA, BORÉM, 2015).

Através dos programas de melhoramento genético, muito progresso nesse âmbito tem sido alcançado nos últimos anos (BURTON, MIRANDA; 2013). De acordo com a *Food and Agriculture Organization* (FAO), ao longo do último século, o melhoramento vegetal foi responsável por aproximadamente 50% do aumento da produtividade das culturas, sendo o restante da contribuição atribuído aos manejos culturais (FAO, 2020).

No decorrer do período 1924-2017, a produção média de soja das fazendas nos Estados Unidos aumentou de 739 para 3300 kg há⁻¹. Este aumento na produção decorreu de melhorias em genética, práticas agrônômicas, ambiente de produção e interações entre todos os três fatores (ANDERSON et al., 2019).

Mesmo com todo avanço obtido, os programas de melhoramento ainda enfrentam alguns desafios, dentre eles: as mudanças climáticas, o crescimento populacional, a globalização com a constante migração de insetos e doenças, ervas daninhas, a diminuição de recursos, como água e nutrientes do solo, assim como o controle da utilização de insumos (USDA, 2015).

Em programas de melhoramento, o conhecimento referente à divergência genética é de extrema relevância, por possibilitar a identificação de combinações híbridas que produzam nas gerações segregantes uma maior variabilidade genética (FERREIRA JÚNIOR et al., 2015).

Um programa de melhoramento de soja envolve diversos estágios, com a finalidade de obter linhagens homocigotas com caracteres agronômicos superiores. Deste modo, torna-se necessária a execução de cruzamentos entre cultivares divergentes para gerar populações segregantes promissoras, as quais serão submetidas à análises com base nos atributos agronômicos desejados, assim como a seleção dos genótipos com melhor desempenho no decorrer das gerações (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Durante a seleção de genótipos desejáveis, é imprescindível realizar testes de avaliação com repetição em diferentes ambientes (locais e anos), a fim de detectar a interação genótipo x ambiente e a provável adaptabilidade de acordo com a produtividade e estabilidade, sendo a escolha do método de melhoramento de extrema importância para o sucesso dos programas de melhoramento (SULISTYO; MEJAYA, 2018; NAJAFABADI; TULPAN; ESKANDARI, 2021). Desta forma, conhecer as estimativas dos parâmetros genéticos e fenotípicos, como herdabilidade, correlações, ganho esperado de seleção e estudos de divergência genética torna-se bastante relevante, pois essas informações auxiliam os melhoristas na escolha do método mais adequado para o objetivo que se deseja alcançar. Estes parâmetros podem ser obtidos através de delineamentos genéticos estatísticos baseados em modelos matemáticos, estabelecendo o modo de execução dos experimentos e as metodologias estatísticas referentes à avaliação dos parâmetros (HAMAWAKI et al., 2012).

1.4 Análise dialélica

Em qualquer programa de melhoramento genético, a escolha dos genitores é de extrema relevância para o desenvolvimento de cultivos de sucesso. Esta escolha contribui para o entendimento da estrutura genética das populações avaliadas, tornando mais eficiente a escolha dos parentais que serão empregados no cruzamento (PAINKRA; NAG; KHUTE, 2017).

Dentre os métodos que contribuem para a escolha dos genitores, os cruzamentos dialélicos têm sido amplamente aplicados por melhoristas (CERUTTI et al., 2020). Esta metodologia analítica demonstra que os p possíveis genótipos

podem ser agrupados em uma tabela e classificados em três diferentes grupos, incluindo os p progenitores, $p(p-1)/2$ híbridos F1's, e $p(p-1)/2$ híbridos F1's recíprocos, ou seja, além dos parentais em questão, pode englobar os híbridos recíprocos e outras gerações associadas, como por exemplo a geração F2 e retrocruzamentos (ASSUNÇÃO FILHO, 2016).

A análise dialélica é um método genético- estatístico que fornece estimativas acerca dos parâmetros e efeitos gênicos que contribuem na manifestação dos caracteres, auxiliando na seleção de genitores em cruzamentos. De forma geral, têm sido utilizados diversos esquemas de combinações de cruzamentos dialélicos, tais como os dialelos balanceados, parciais, circulantes, incompletos e desbalanceados. Dentre as metodologias dialélicas mais comumente empregadas, destaca-se a proposta elaborada por Griffing (1956), que permite estimar os efeitos e as somas de quadrados dos efeitos da capacidade geral e específica de combinação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

As análises dialélicas são conduzidas com base nas médias das combinações genotípicas resultantes de experimentos considerando diversos delineamentos, e o modelo estatístico proposto é $Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + \epsilon_{ij}$, sendo que Y_{ij} representa o valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$), m representa a média geral, g_i e g_j consideram os efeitos da capacidade geral de combinação do i -ésimo e do j -ésimo genitor, respectivamente; s_{ij} , o efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j , e ϵ o erro experimental médio (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). De acordo com a metodologia proposta por Griffing, é possível estimar a capacidade geral de combinação (CGC) de cada genitor, o qual auxilia no desenvolvimento de genótipos superiores, e a capacidade específica de combinação (CEC), que estima a performance dos híbridos (ROCHA et al., 2014).

De fato, a seleção de progenitores considerando apenas as características de interesse é incapaz de garantir a obtenção de descendentes geneticamente promissores (ROCHA et al., 2014). Com isso, é essencial analisar o desempenho "per se" dos genitores (CGC), além de suas combinações híbridas (CCE). A CGC é conferida a genes com efeito aditivo, ao passo que a CCE está associada a efeitos gênicos não aditivos, o que determina a distinção das combinações híbridas em comparação ao comportamento médio do pai (TEODORO et al., 2019).

Estudos prévios referentes à cultura da soja têm utilizado a metodologia proposta por Griffing em estudos envolvendo aumento de produtividade dos grãos, resistência a doenças, e desenvolvimento de características agronômicas de interesse (ROCHA et al., 2014; ZEINAB; HELAL, 2014; YASSUE, 2018; NKHATA et al., 2021), evidenciando, portanto, o método como uma das principais metodologias utilizadas em programas de melhoramento genético.

1.5 Diversidade genética em soja

O estudo sobre a diversidade genética na soja tem demonstrado grande relevância para a avaliação do impacto de atividades antrópicas na diversidade e para fins de melhoramento genético. A diversidade genética proporciona a compreensão acerca da variabilidade genética das populações por permitir o acompanhamento dos bancos de germoplasma e fornecer dados importantes para a conservação e a utilização dos recursos genéticos vegetais, sendo que a variabilidade genética representa uma forma de assegurar a base para ganhos genéticos e manter a capacidade das espécies de responder a estresses bióticos ou abióticos, e alterações climáticas (OLIVEIRA JUNIOR et al., 2014; ROTILI et al., 2015).

Os programas de melhoramento de soja visam a obtenção de genótipos que reúnam características favoráveis ao estabelecimento desta cultivar, além de mostrar um alto potencial produtivo (ZAMBIAZZI et al., 2017). Conhecer o grau de variabilidade genética entre os diferentes genótipos é imprescindível para a efetividade de um programa de melhoramento (BALDISSERA et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2017).

Apesar da grande importância da soja no cenário internacional e nacional, sendo o Brasil o maior produtor mundial do grão, a base genética do germoplasma da soja brasileira é ainda considerada estreita devido ao histórico recente dos programas de melhoramento, cujo primeiro cultivar foi desenvolvido somente na década de 1940, e em decorrência do pequeno número de ancestrais, advindos principalmente dos Estados Unidos (SANTOS et al., 2016).

De fato, a utilização de um pequeno conjunto de genótipos nos programas de melhoramento impacta diretamente na perda da diversidade, e outros fatores

também podem limitar o potencial de produção da soja, como condições ambientais desfavoráveis e o surgimento de doenças (SANTOS et al., 2016). Com isso, ao longo do tempo, o estreitamento genético pode contribuir para a vulnerabilidade genética, acarretando em riscos associados à propensão a doenças e a limitação da produtividade (WYSMIERSKI, 2010; ZAMBIAZZI et al., 2017).

O estudo de Hiromoto e Vello (1986), descreveu um total de 26 ancestrais que demonstraram contribuições significativas para o germoplasma brasileiro. Dentre eles, destaca-se que grande parte do germoplasma brasileiro é oriundo de quatro genótipos (CNS, S-100, Roanoke e Tokyo), responsáveis por contribuir com mais da metade da base genética lançada no Brasil (GWINNER et al., 2017; SILVA et al., 2021). É importante ressaltar que a variabilidade genética disponível entre as cultivares ainda é pequena.

No processo de hibridação artificial em plantas autógamas, são utilizados em sua maioria, cruzamentos entre dois genitores (biparentais). Desta forma, o maior obstáculo deste modelo de cruzamento encontra-se na variação genética limitada e na baixa capacidade de recombinação, fato este ocasionado pela base genética reduzida inicialmente e ao processo de autofecundação que ocorre subsequentemente, contribuindo para a delimitação da recombinação genética ao passo que a população se aproxima da homozigose (RIGON et al., 2012).

Os estudos de diversidade genética contribuem para um melhor entendimento sobre a relação evolucionária entre os genótipos e para criar estratégias visando incorporar genes de interesse nas progênes, a fim de proporcionar um maior contraste genético nas gerações segregantes. Para se obter as seguintes populações, de forma que apresentem uma extensa variabilidade genética, a escolha dos genitores com elevado grau de dissimilaridade para serem os parentais no processo de hibridação é essencial para o sucesso (OLIVEIRA et al., 2017).

Uma estratégia que pode auxiliar os programas de melhoramento a aumentar a variabilidade genética é a incorporação de novas fontes de germoplasma, como por exemplo através de genótipos conhecidos como introdução de plantas (PIs). Em situações específicas, a utilização de germoplasmas selvagens é uma alternativa relevante no processo e pode auxiliar na introdução de alelos específicos de interesse (MARCONATO et al., 2016).

A diversidade genética pode ser inferida por meio de duas maneiras, sendo ela de natureza quantitativa ou preditiva. As análises preditivas não exigem a obtenção prévia das combinações híbridas, e, portanto, recebem maior atenção pelos pesquisadores. Diversas metodologias têm sido utilizadas para avaliar a diversidade genética entre diferentes genótipos de soja, sendo elas características agronômicas e morfológicas, isoenzimas, informação de pedigree e marcadores de DNA (PERIĆ et al., 2014; MUKUZE et al., 2020), e os métodos preditivos têm sido empregados em estudos com o objetivo de selecionar genótipos divergentes para hibridações visando a obtenção de híbridos superiores, identificação da diversidade genética existente em grupos de genótipos específicos e para o fornecimento de resultados para aumento da base genética dos programas de melhoramento genético de soja (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

1.6 Análises multivariadas aplicadas em estudo de diversidade genética

As técnicas estatísticas multivariadas representam um grupo de metodologias e procedimentos estatísticos que aplicam, concomitantemente, todos os aspectos das características na análise teórica de uma coleção de dados, considerando as correlações presentes entre essas características (LEITE et al., 2018; SANTOS, 2021).

Na caracterização da diversidade genética das espécies vegetais, os melhoristas visam agrupar genótipos similares para que as maiores diferenças ocorram entre os grupos formados. Métodos multivariados, incluindo a análise de coordenadas e de agrupamentos, componentes principais e análise discriminante, podem ser aplicadas nesses estudos. A seleção de um desses métodos varia conforme o padrão de resultado desejado e informação disponível, sendo elas morfológicas, fisiológicas, genético-molecular ou ecológica (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

As técnicas de análise de dados multivariadas possibilitam uma avaliação de forma geral dos atributos avaliados, demonstrando as associações, correspondências e contrastes entre eles, minimizando assim o risco de perda de informações (EL-HAWARY et al., 2021).

A avaliação da diversidade genética pela análise multivariada mostra-se eficiente, uma vez que permite a detecção da variabilidade genética, a contribuição de cada caráter analisado no tocante à divergência genética, além da percepção das combinações mais prováveis de obterem resultados superiores, anteriormente das hibridações serem efetuadas (BASAGLIA et al., 2020).

Dentre os estudos de diversidade genética em soja que têm sido empregados utilizando métodos multivariados, podem ser citados estudos visando a composição de ácidos graxos (LIMA; PELUZIO, 2015), rendimento de óleo (LOPES et al., 2014), qualidade de sementes (SANTOS et al., 2012), resistência a pragas (MATSUO et al., 2011) e avaliação de atributos agronômicos (MACHADO et al., 2017).

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2014), os métodos de agrupamento se diferenciam dos demais, porque dependem fundamentalmente de medidas de dissimilaridade genética estimadas previamente, como a distância euclidiana ou a análise de Mahalanobis, dentre outras. Por sua vez, o método dos componentes principais, e também o método da análise canônica visam avaliar a similaridade dos genitores através de uma dispersão gráfica, em que normalmente são considerados dois eixos cartesianos.

A análise de agrupamentos tem como objetivo agregar os genótipos avaliados em grupos, de tal modo que possa ser observada a máxima uniformidade dentro do grupo e a máxima divergência entre os grupos. Dentre esta classe de técnicas de agrupamento, as mais empregadas são os hierárquicos e de otimização (FARIA et al., 2012).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos analisados são aglomerados por um sistema que se repete em diversos pontos até que um dendograma seja definido com elevada capacidade de informação. Estes métodos são classificados como aglomerativos e divisivos, e dentre os aglomerativos podem ser apontados os métodos do vizinho mais próximo, vizinho mais distante e o de ligação média entre pares de grupos não ponderados (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* -UPGMA), comumente empregado na identificação de genótipos mais semelhantes.

O método de UPGMA consiste em uma técnica não-ponderada de agrupamento que faz uso das médias aritméticas dos dados de dissimilaridade,

desta forma previne-se que a divergência entre os genótipos seja representada por medidas extremas (máximo e mínimo) (KAUSHIK et al., 2018).

Nos métodos de otimização, os grupos são definidos aprimorando um parâmetro específico de agrupamento, o que não ocorre nos métodos hierárquicos, onde os grupos são estruturados de modo mutuamente únicos. O método de otimização de Tocher é um dos mais amplamente utilizados desta categoria, e nesta metodologia é admitido o padrão de condicionar a distância média intragrupos sempre menor à distância intergrupos, seja ela qual for (RIBEIRO et al., 2019).

As variáveis canônicas representam uma outra técnica de análise multivariada que pode ser utilizada para analisar o nível de divergência entre diferentes genótipos considerando ambas as matrizes de covariância, residual e a fenotípica, entre as características estudadas. Quando aplicada em estudos de diversidade genética, este método permite que os genótipos similares sejam identificados em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Similarmente à técnica dos componentes principais, as variáveis canônicas têm como objetivo a limitação de dimensão, possibilitando facilitar a coleção de dados através da síntese das informações, inicialmente incluídas em um grupo de n variáveis, em variáveis limitadas, que demonstram as singularidades de conservar o máximo da variação inicialmente disponível e serem independentes entre si.

A efetividade da utilização das variáveis canônicas em trabalhos de divergência genética, em gráficos de dispersão, limita-se à concentração da variabilidade disposta entre as primeiras variáveis (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2014).

1.7 Correlações entre caracteres

Correlação é o grau de associação linear entre duas variáveis, cujo o conhecimento é de extrema importância para fins de seleção, pois aponta como a seleção para um caráter irá influenciar a expressão dos demais (NICOLAI; LIMA; TOMAZ, 2017). O nível de conexão entre essas características é mensurado pelo coeficiente de correlação (KINFE et al., 2015).

A correlação é uma estimativa de magnitude adimensional e seu valor íntegro oscila entre 0 e 1, podendo ser negativo ou positivo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). O sinal positivo indica correlação linear positiva, ou seja, se uma variável aumenta seu valor, a outra também aumenta. Já o sinal negativo sugere uma correlação negativa, ou seja, o aumento no valor de uma variável acarreta na diminuição da outra. Valores de coeficiente entre 0,7 e 1,0 indicam uma forte correlação. Estimativas de correlação iguais a 0 não acarretam na ausência de relação entre duas variáveis, mas apenas sugerem a inexistência de relação linear entre essas variáveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Em genética quantitativa pode-se determinar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação ambiental ocorre quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas alterações do ambiente. Já a relação entre dois caracteres que pode ser observada de forma direta, é a correlação fenotípica. Para fins de melhoramento, somente a correlação genotípica interessa, que é a correlação dos valores genéticos, pois é a aquela que pode ser passada para descendência (FALCONER; MACKAY, 1996; BISINOTTO et al., 2017).

As correlações genéticas entre caracteres manifestam dos efeitos pleiotrópicos dos genes em diversas características e/ou do desequilíbrio de ligação entre diferentes *loci*, cada um deles influenciando um único membro do complexo de caracteres (MALOY; HUGHES, 2013).

Caracteres quantitativos, tais como teor de óleo e proteína e rendimento de grãos, estão sobre o controle de vários genes, além de sofrerem ação ambiental e na maioria das vezes demonstrarem baixa herdabilidade (CONTE et al., 2020). A seleção de caracteres de fácil identificação e mensuração, que se correlaciona fortemente com caracteres de interesse e com altos coeficientes de herdabilidade, permitem aos melhoristas atingirem elevado progresso em um curto intervalo de tempo. Desta forma, a correlação auxilia os melhoristas no processo de seleção, podendo ser utilizada como ferramenta para a seleção indireta, (KONATE et al., 2016; SILVA et al., 2016). Estudos de correlações na cultura da soja tem analisado caracteres que abrangem do florescimento à maturidade, priorizando aqueles que se relacionam com o rendimento de grãos e os componentes ligados a ele (SOUSA et al., 2015).

REFERÊNCIAS

AMAZONAS, L. **Soja-Fevereiro de 2020**. Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB). Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/analises-do-mercado-agropecuário-e-extrativista/analises-do-mercado/historico-de-conjunturas-de-soja>. Acesso em: 13 de maio de 2021.

ANDERSON, E. J.; ALI, M.; BEAVIS, W. D.; CHEN, P.; CLEMENTE, T. E.; DIERS, B. W.; GRAEF, G. L.; GRASSINI, P.; HYTEN, D. L.; MCHALE, L. K.; NELSON, R. L.; PARROTT, W. A.; PATIL, G. B.; STUPAR, R. M.; TILMON, K. J. Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] Breeding: History, Improvement, Production and Future Opportunities. In: **Advances in Plant Breeding Strategies: Legumes**. Springer, Cham, 2019. p. 431-516.

https://doi.org/10.1007/978-3-030-23400-3_12

ANEC. Associação Nacional dos Exportadores de Cereais. **Exportações Mensais de Soja em Grão** - por Porto de Embarque. 2021.

ASSUNÇÃO FILHO, José Ribamar. **Potencial de cruzamentos dialélicos de soja para precocidade, produtividade de grãos e tolerância à ferrugem**. 2016. 91 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 2016.

BALDISSERA, J. N. D. 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**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014.

BASAGLIA, A.; DA SILVA, J. L.; POLETINE, J. P.; BARELLI, M. A. A.; DA SILVA, V. P. Divergência genética, estudo de correlações e análise de trilha na cultura do girassol. **Journal of Agronomic Sciences**, v. 9, n. especial, p. 1-17, 2020.

BISINOTTO, F. F.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; GLANSENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. L. Path analysis and traits correlation in soybean. **Communications in Plant Sciences**, v. 7, n. 1/2, p. 27-33, 2017.

<http://dx.doi.org/10.26814/cps2017005>

BOEREMA, A.; PEETERS, A.; SWOLFS, S.; VANDEVENNE, F.; JACOBS, S.; STAES, J.; MEIRE, P. Soybean trade: balancing environmental and socio-economic impacts of an intercontinental market. **PloS One**, v. 11, n. 5, 2016.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155222>

BURTON, J. W.; MIRANDA, L. Soybean improvement: Achievements and challenges. **Ratarstvo i Povrtarstvo**, v. 50, n. 2, p. 44-51, 2013.

<https://doi.org/10.5937/ratpov50-4158>

CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds and fats, Crops and Lipids Journal**, v. 25, n. 1, 2018. <https://doi.org/10.1051/ocl/2017058>

CERUTTI, P. H.; GRIGOLO, S.; MELO, R. C.; FIOREZE, A. C. C. L.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. F. Combining ability between common bean gene groups for root distribution trait. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 44, 2020. <https://doi.org/10.1590/1413-7054202044011520>

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. 2020. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/3371-levantamento-de-graos-confirma-producao-acima-de-250-milhoes-de-toneladas-na-safra-2019-2020>> Acesso em: 14 abril 2021.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Colheita de soja tem início e produção deve atingir 133,7 milhões de toneladas**. 2021. <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/3788-colheita-de-soja-tem-inicio-e-producao-deve-atingir-133-7-milhoes-de-toneladas>. Acesso em: 14 abril 2021.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Produção de grãos tem previsão de aumento de 5,7%, chegando a 271,7 milhões de toneladas**. Disponível em: <<https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/3989-producao-de-graos-tem-previsao-de-aumento-de-5-7-chegando-a-271-7-milhoes-de-toneladas>>. Acesso em: 21 abril 2021.

CONCEIÇÃO, G. M., BARBIERI, A. P. P., DAL LÚCIO, A., MARTIN, T. N., MERTZ, L. M., MATTIONI, N. M., LORENTZ, L. H. Desempenho de plântulas e produtividade de soja submetida a diferentes tratamentos químicos nas sementes. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 6, 2014.

CONTE, M.V.; CARNEIRO, P. C. S.; DE RESENDE, M. D.V., DA SILVA, F.L.; PETERNELLI, L. A. Overcoming collinearity in path analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] grain oil content. **Plos one**, v. 15, n. 5, p. e0233290, 2020. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0233290>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 1. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014. 668 p.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; DI MAURO, A. O. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000300021>

EL-HAWARY, S. S.; MOHAMMED, R.; BAHR, H. S.; ATTIA, E. Z.; EL-KATATNY, M. H.; ABELYAN, N.; AL-SANEA, M. M.; MOAWAD, A. S.; ABDELMOHSEN, U. R.

Soybean-associated endophytic fungi as potential source for anti-COVID-19 metabolites supported by docking analysis. **Journal of Applied Microbiology**, 2021.

<https://doi.org/10.1111/jam.15031>

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Soja em números** (safra 2019/20). Embrapa Soja. 2019. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos>>. Acesso em: 08 de dezembro de 2020.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Harlow: Longmans Green, 1996, 464p.

FAO. Food and Agriculture Organization. **Plant Breeding Impacts and Current Challenges**. Global Partnership Initiative For Plant Breeding Capacity Building (GIPB) - harnessing plant genetic resources for development. Disponível em: <http://www.fao.org/3/a-at913e.pdf>. Acesso: 27 de jul. 2020.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; DA SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H., ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Ciência e Cultura**, v. 70, n. 3, p. 16-18, 2018.

<https://doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>

GWINNER, R., SETOTAW, T. A., PASQUAL, M., SANTOS, J. B. D., ZUFFO, A. M., ZAMBIAZZI, E. V., & BRUZI, A. T. Genetic diversity in Brazilian soybean germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 4, p. 373-381, 2017.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n4a56>

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; SANTOS JÚNIOR, C. D., POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.

<https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro. **Embrapa Soja-Documentos (INFOTECA-E)**, 2014.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v. 9, n. 11, p. 295-306, 1986.

IEA. Instituto de Economia Agrícola. Soja: Brasil pode se tornar maior produtor mundial no próximo ano. **Análises e Indicadores do Agronegócio** v. 13, n. 4, 2018.

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**, v. 13, n. 6, p. e0199943, 2018.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199943>

KINFE, H.; ALEMAYEHU, G.; WOLDE, L.; TSEHAYE, Y. Correlation and path coefficient analysis of grain yield and yield related traits in maize (*Zea mays* L.) hybrids, at Bako, Ethiopia. **Journal of Biology, Agriculture and Healthcare**, v. 5, n. 15, p. 44-53, 2015.

KONATE, A. K.; ZONGO, A., KAM, H.; SANNI, A.; AUDEBERT, A. Genetic variability and correlation analysis of rice (*Oryza sativa* L.) inbred lines based on agro-morphological traits. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 35, p. 3340-3346, 2016.
<https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11415>

LEITE, W. D. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DA SILVA, F. M.; DA SILVA, A. J., DI MAURO, A. O. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciência Agronômica**, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018.
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>

LIMA, M. D.; PELUZIO, J. M. Dissimilaridade genética em cultivares de soja com enfoque no perfil de ácidos graxos visando produzir biocombustível. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)**, v. 10, n. 2, p. 256-261, 2015.
<https://doi.org/10.5039/agraria.v10i2a5333>

LOPES, L. A.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; DE CARVALHO, E. V. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, v. 5, n. 3, p. 279-285, 2014.
<https://doi.org/10.14295/cs.v5i3.411>

MACHADO, A. T. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 9, n. 1, p. 35-50, 2014.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; JORGE, G. L.; REZENDE, G. F.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L. Agronomic

performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal**, v. 33, n. 6, 2017.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240>

MALOY, S.; HUGHES, K. Brenner's Encyclopedia of Genetics. *In*: HILL, W.G (org). **Genetic Correlation**. 2 ed. Academic Press, 2013. p. 237-239.

MARCONATO, M. B.; PEREIRA, E. M.; SILVA, F. M.; BIZARI, E. H., PINHEIRO, J. B.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Genetic divergence in a soybean (*Glycine max*) diversity panel based on agro-morphological traits. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, p. 1-10, 2016.

<https://doi.org/10.4238/gmr15048980>

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. D.; OLIVEIRA, R. D. C. T.; NOGUEIRA, A. P. O. Genetic diversity in soybean genotypes with resistance to *Heterodera glycines*. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 11, n. 4, p. 304-312, 2011.

<https://doi.org/10.1590/S1984-70332011000400003>

MONTEIRO, F. J. F.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; DE CARVALHO, E. V.; DOS SANTOS, W. F. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja para produtividade de óleo nos grãos. **Agrarian**, v. 10, n. 35, p. 18-21, 2017.

<https://doi.org/10.30612/agrarian.v10i35.3836>

MUKUZE, C.; TUKAMUHABWA, P.; MAPHOSA, M., DARI, S.; DRAMADRI, I. O.; OBUA, T.; RUBAIHAYO, P. Genetic diversity analysis among soybean genotypes using SSR markers in Uganda. **African Journal of Biotechnology**, v. 19, n. 7, p. 439-448, 2020.

<https://doi.org/10.5897/AJB2020.17152>

NAJAFABADI, M. Y.; TULPAN, D.; ESKANDARI, M. Application of machine learning and genetic optimization algorithms for modeling and optimizing soybean yield using its component traits. **Plos One**, v. 16, n. 4, 2021.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0250665>

NICOLAI, A. B.; LIMA, R. C.; TOMAZ, R. S. Correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeados na região da Alta Paulista. **Revista Científica**, v. 10, n. 20, 2017.

<https://doi.org/10.17271/19843240102020171666>

NKHATA, W.; SHIMELIS, H.; MELIS, R.; CHIRWA, R.; MZENGEZA, T.; MATHEW, I.; SHAYANOWAKO, A. Combining ability analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L) genotypes for resistance to bean fly (*Ophiomyia* spp.), and grain yield and component traits. **Euphytica**, v. 217, n. 93, 2021.

<https://doi.org/10.1007/s10681-021-02833-9>

OLIVEIRA JUNIOR, I.; VELLO, N.A.; VIEIRA, P. D. 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**, v. 57, n. 2, p. 178-186, 2014.

<https://doi.org/10.1590/S1516-89132014000200004>

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

<https://doi.org/10.4238/gmr16029661>

PAGANO, M. C.; MIRANSARI, M. The importance of soybean production worldwide. In: **Abiotic and biotic stresses in soybean production**. Academic Press, 2016. p. 1-26.

<https://doi.org/10.1016/B978-0-12-801536-0.00001-3>

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**, v. 6, n. 11, p. 478-482, 2017.

<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.611.057>

PAN, Z.; ZHANG, R.; ZICARI, S. Integrated Processing Technologies for Food and Agricultural By-products. In: **Soybean**. Academic Press, 2019. p. 73-104.

<https://doi.org/10.1016/C2017-0-00901-1>

PERIĆ, V.; NIKOLIĆ, A.; BABIĆ, V., SREBRIĆ, M.; MLADENOVIĆ-DRINIĆ, S.; SUDARIĆ, A.; ĐORĐEVIĆ, V. Genetic relatedness of soybean genotypes based on agromorphological traits and RAPD markers. **Genetika**, v. 46, n. 3, p. 839-854, 2014.

<https://doi.org/10.2298/GENSR1403839P>

QI, X.; JIANG, B.; WU, T.; SUN, S.; WANG, C.; SONG, W.; WU, C.; HOU, W.; SONG, Q.; LAM, H. M.; HAN, T. Genomic dissection of widely planted soybean cultivars leads to a new breeding strategy of crops in the post-genomic era. **The Crop Journal**, 2021.

<https://doi.org/10.1016/j.cj.2021.01.001>

RIBEIRO, L. P.; EVANGELISTA, J. S. P. C.; DAMACENA, M. B.; ELIZEU, A. M.; COELHO, I. F.; RODRIGUES, E. V.; BHERING, L. L. Estimates of genetic divergence in cowpea by multivariate analysis in different environments. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 6, 2019.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v35n6a2019-42406>

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F. D.; ROSA, G. M. D.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha

de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>

ROCHA, G. A. D. F.; PEREIRA, F. A. D. C.; VELLO, N. A. Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, n. 3, p. 267-275, 2018.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n3a40>

ROCHA, F.; STINGHEN, J. C.; GEMELI, M. S.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Análise dialélica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 45, n. 1, p. 74-81, 2014.

<https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000100010>

ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; PIMENTA, R. S.; DE CARVALHO, E. V. Importância das características morfológicas e agronômicas no estudo da biodiversidade genética em milho. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 10, n. 5, p. 10, 2015.

<https://doi.org/10.18378/rvads.v10i5.3671>

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; CAPONE, A.; DE MELO, A. V.; CELLA, A. J. D. S.; DOS SANTOS, W. R. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012.

<https://doi.org/10.5039/agraria.v7i2a1560>

SANTOS, J. V. M.; VALLIYODAN, B.; JOSHI, T.; KHAN, S. M.; LIU, Y.; WANG, J.; ABDELNOOR, R. V. Evaluation of genetic variation among Brazilian soybean cultivars through genome resequencing. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 110, 2016.

<https://doi.org/10.1186/s12864-016-2431-x>

SANTOS, W. P. C. Aplicação da análise multivariada de dados no preparo de amostra e na determinação da composição mineral de leguminosas. 1 ed. Curitiba: Appris, 2021.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja**: do plantio à colheita. Ed. UFV. 2015.

SENTELHAS, P. C.; BATTISTI, R.; CÂMARA, G. M. S.; FARIAS, J. R. B.; HAMPF, A. C.; NENDEL, C. The soybean yield gap in Brazil - magnitude, causes and possible solutions for sustainable production. **Journal of Agricultural Science** (Online), v. 153, p. 1394-1411, 2015.

<https://doi.org/10.1017/S0021859615000313>

SILVA E CASTRO, L. H.; BORÉM, A.; PELUZIO, J. M.; FERREIRA JÚNIOR, J. A. **Soja: Estratégia e Sustentabilidade Produtiva**. Viçosa: Editora UFV, 496 p., 2021.

SILVA, T. N.; MORO, G. V.; MORO, F. V.; SANTOS, D. M. M. D.; BUZINARO, R. Correlation and path analysis of agronomic and morphological traits in maize. **Revista Ciência Agronômica**, v. 47, n. 2, p. 351-357, 2016.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20160041>

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**, v. 31, n. 6, 2015.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

SULISTYO, A.; MEJAYA, M. J. Genetic Parameters Estimation of Agronomic Traits in Soybean Population Resistant to Whitefly. **E&ES**, v. 197, n. 1, p. 012041, 2018.

<https://doi.org/10.1088/1755-1315/197/1/012041>

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAILO, F. H. R.; GAVA, R.; DA SILVA JÚNIOR, C. A.; TEODORO, P.E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PloS One**, v. 14, n. 12, p. e0226523, 2019.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226523>

USDA Roadmap for Plant Breeding March 11, 2015 - Final Report. Office of the Chief Scientist Research, Education, and Economics Mission Area. **United States Department of Agriculture (USDA)**, 2015. Disponível em: <<https://www.usda.gov/sites/default/files/documents/usda-roadmap-plant-breeding.pdf>>.

USDA. Soybeans & Oil Crops. Corn and soybean production up in 2020. **USDA Reports**. Disponível em: <<https://www.ers.usda.gov/topics/crops/soybeans-oil-crops/>> Acesso em: 14 abril 2021.

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; GLASENAPP, J. S.; DA SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic parameters, and correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 5, 2019.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42656>

WYSMIERSKI, P.T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. Piracicaba, 2010. Dissertação (Mestrado). Universidade de São Paulo.

<https://doi.org/10.11606/D.11.2011.tde-11022011-105217>

YASSUE, Rafael Massahiro. **Tolerância da soja à ferrugem asiática em dialelo multivariado e ambientes contrastantes de fungicidas**. 2018. 84f. Dissertação

(Mestrado em Ciências)- Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz",
Piracicaba, 2018.

<https://doi.org/10.11606/D.11.2019.tde-08112018-181132>

ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T.; SALES, A. P.; BORGES, I. M. M.; GUILHERME,
S. R.; ZUFFO, A. M.; CARVALHO, M. L. M. Genetic diversity in soybean genotypes
using phenotypic characters and enzymatic markers. **Genetics and Molecular
Research**, v. 16, n. 3, 2017.

<https://doi.org/10.4238/gmr16039770>

ZEINAB, E. G.; HELAL, A. G. Diallel analysis and separation of genetic variance
components in eight faba bean genotypes. **Annals of Agricultural Science**, v. 59,
p. 147-154, 2014.

<https://doi.org/10.1016/j.aosas.2014.06.019>

CAPÍTULO 2. Avaliação de genitores de soja via análise dialélica visando produtividade de grãos e caracteres agronômicos

RESUMO

A escolha dos genitores para a formação de populações segregantes em cruzamentos é uma etapa de extrema importância para os programas de melhoramento. A estimativa dos componentes genéticos permite a identificação de combinações híbridas favoráveis e, conseqüentemente, a obtenção de populações superiores. Deste modo, o objetivo deste estudo foi estimar as capacidades gerais (CGC) e específicas de combinação (CEC) de quatro genitores a fim de verificar combinações híbridas mais favoráveis para a obtenção de populações para seleção de progênies promissoras para produção de grãos e caracteres agronômicos de importância. O experimento foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. Para a análise dialélica, adotaram-se quatro genitores (BRS 263, TMG 4185, TMG 803 e UFUS Guará) e seus seis híbridos F1 foram avaliados em delineamento de blocos completos casualizados, com quatro repetições. Cada parcela consistiu de um vaso cultivado com duas plantas. Foram avaliados os caracteres: número de dias para o florescimento e para a maturidade, altura da planta no florescimento e na maturidade, número de nós no florescimento e na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, número de vagens com um, dois e três grãos, número total de vagens por planta, número de grãos por vagem e produção de grãos por planta. A análise genético-estatística foi realizada pela metodologia de Griffing (1956), método 2. O genitor UFUS Guará dispõe de alelos favoráveis para a diminuição do número de dias para a maturação, podendo ser indicado para cruzamentos visando a diminuição do ciclo. Os genitores UFUS Guará e BRS 263 são proeminentes em programas de melhoramento visando elevar os componentes de produção. As combinações UFUS Guará X BRS 263 e UFUS Guará x TMG 4185 demonstraram potencial para a diminuição do ciclo e aumento da produção de grãos por plantas, mostrando capacidade para o desenvolvimento de populações segregantes promissoras.

Palavras-chave: *Glycine max*; dialelo parcial; componentes de produtividade.

CHAPTER 2. Evaluation of soybean genitors through diallel analysis aiming grain yield and agronomic characters

ABSTRACT

The choice of genitors for the formation of segregating populations in crosses is an extremely important step for breeding programs. The estimation of genetic components allows the identification of favorable hybrid combinations and, consequently, the obtaining of superior populations. Thus, the objective of this study was to estimate the general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) of four parents in order to verify more favorable hybrid combinations for obtaining populations for selection of promising progenies for grain production and agronomic characters of importance. The experiment was carried out in a greenhouse of the Soybean Breeding Program, at Capim Branco farm of the Federal University of Uberlândia. For diallel analysis, four parents were adopted (BRS 263, TMG 4185, TMG 803 and UFUS Guar) and their six F1 hybrids were evaluated in a randomized complete block design with four replications. Each plot consisted of a pot cultivated with two plants. The following characters were evaluated: number of days to flowering and to maturity, plant height at flowering and at maturity, number of nodes at flowering and at maturity, height of first pod insertion, number of pods with one, two and three grains, total number of pods per plant, number of grains per pod and grain yield per plant. The genetic-statistical analysis was carried out using the Griffing methodology (1956), method 2. The parent UFUS Guar has favorable alleles for reducing the number of days to maturation, which can be indicated for crosses aiming at reducing the cycle. Parents UFUS Guar and BRS 263 are prominent in breeding programs aimed at raising production components. The combinations UFUS Guar X BRS 263 and UFUS Guar x TMG 4185 showed potential for decreasing the cycle and increasing grain production by plants, showing the capacity for the development of promising segregating populations.

Keywords: *Glycine max*; partial diallel; productivity components.

1 INTRODUÇÃO

A soja, *Glycine max* (L.) Merr, é a oleaginosa de maior relevância mundial. O setor industrial atribui o aumento contínuo de produtividade desta cultura, as técnicas de manejo, bem como a utilização de variedades melhoradas (PEREIRA et al., 2019). A difusão e expansão da soja por diversas regiões brasileiras, ocorreu principalmente, graças ao melhoramento genético. Cultivares com vasta adaptação, estabilidade e elevado potencial produtivo, estão sendo introduzidas no mercado, contribuindo para elevar o rendimento de grãos (BAGATELI et al., 2020).

Uma das etapas iniciais dos programas de melhoramento, é a seleção dos genitores que apresentem caracteres de interesse para a execução dos cruzamentos, objetivando a expansão da variabilidade genética. Desta forma, para a obtenção de populações com desempenho favorável, é imprescindível a avaliação do potencial genético dos genitores (ROCHA et al., 2019).

A escolha dos parentais deve fundamentar-se em dois fatores principais, diversidade genética e desempenho *per se*. Deste modo, a diversidade genética de um conjunto de genitores deve ser analisada, buscando reconhecer aquelas combinações que proporcionarão maior efeito heterótico, para que seja possível a recuperação de indivíduos superiores nas gerações segregantes (LAVIOLA et al., 2018). Portanto, a utilização de ferramentas que proporcionem a seleção dos melhores genitores a serem cruzados mostra-se eficiente para gerar populações de excelência (ROCHA et al., 2014).

Os cruzamentos dialélicos têm sido amplamente utilizados na análise da diversidade dos genitores (TEODORO et al., 2019). Na cultura da soja, a análise dialélica tem sido aplicada em diversos estudos, seja para avaliação de caracteres agronômicos (DANROCH et al., 2014; ROCHA et al., 2019), teor de óleo e isoflavona (OLIVEIRA et al., 2014; BI et al., 2015) ou para resistência a doenças (PEREIRA et al., 2018; PEREIRA et al., 2019).

Diversas são as metodologias utilizadas para a avaliação dos cruzamentos dialélicos. Os diferentes métodos possuem suas especificidades e tratam de forma distinta os dados, ficando a critério do investigador a escolha da técnica que melhor atenda suas demandas (DARONCH et al., 2014).

A metodologia proposta por Griffing (1956) é uma das mais empregadas e permite a obtenção das capacidades geral e específica de combinação, informações acerca do controle gênico de determinados caracteres e sobre a heterose (CAVALCANTE NETO et al., 2020). A capacidade geral de combinação (CGC) expressa o desempenho de um determinado genitor em relação aos cruzamentos em que o mesmo está envolvido, determinada pelos efeitos aditivos. Já a capacidade específica de combinação (CEC) representa o desvio da combinação híbrida com base no que seria previsto a partir da CGC dos seus genitores, demonstrando os efeitos de caráter não aditivos (SOUZA NETO et al., 2015).

Desta forma, o presente estudo teve como finalidade obter estimativas das capacidades geral e específica de combinação de genótipos de soja a fim de verificar os parentais e combinações híbridas com maior potencial para a obtenção de populações superiores para produção de grãos e caracteres agronômicos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local de instalação do experimento

Os experimentos foram realizados em casa de vegetação localizada na Fazenda Experimental Capim Branco (18° 52' S; 48° 20' W e 872m de altitude), do Programa de Melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia, MG. Os dados de temperatura durante a condução do dialelo estão representados na Figura 1.

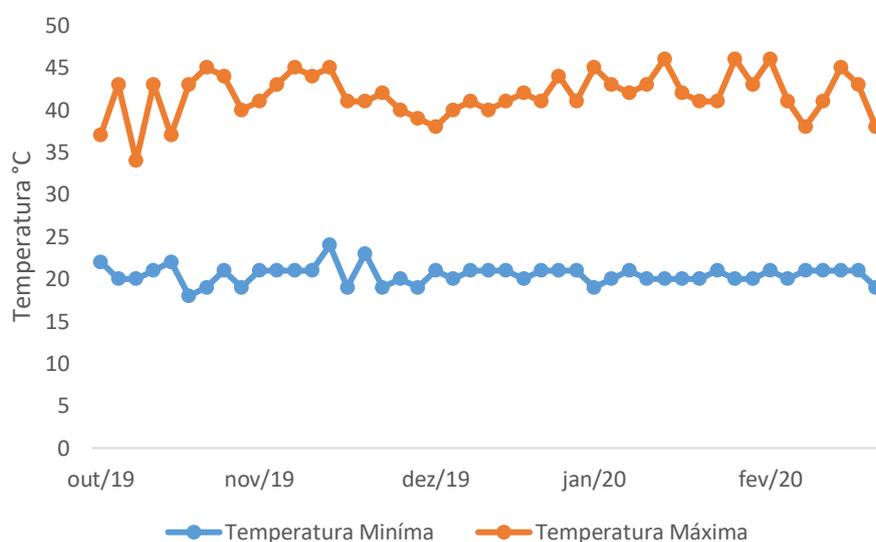


Figura 1. Temperatura máxima e mínima na casa de vegetação da Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, safra 2019/20, durante os meses de outubro de 2019 a fevereiro de 2020.

2.2 Caracterização dos genitores

Para a seleção dos genitores, considerou-se a resistência a doenças com relevantes impactos econômicos na cultura da soja atualmente. As características das cultivares utilizadas no bloco de cruzamento estão descritas abaixo:

A cultivar BRS 263 possui cor de flor roxa, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência marrom escura, cor de hilo preto e grupo de maturação 8.8.

Apresenta resistência ao nematóide de cisto (*Heterodera glycines*), raças 1 e 3 e resistência moderada para a raça 14, ao cancro da haste (*Diaporthe aspalathi*) e a mistura de raças para a mancha “olho-de-rã” (*Cercospora sojina*) (Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA, 2008; Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA, 2019).

A TMG 4185 apresenta cor de flor branca, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência cinza, cor de hilo marrom claro e grupo de maturação 8.5. Exibe resistência ao nematóide de cisto, raças 1, 3, 4, 6, 9, 10, 14 e resistência moderada para a raça 2 e 5, cancro da haste, mancha “olho-de-rã” e pústula bacteriana (*Xanthomonas axonopodis*) (TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO, 2018).

A TMG 803 possui cor de flor branca, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência marrom, cor de hilo marrom e grupo de maturação 8.7. Apresenta resistência ao cancro da haste, à mancha “olho-de-rã” e a ferrugem asiática (*Phakopsora pachyrhizi*) (CIA DA SEMENTE, 2021).

A UFUS Guará apresenta cor de flor roxa, tipo de crescimento determinado, cor de pubescência marrom, cor de hilo preto e grupo de maturação 8.2. Apresenta resistência ao cancro da haste, a mancha “olho-de-rã”, pústula bacteriana, crestamento bacteriano (*Pseudomonas savastanoi* pv. *Glycinea*), míldio (*Peronospora manshurica*) e resistência moderada ao oídio (*Erysiphe difusa*), doenças de final de ciclo e ferrugem asiática (SARAIVA et al., 2009; UFU, 2013).

2.3 Instalação do bloco de cruzamentos e hibridações

Na casa de vegetação, a semeadura ocorreu em vasos de plástico com volume de 3 dm³, preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica). Cada genitor foi semeado em dois vasos em dez épocas distintas. Em cada vaso, foram semeadas cinco sementes e, no estágio V1 (FEHR; CAVINESS, 1977), foi feito o desbaste, mantendo três plantas por vaso. O bloco de cruzamento foi estruturado de forma que as semeaduras ocorreram a cada três dias, a fim de sincronizar o florescimento dos genitores, iniciando no dia 19 de dezembro de 2018.

As irrigações foram realizadas duas vezes ao dia de forma manual. No estágio V4, foi realizada aplicação foliar de Co e Mo (100 mL ha⁻¹). O controle de

doenças e de pragas foi feito quinzenalmente com a aplicação via pulverizador costal manual de fungicida (Enxofre, 2,5 kg ha⁻¹; Trifoxistrobina e Protioconazol, 400 mL ha⁻¹) e de inseticida (Tiametoxam/Lambda-Cialotrina, 200 mL ha⁻¹; Acetamiprido e Piriproxifem, 150 mL ha⁻¹), intercalado os princípios ativos dos produtos. As adubações de manutenção também ocorreram semanalmente com NPK (400 kg ha⁻¹) da formulação 08-28-16.

No florescimento, realizou-se a hibridação artificial para obtenção de todas as combinações. Os cruzamentos foram realizados no esquema de dialelo parcial sem recíprocos, $p(p+1)/2$, utilizando quatro genitores e formando seis combinações híbridas (Tabela 1). Com o auxílio de uma pinça, realizou-se a emasculação do genitor feminino, e em seguida depositou-se no estigma o pólen do genitor masculino (SEDIYAMA, 2015).

Após o processo de hibridação artificial, a região próxima do local do cruzamento foi identificada com uma etiqueta contendo os dados dos parentais feminino e masculino, data e hora da realização do procedimento e nome da pessoa que o executou. A vagem contendo a semente híbrida pôde ser identificada pela ausência de sépala, uma vez que esta foi removida no processo de hibridação. Assim, a vagem foi monitorada e colhida separadamente das demais. Após a colheita das vagens contendo as sementes híbridas de todas as combinações entre os genitores, realizou-se um experimento em casa de vegetação no período de 14 de outubro de 2019 para a avaliação do dialelo. O experimento foi constituído por 10 tratamentos, conforme consta na Tabela 1, sendo 6 combinações híbridas e quatro parentais.

Tabela 1 - Genitores e híbridos F1's (tratamentos) de soja utilizados no estudo.

Tratamentos	Genótipos
1	TMG 803
2	BRS 263
2	UFUS Guará
4	TMG 4185
5	TMG 803 X BRS 263
6	TMG 803 X UFUS Guará
7	TMG 803 X TMG 4185
8	BRS 263 X UFUS Guará
9	BRS 263 X TMG 4185
10	UFUS GUARÁ X TMG 4185

Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições. Cada unidade experimental foi constituída por um vaso cultivado com duas plantas. Anterior à sementeira, os vasos de 5 dm³ foram preenchidos com substrato na proporção 3:1:1 (solo: areia: matéria orgânica), adubado com NPK (400 Kg ha⁻¹) da formulação 08-28-16. Os tratos culturais ocorreram da mesma forma como citado anteriormente para os genitores.

Em cada planta da parcela, avaliaram-se os seguintes caracteres de acordo com a escala de desenvolvimento proposta por Fehr e Caviness (1977):

a) Número de dias para o florescimento (NDF)

Período que corresponde ao número de dias decorridos desde a emergência até a floração. Especificar o que é considerado florescimento.

b) Altura da planta no florescimento (APF)

É a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal no estágio R1 (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal).

c) Número de nós no florescimento

Foram contabilizados todos os nós na haste principal, estágio R1.

d) Número de dias para maturidade (NDM)

Período que corresponde ao número de dias desde a emergência até a maturidade, no estágio R8 (95% das vagens tenham atingido a cor da vagem madura).

e) Altura da planta na maturidade (APM)

Medida em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal, no estágio R8.

f) Número de nós totais (NNT)

Determinado pela contagem de todos os nós na haste principal no estágio R8.

g) Altura da inserção da primeira vagem (AIPV)

Determinada pela medida entre a superfície do solo até a primeira vagem da haste principal, quando as plantas se encontram no estágio fenológico R8.

h) Número de vagens com um grão (NV1), dois grãos (NV2) e três grãos (NV3)

Foi feita a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos em cada planta individual.

i) Número total de vagens por planta (NTV)

Posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta.

j) Número de grão por vagem (NGV)

Foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens.

k) Produção de grãos por planta (PG)

Massa total dos grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas.

2.4 Análise genético-estatística

Os dados de cada caráter foram sujeitos à análise de variância, onde se adotou modelo fixo para os efeitos dos tratamentos (genótipos e combinações híbridas). A partir dos resultados da análise de variância, foram estimados os efeitos de capacidade geral e específica de combinação, de acordo com a metodologia proposta por Griffing (1956), método 2, utilizando progenitores e combinações híbridas, de acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

em que:

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

m = efeito da média geral;

g_i e g_j = efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) do i -ésimo e do j -ésimo progenitor;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação (CEC) para os cruzamentos entre os progenitores de ordem i e j . Neste modelo é considerado que $s_{ij} = s_{ji}$

ε_{ij} = erro experimental médio.

As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

As análises estatísticas utilizadas no estudo foram realizadas com o auxílio do programa computacional Genes (CRUZ, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A existência de variabilidade genética é crucial para qualquer programa de melhoramento, pois possibilita a obtenção de populações segregantes superiores. Pela análise de variância, foi observada a presença de variação genética pelo teste F a 1% de probabilidade entre os tratamentos, para os caracteres número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de nós no florescimento (NNF), altura da planta na maturidade (APM), número de nós na maturidade (NNM), número de vagens com dois grãos (NV2), número de vagens com três grãos (NV3), número total de vagens (NTV) e produção de grãos (PG); e ao nível de 5% para o número de dias para maturidade (NDM) e altura da inserção da primeira vagem (AIPV) (Tabela 2). Para os caracteres número de vagens com um grão (NV1) e número de grãos por vagem (NGV), não foi observada variação genética entre os genótipos.

Os coeficientes de variação experimental (CV) para os caracteres agronômicos analisados variaram de 6,82 (NDM) a 80,30 % (NV1) (Tabela 2). Grande parte dos trabalhos científicos baseiam-se na escala de Pimentel-Gomes (2009), que considera valores inferiores a 10% como baixos, entre 10 e 20% médios, altos quando variam entre 20 e 30% e bastante elevados quando ultrapassam os 30% (SCHMILDT et al., 2017). Porém, é importante salientar que elevados valores de CV para caracteres relacionados com a produtividade são admissíveis, uma vez que atributos de caráter quantitativo são fortemente influenciados pelo ambiente, além de estarem sob o controle de vários genes (LEITE et al., 2015).

Altos CV para componentes de produtividade são frequentemente observados na literatura. Nicolai, Lima e Tomaz (2017), ao avaliar correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeados na região da Alta Paulista, obtiveram valores de CV superiores a 30%. Meier et al. (2019), ao analisar a performance agrônômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra, obtiveram CV que variaram entre 7,64 e 73,49%. Para a análise dialélica, as significâncias de ambas as capacidades de combinação, geral (CGC) e específica

(CEC), indicam a relevância de efeitos gênicos, aditivos e não aditivos respectivamente, como razão da variação genética verificada (Tabela 2).

Tabela 2 - Resumo da análise de variância em esquema de dialelo parcial envolvendo seis combinações híbridas e quatro genitores.

Quadrados Médios								
Fonte de Variação	GL	NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	AIPV
Blocos	3	9,16	108,63	3,29	184,35	153,92	0,88	32,14
Genótipos	9	301,98**	1.087,07**	21,04**	186,40*	1.322,28**	17,80**	52,77*
CGC	3	621,94**	655,78*	18,83*	1.319,22**	292,23 ^{ns}	7,00 ^{ns}	39,67 ^{ns}
CEC	6	213,11**	1.998,89**	21,06**	340,12**	3.231,63**	47,76**	18,62 ^{ns}
Resíduo	27	36,85	171,31	5,11	74,46	198,38	2,88	20,06
CV (%)		11,38	27,37	19,78	6,82	24,81	11,34	42,95

Fonte de Variação	GL	NV1	NV2	NV3	NTV	NGV	PG
Blocos	3	29,04	170,58	114,97	205,21	0,06	7,83
Genótipos	9	55,94 ^{ns}	453,15**	594,20**	2.121,84**	0,07 ^{ns}	218,93**
CGC	3	24,50 ^{ns}	295,00*	960,11**	447,27 ^{ns}	0,37**	48,94**
CEC	6	46,90 ^{ns}	1.022,76**	1.808,54**	5.335,37**	0,12 ^{ns}	372,67**
Resíduo	27	32,28	78,62	75,32	167,45	0,05	7,20
CV (%)		42,95	80,30	34,70	56,08	26,90	10,81

NDF e NDM: Número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: Altura da planta florescimento e na maturidade, respectivamente; NNF e NNM: Número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NV1, NV2 e NV3: Número de vagens com 1 grão, 2 e 3 grãos, respectivamente; NTV: Número total de vagens por planta; NGV: Número de grãos por vagem e PG: Produção de grãos; CV: coeficiente de variação geral; ** e * significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

Foram observados efeitos significativos ao nível de 1% em relação à CGC para os caracteres NDF, NDM, NV3, NGV e PG e ao nível de 5% de significância para APF, NNF e NV2 (Tabela 2), demonstrando diferença na contribuição destes caracteres entre os genótipos, em termos de concentração de alelos favoráveis. Para a CEC, todos os atributos mostraram efeito significativo ($p \leq 0,01$), exceto os atributos AIPV, NV1 e NGV, cuja variação não foi observada.

Por meio da magnitude dos componentes quadráticos, é possível observar que para esse grupo de genitores, os caracteres relacionados ao ciclo, NDF e NDM, tiveram a maior participação dos efeitos aditivos. Por outro lado, para os demais

caracteres, os efeitos da CEC demonstraram maior importância na expressão dos caracteres do que os da CGC, indicando a prevalência dos efeitos não aditivos.

Em programas de melhoramento de culturas cujo objetivo é o desenvolvimento de linhagens homozigotas, a prevalência de genes não aditivos no controle da manifestação do caráter pode comprometer o ganho de seleção. Fato este, que pode ser atribuído a dificuldade de se identificar o genótipo homozigoto o qual reunirá todos os genes favoráveis para a determinação do caráter de interesse (COLOMBO et al., 2018). Por outro lado, a magnitude da CEC aponta a proporção da variabilidade genética que pode ser alcançada em cada população, elevando as chances de obtenção de segregantes transgressivos quando estas estimativas forem altas (PIMENTEL et al., 2013).

Rialch e Sharma (2019), ao avaliar a capacidade combinatória para rendimento de grãos e características relacionadas em soja, observaram a predominância da ação gênica não aditiva na manifestação de quase todas as características. Resultados semelhantes também foram verificados por Colombo et al. (2018) avaliando caracteres agrônômicos em soja.

As médias dos caracteres avaliados demonstram o desempenho dos tratamentos, os quais foram agrupados pelo teste Scott-Knott (Tabela 3). A análise das médias em estudos dialélicos também possibilitam avaliar o desempenho dos genótipos, evidenciando também aquelas combinações que superaram os genitores. Além disso, normalmente as informações acerca da CGC estão relacionadas com as médias, sendo que médias mais elevadas tendem a demonstrar altos valores de CGC (ROCHA et al., 2014).

O período vegetativo em soja é bastante relevante para obtenção e uma produtividade elevada. Períodos vegetativos entre 45 a 58 dias são considerados como o mínimo necessário para que ocorra a produção de biocompostos que garantam um rendimento de grãos satisfatório (ALMEIDA et al., 2013; DINIZ et al., 2014; TEJO; FERNANDES; BURATTO, 2019). O NDF variou de 37,5 (UFUS Guará X TMG 4185) a 65,62 dias (TMG 803 X BRS 263) com a formação de quatro grupos homogêneos (Tabela 3). Os resultados obtidos no presente trabalho também mostraram que genótipos que apresentam NDF inferiores a este período podem apresentar médias superiores em relação ao caráter produção de grãos, como no caso da combinação UFUS Guará X TMG 4185.

O desenvolvimento de cultivares de ciclos mais curtos é bastante atraente para os programas de melhoramento, pois possibilita a implementação de uma segunda safra posterior à colheita da soja. Além disso, genótipos de ciclo mais curto permanecem por menos tempo sob condições de campo e conseqüentemente sofrem menos os impactos de adversidades de natureza biótica e abiótica (TEIXEIRA et al., 2017).

Para o caráter NDM, as médias variaram de 114, 87 a 133,62 dias, com a formação de dois grupos distintos. Os genótipos que mostraram menores ciclos foram UFUS Guará x TMG 4185 (114,87) e BRS 263 X UFUS Guará (115,25) (Tabela 3), possibilitando o desenvolvimento de populações segregantes superiores visando a redução deste caráter.

Dentre as características presentes nas cultivares de soja, algumas delas, como a altura das plantas e a inserção da primeira vagem, influenciam na colheita mecanizada, evidenciando a importância destes caracteres na seleção de genótipos superiores. Plantas baixas (inferiores a 60 cm) tornam propício o desenvolvimento de vagens próximas ao solo, podendo ocasionar perdas em razão da altura do corte, enquanto plantas mais altas podem favorecer o acamamento (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Portanto, a obtenção de genótipos que se enquadrem nestes padrões contribuem para minimizar as perdas durante a colheita mecanizada.

Tabela 3 – Agrupamento de médias dos genitores e híbridos F1's para os caracteres agrônômicos avaliados

Genótipos	NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	AIPV
TMG 803	57,87b	65,32a	11,62c	128,00a	75,05a	15,00b	16,68a
BRS 263	65,00a	45,50b	13,12b	124,37a	53,18b	16,37b	12,05a
UFUS Guará	52,75b	48,01b	12,62b	123,37a	54,86b	15,50b	13,75a
TMG 4185	45,62c	49,57b	10,12c	132,75a	63,66b	15,87b	8,18b
1 x 2	65,62a	39,08b	11,00c	133,62a	45,47c	13,37c	8,25b
1 x 3	55,50b	36,12b	10,00c	128,50a	42,48c	12,62c	9,62b
1 x 4	47,50c	29,77b	8,25c	131,25a	37,20c	13,50c	5,12b
2 x 3	49,50c	83,55a	16,50a	115,25b	94,52a	19,50a	14,40a
2 x 4	56,12b	30,32b	9,62c	131,50a	37,66c	12,50c	7,48b
3 x 4	37,50d	50,92b	11,37c	114,87b	62,40b	15,37b	8,71b
Média geral	53,30	47,82	11,42	126,35	56,65	14,96	10,42
Genótipos	NV1	NV2	NV3	NTV	NGV	PG	
TMG 803 (1)	4,00a	28,00b	11,12b	43,12c	2,15a	13,00c	
BRS 263 (2)	8,62a	33,00a	6,87b	49,50c	1,94a	10,87d	
UFUS Guará (3)	5,75a	15,00b	14,75b	35,50c	2,26a	8,25d	
TMG 4185 (4)	6,37a	45,37a	21,37b	73,12b	2,20a	23,50b	
1 x 2	8,87a	21,75b	7,50b	38,12c	1,95a	11,12d	
1 x 3	3,50a	16,87b	11,62b	32,00c	2,24a	10,37d	
1 x 4	5,75a	23,75b	9,75b	39,25c	2,08a	14,00c	
2 x 3	16,50a	38,75a	47,00a	102,25a	2,35a	31,25a	
2 x 4	4,87a	13,12b	5,87b	23,87c	2,09a	8,00d	
3 x 4	6,50a	19,87b	18,87b	45,25c	2,23a	17,00c	
Média geral	7,07	25,55	15,47	48,20	2,15	14,74	

Médias seguidas por letras iguais na coluna pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. NDF e NDM: Número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: Altura da planta florescimento e maturidade, respectivamente; NNF e NNM: Número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NV1, NV2 e NV3: Número de vagens com 1 grão, 2 e 3 grãos, respectivamente; NTV: Número total de vagens por planta; NGV: Número de grãos por vagem e PG: Produção de grãos.

O caráter APF oscilou entre 29,77 (TMG 803 X TMG 4185) a 83,55 cm (BRS 263 X UFUS Guará) com a separação dos dados em dois grupos. Enquanto isso, para o caráter APM, os valores variaram entre 37,20 (TMG 803 X TMG 4185) a 94,52 cm (BRS 263 X UFUS GUARÁ) formando três grupos segundo o teste de Scott-Knott (Tabela 3). Já em relação ao caractere AIPV, os valores mantiveram-

se entre 5,12 (TMG 803 X TMG 4185) a 16,68 cm (TMG 803), com a formação de dois grupos (Tabela 3).

A altura considerada adequada para uma planta de soja para que não ocorra problemas na colheita mecânica está entre 60 e 120 cm (VIANA et al., 2017). Quatro genótipos mantiveram dentro desta faixa considerada ideal, dentre eles TMG 803, TMG 4185, BRS 263 X UFUS Guará e UFUS Guará x TMG 4185 (Tabela 3).

Para o caráter altura da inserção da primeira vagem, o ideal é que a altura do legume esteja entre 10 a 15cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Os genótipos BRS 263, UFUS Guará e UFUS Guará x BRS 263 obtiveram médias que permaneceram dentro deste padrão (Tabela 3).

O número de nós por planta está relacionado com a produtividade da soja, sendo um elemento significativo do rendimento de grãos (FERREIRA JUNIOR et al., 2011). Para o NNF, os valores variaram entre 8,25 (TMG 803 X TMG 4185) a 16,50 (BRS 263 X UFUS Guará), enquanto que para o NNM, os dados exibiram valores entre 12,50 (BRS 263 X TMG 4185) a 19,50 (BRS 263 X UFUS GUARÁ) (Tabela 3). Para ambos os caracteres, foi observada a formação de três grupos segundo o teste de Scott-Knott. De acordo com Sedyama (2016), uma planta de soja com elevada capacidade produtiva deve apresentar em média 17 a 18 nós na haste principal. Com base nestes valores, somente o genótipo (BRS 263 X UFUS Guará) apresentou média considerada ideal para o caráter NNM (Tabela 3).

Na literatura, o caráter número de vagens por planta tem sido apontado como principal contribuinte para o rendimento de grãos em leguminosas, mostrando correlação de magnitude significativa com a produção de grãos e vagens com 1, 2 e 3 grãos (PELUZIO et al., 2011). Em relação à característica NV1, a média variou de 3,50 (TMG 803 X UFUS Guará) a 16,50 (BRS 263 X UFUS Guará), não havendo a formação de grupos (Tabela 3). Para o caráter NV2, as médias foram agrupadas em dois grupos com valores que oscilaram entre 13,12 (BRS 263 X TMG 4185) e 45,37 (TMG 4185). Assim como para NV2, os valores para NV3 também foram separados em dois grupos segundo suas respectivas médias. Os valores para este caráter apresentaram intervalo entre 5,87 (BRS 263 X TMG 4185) a 47,00 (BRS 263 X UFUS Guará). Para o NTV, as médias variaram entre 23,87 (BRS 263 X TMG 4185) a 102,25 (BRS 263 X UFUS Guará).

Nogueira et al. (2012) avaliaram caracteres em soja e observaram que o atributo número de vagens por planta mostrou maior efeito positivo sobre a produtividade de grãos. Ao estudar análise de trilha em genótipos de soja em função do hábito de crescimento, Teodoro et al. (2015) com base em seus resultados indicaram a seleção direta de genótipos com maior número de vagens visando aumentar o rendimento de grãos.

Cultivares brasileiras de soja possuem em média 30 a 80 vagens por planta (SEDIYAMA, 2016). Quatro genótipos se mantiveram dentro desta faixa, sendo eles: TMG 803 (43,12), UFUS Guará X TMG 4185 (45,25), BRS 263 (49,50), TMG 4185 (73,12). O cruzamento BRS 263 X UFUS Guará apresentou valores superiores (102,25), o que possibilitaria a obtenção de populações mais produtivas.

Uma vagem de soja pode conter de uma a cinco sementes, sendo que em média a maioria das cultivares contém vagens com duas ou três sementes (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). As médias para o caráter NGV variaram entre 1,94 (BRS 263) a 2,35 (BRS 263 X UFUS Guará), não sendo verificada a formação de grupos (Tabela 3). A maioria dos genótipos avaliados para este caráter mantiveram-se entre a média, exceto BRS 263 (1,94) e TMG 803 X BRS 263 (1,95), que apresentaram valores inferiores.

A produção de grãos é o caráter de maior importância nos programas de melhoramento, dada sua importância econômica. Para a PG, as médias variaram entre 8,00 g e 31,25 g, havendo a formação de quatro grupos (Tabela 3). Os genótipos que se destacaram para este caráter foram a BRS 263 X UFUS Guará (31,25g) e TMG 4185 (23,50g), podendo a combinação BRS 263 X UFUS Guará gerar populações segregantes com elevado potencial produtivo. Estes resultados podem estar associados as médias elevadas da combinação BRS 263 X UFUS e do genitor TMG 4185 para os caracteres NTV e NGV (Tabela 3), que são importantes componentes da produção.

A seleção dos genitores para a composição das populações segregantes é essencial para sucesso dos programas de melhoramento. A escolha dos genitores a partir de somente estimativas fenotípicas é incapaz de garantir que progênies com alta frequência de segregantes transgressivos sejam obtidas. Desta maneira, a escolha dos genitores deve se basear nos dados genéticos e na compreensão da

sua capacidade combinatória, de forma que possibilite o desenvolvimento de recombinações favoráveis em uma frequência significativa (ROCHA et al., 2014).

Segundo Krausel, Rodrigues e Rocha (2012), as informações sobre a CGC permitem ao melhorista o conhecimento sobre informações em relação à concentração de alelos favoráveis. Quanto mais elevada a CGC, maior será a frequência desses alelos, constatando que populações originárias de cruzamentos entre parentais com elevada CGC possuem maior frequência de alelos favoráveis, aumentando as possibilidades de encontrar linhagens que superem os genitores. Portanto, busca-se cruzamentos que além de demonstrarem média elevada, pelo menos um dos genitores possua alto valor absoluto de CGC.

De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), as estimativas dos efeitos da CGC fornecem informações sobre a concentração de genes prevalentemente aditivos em seus efeitos. Quando os valores observados de \hat{g}_i são baixos (positivos ou negativos), significa que o valor de CGC do genitor, baseando-se em seus cruzamentos com os demais genitores, não mostraram muita diferença da média geral dos cruzamentos dialélicos. Por outro lado, quando há elevadas estimativas, sendo elas positivas ou negativas, o genitor em estudo é, respectivamente, muito superior ou inferior em comparação aos outros genitores, no que se refere ao comportamento médio dos cruzamentos.

Visando a redução do ciclo em genótipos de soja, deseja-se que o genitor apresente valores negativos de CGC para os caracteres NDF e NDM. Observando a Tabela 4, é possível observar que genitores TMG 4185 e UFUS Guará obtiveram CGC de -5,12 e -3,62, respectivamente (Tabela 4). Porém, somente foi verificado CGC negativo para o NDM para o genitor UFUS Guará (-11,08). É possível verificar que os genótipos que apresentaram os menores ciclos foram advindos dos cruzamentos BRS 263 X UFUS Guará e UFUS Guará x TMG 4185, evidenciando a contribuição do genitor UFUS Guará para a diminuição deste caráter e sua promissora utilização em cruzamentos para este objetivo.

Tabela 4 - Estimativas do efeito da capacidade geral de combinação (g_i) de três cultivares de soja e uma linhagem do Programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia.

Genótipos	Efeito	NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	AIPV
TMG 803	\hat{g}_1	4,20	5,08	-0,37	4,16	2,50	-0,75	-0,17
BRS 263	\hat{g}_2	4,54	-1,94	0,45	2,83	-1,85	0,50	1,74
UFUS Guará	\hat{g}_3	-3,62	3,29	0,95	-11,08	3,32	0,25	-0,21
TMG 4185	\hat{g}_4	-5,12	-6,43	-1,04	4,08	-3,97	0,00	-1,35

Genótipos	Efeito	NV1	NV2	NV3	NTV	NGV	PG
TMG 803	\hat{g}_1	-0,12	2,25	-4,50	-2,37	-0,07	-1,54
BRS 263	\hat{g}_2	1,45	3,00	-1,16	3,29	-0,10	0,37
UFUS Guará	\hat{g}_3	-0,54	-4,75	9,25	3,95	0,17	-0,62
TMG 4185	\hat{g}_4	-0,79	-0,50	-3,58	-4,87	0,01	1,79

NDF e NDM: Número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: Altura da planta florescimento e maturidade, respectivamente; NNF e NNM: Número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NV1, NV2 e NV3: Número de vagens com 1 grão, 2 e 3 grãos, respectivamente; NTV: Número total de vagens por planta; NGV: Número de grãos por vagem e PG: Produção de grãos.

Planejando o desenvolvimento de genótipos que facilitem a colheita mecanizada e minimizem as perdas, é desejável valores positivos de CGC para a APF, APM e AIPV. É possível verificar que os valores mais elevados e positivos da estimativa para APF foram de 5,08 (TMG 803) e 3,29 (UFUS Guará) e para APM 3,32 (UFUS Guará) e 2,50 (TMG 803). Já para a AIPV o único genitor que demonstrou valores positivos de CGC foi a BRS 263 (1,74) demonstrando a capacidade desses genitores em elevar a média destes caracteres em programas de melhoramento (Tabela 4).

Com o objetivo de elevar os componentes de produção em populações segregantes de soja, é importante que para estes caracteres, o genitor mostre uma CGC positiva e de elevada magnitude. Para o NNF e NNM, ainda que em baixa magnitude, os genitores que apresentaram estimativas positivas de CGC foram a UFUS Guará (NNF: 0,95, NNM: 0,25) e BRS 263 (NNF: 0,45, NNM: 0,50) (Tabela 4). Em relação ao NV2, se destacaram os genótipos TMG 803 e BRS 263, com CGC de 2,25 e 3,00, respectivamente. Para o caráter NV3, o genitor UFUS Guará demonstrou alto valor positivo e absoluto de CGC para este caráter, 9,25. Os genótipos BRS 263 e UFUS Guará também demonstraram as maiores CGC's para o NTV, sendo elas de 3,29 e 3,95, respectivamente.

Ao observar os dados de CGC para NVG é possível verificar que esta estimativa não demonstrou magnitude elevada entre os genitores, sendo a UFUS Guará a TMG 4185 as únicas a obterem valores positivos, 0,17 e 0,01, respectivamente. Estes resultados indicam que nenhum dos genitores se diferenciaram significativamente da média geral da população dialélica.

Para a PG, os únicos genitores que demonstram CGC positiva foi a TMG 4185 (1,70) e a BRS 263 (0,37). No entanto, ainda que o genitor TMG 4185 tenha demonstrado CGC positiva para a PG, não é indicado como genitor visando o aumento da produção. É importante ressaltar que este caráter responde pelo balanço dos componentes de produção, e uma vez que foi verificado valores negativos para os mesmos, este genitor não demonstra contribuição positiva para este fim. Por outro lado, os genitores BRS 263 e UFUS Guará mostraram-se promissores para o incremento de importantes componentes de produção, podendo ser favoráveis para o incremento do caráter.

Rocha et al. (2019) ao estudar a capacidade combinatória de caracteres agrônômicos em soja, encontraram valores negativos de CGC para o genitor 4185 para a APF, APM, NNM, NTV e PG, sugerindo que a participação deste genitor em cruzamentos leva ao desenvolvimento de populações pouco produtivas

O efeito da CEC pode ser entendido como o desvio do híbrido em relação ao que se esperaria baseando-se na CGC dos seus genitores (Cruz, Regazzi e Carneiro (2014). Aos melhoristas, é interessante combinações híbridas em que pelo menos um genitor que tenha apresentado favoráveis estimativas de CGC esteja envolvido no cruzamento que originou tal combinação. Deste modo, baixos valores absolutos de S_{ij} (estimaivas dos efeitos da capacidade específica de combinação dos híbridos) presumem que híbridos F1 oriundos de determinados progenitores expressam comportamento esperado com base na CGC de seus genitores. Da mesma forma, altos valores absolutos de S_{ij} indicam que o cruzamento em questão é relativamente superior (sinal positivo) ou inferior (negativo), ao considerar a performance dos genitores. Portanto, as estimativas S_{ij} ressaltam a relevância dos genes que apresentam efeitos não aditivos.

De acordo com Melo et al. (2017), a estimativa de S_{ii} (estimaivas dos efeitos da capacidade específica de combinação dos genitores com eles mesmos) é indício da divergência genética do genitor i , comparado aos outros genitores. Quando o

valor de S_{ii} for negativo, o genitor i contribuirá positivamente para a heterose e, se positivo, o oposto ocorre. Em caso de estimativas negativas, significa que os desvios de dominância foram prevalentemente positivos; e em caso positivo, predominaram os desvios de dominância negativos. Já em caso de nulidade ou valores próximos de zero, significa que houve a presença de desvios de dominância de natureza bidirecionais. Portanto, esta informação torna-se uma importante estimativa a ser levada em consideração para a análise dos melhores híbridos, além da CGC e CEC (S_{ij}).

Para o caráter NDF, o S_{ii} foi positivo e de maior magnitude para o genitor TMG 4185 (2,50) (Tabela 4). Já para o NDM, os genitores que demonstraram valores positivos de S_{ii} foram os parentais UFUS Guará (3,86) e TMG 4185 (2,03). Os valores positivos indicam a possibilidade de uma manifestação heterótica negativa para estes caracteres em híbridos envolvendo esses genitores, o que é interessante, já que o objetivo é a redução desses caracteres. As melhores combinações foram a BRS 263 x UFUS Guará e UFUS Guará x TMG 4185, pois mostraram os maiores valores de CEC negativos para os caracteres NDF (-9,16 e -4,50) e NDM (-10,05 e -9,30). Além disso, seus elevados valores negativos de CEC estão associados ao elevado valor negativo de CGC do parental UFUS Guará para o NDM.

Os maiores valores positivos de CEC para APF foram para as combinações BRS 263 x UFUS Guará (18,70) e UFUS Guará x TMG 4185 (4,19). Esses mesmos híbridos também demonstraram as maiores estimativas de CEC para APM, sendo elas de 29,14 (BRS 263 x UFUS Guará) e 3,97 (UFUS Guará e TMG 4185). Tal resultado mostra um comportamento oposto observando o S_{ii} de seus genitores, podendo ser justificado pela participação do genitor UFUS Guará, que demonstra uma das maiores CGC positivas para ambos os caracteres.

Tabela 5 - Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação ($S_{ii} S_{ij}$) de três cultivares de soja e uma linhagem do Programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia.

Genótipos	Efeito	NDF	APF	NNF	NDM	APM	NNM	AIPV
TMG 803 (1)	\hat{S}_{11}	-6,66	30,88	2,80	-9,63	38,02	4,10	1,99
BRS 263 (2)	\hat{S}_{22}	1,66	-0,05	-0,86	-0,96	-0,93	1,60	-2,00
UFUS Guará	\hat{S}_{33}	1,00	4,46	1,13	3,86	2,27	1,10	-0,94
(3)								
TMG 4185 (4)	\hat{S}_{44}	2,50	10,83	1,63	2,03	14,97	2,10	0,09
1 x 2	\hat{S}_{12}	4,00	-11,33	-0,03	7,20	-15,88	-3,15	0,31
1 x 3	\hat{S}_{13}	11,66	-31,82	-3,03	11,61	-37,65	-4,40	-1,97
1 x 4	\hat{S}_{14}	-2,33	-18,59	-2,53	0,45	-22,50	-0,65	-2,33
2 x 3	\hat{S}_{23}	-9,16	18,70	1,63	-10,05	29,14	2,85	2,70
2 x 4	\hat{S}_{24}	1,83	-7,26	0,13	4,78	-11,40	-2,90	0,99
3 x 4	\hat{S}_{34}	-4,50	4,19	-0,86	-9,30	3,97	-0,65	1,15

Genótipos	Efeito	NV1	NV2	NV3	NTV	NGV	PG
TMG 803 (1)	\hat{S}_{11}	-0,30	11,60	9,10	20,40	0,11	3,03
BRS 263(2)	\hat{S}_{22}	-0,46	8,60	-12,56	-4,43	-0,10	-2,30
UFUS Guará	\hat{S}_{33}	-1,46	-4,40	-18,40	-24,26	-0,10	-7,80
(3)							
TMG 4185 (4)	\hat{S}_{44}	2,53	12,10	1,76	16,40	-0,14	3,36
1 x 2	\hat{S}_{12}	2,11	-16,15	-9,23	-23,26	-0,21	-3,38
1 x 3	\hat{S}_{13}	-1,88	-7,40	-10,15	-19,43	-0,00	-4,38
1 x 4	\hat{S}_{14}	0,36	0,35	1,18	1,90	-0,02	1,70
2 x 3	\hat{S}_{23}	4,53	19,85	43,01	67,40	0,16	8,20
2 x 4	\hat{S}_{24}	-5,71	-20,90	-8,65	-35,26	0,24	-10,21
3 x 4	\hat{S}_{34}	0,28	-3,25	3,93	0,56	0,05	1,78

NDF e NDM: Número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: Altura da planta florescimento e maturidade, respectivamente; NNF e NNM: Número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NV1, NV2 e NV3: Número de vagens com 1 grão, 2 e 3 grãos, respectivamente; NTV: Número total de vagens por planta; NGV: Número de grãos por vagem e PG: Produção de grãos.

A combinação UFUS Guará x BRS 263 obteve os maiores valores positivos e de maior magnitude de CEC para o NNF (1,63), NNM (2,85), NV2 (19,85), NV3 (43,01), NTV (67,40) e PG (8,20) (Tabela 4). Esses resultados evidenciam a potencialidade desse híbrido para a obtenção de populações superiores, o que pode ser reforçado pelos valores positivos de CGC para os genitores BRS 263 e

UFUS Guar para os componentes de produo, ainda que para alguns caracteres o S_{ij} desses genitores no tenha mostrado um alto potencial hetertico positivo.

A combinao UFUS Guar x TMG 4185, tambm obteve CEC's positivas para o NVT, NV1, NV3 e PG, mesmo que para alguns destes caracteres essa magnitude no seja elevada. Esses resultados favorveis obtidos por este hbrido, podem ser observados na Tabela 3. Alm disso, foi verificado para os genitores UFUS Guar e TMG 4185 CGC's positivas para alguns dos relevantes componentes de produo.

Para o carter NGV, as estimativas de baixa magnitude para a CEC sugerem que a performance dos hbridos ocorreram de forma esperada, baseando-se nos resultados obtidos para a CGC deste carter. Tambm podem apontar a presena de desvios de dominncia bidirecionais, quando h a participao de genes com desvio de dominncia positivos e negativos. .

4 CONCLUSÕES

O genitor UFUS Guar concentra alelos favorveis para a reduo do nmero de dias para o florescimento e para maturidade.

Os genitores UFUS Guar e BRS 263 so promissores para a elevao dos componentes de produo.

As combinaes hbridas UFUS Guar x BRS 263 e UFUS Guar x TMG 4185 mostram potencial para a obteno de segregantes transgressivos visando a reduo de ciclo e aumento de produo.

REFERÊNCIAS

ALMEIDA, F. A.; BRUSCKE, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA, F. Desempenho agrônomo de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.
<http://doi.editoracubo.com.br/10.4322/rca.2013.014>

BAGATELI, J. R.; BAHRY, C. A.; DA SILVA, R. N. O, CARVALHO, I. R.; CONTE, G. G.; VILLELA, F. A.; GADOTTI, G. I.; MENEGHELLO, G. E. Estimates of heterosis and combining ability of soybean diallel crossings. **Plant Omics**, v. 13, n. 1, p. 7, 2020.
<https://doi.org/10.21475/POJ.13.01.20.p2038>

BI, Y.; LI, W.; XIAO, J.; LIN, H.; LIU, M.; LIU, M.; 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**, v. 10, n. 1, p. e0114827, 2015.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0114827>

CAVALCANTE NETO, J. G.; FERREIRA, K. T. C.; ARAGÃO, F. A. S. D.; ANTÔNIO, R. P.; NUNES, G. H. D. S. Potential of parents and hybrids experimental of the yellow melon. **Ciência Rural**, v. 50, n. 2, 2020.
<https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20190452>

CIA DA SEMENTE. **Comércio de Sementes e Fertilizantes**. Disponível em: <<https://www.ciadasemente.com.br/sementes-2/tmg-803/>>. Acesso em: 25 março. 2021.

COLOMBO, G. A.; DE CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. **Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 61, 2018.
<http://dx.doi.org/10.22491/rca.2018.2696>

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.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**: volume 1. 3 ed. Viçosa: UFV, 2014.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S.; DO NASCIMENTO, M. O. Combining ability of soybean cultivars in F2, under conditions of cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, v. 30, n. 2, p. 688-695, 2014.

DINIZ, R. M. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; DE SOUSA, L. B.; SILVA E CASTRO, L. H. Comportamento agrônômico de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia Biosfera**, v. 10, n. 18, p. 973, 2014.

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja-região central do Brasil - 2008**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2008.

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

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Science**, East Melbourn, v. 9, n. 4, p.463-493, 1956.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para características agrônômicas em feijão-de-vagem. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012.

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**, v. 40, 2018.

<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.35008>

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

<http://dx.doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Descrições cultivares soja**. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/arquivos-antigos/descricoes-de-cultivares-de-soja-13-02-2019/@@download/file/descricoes-cvs-soja_internet_13fev2019.xlsx>. Acesso em: 10 abril 2019.

MEIER, C.; MEIRA, D.; MARCHIORO, V. S.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A.; MORO, E. D.; SOUZA, V. Q. Performance agrônômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 4, p. 933-941, 2019.

<https://doi.org/10.19084/rca.17995>

MELO, A. V.; TAUBINGER, M.; DOS SANTOS, V. M.; CARDOSO, D. P., DOVALE, J. C. Capacidade combinatória de milho para produção de grãos sob níveis de fósforo. **Journal of Neotropical Agriculture**, v. 4, n. 4, p. 15-25, 2017.

<https://doi.org/10.32404/rean.v4i4.1666>

NICOLAI, A. B.; LIMA, R. C.; TOMAZ, R. S. Correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeados na região da Alta Paulista. **Revista Científica ANAP Brasil**, v. 10, n. 20, 2017.

<https://doi.org/10.17271/19843240102020171666>

OLIVEIRA, I. J. D.; VELLO, N. A.; VIEIRA, P. D. 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**, v. 57, n. 2, p. 178-186, 2014.

<https://doi.org/10.1590/S1516-89132014000200004>

PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R.; FIDELIS, R. R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Revista Brasileira de Tecnologia Aplicada nas Ciências Agrárias**, v. 2, n. 3, p. 21-40, 2011.

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. D. F.; DIDONÉ, C. A. Rust effect estimation in soybean crosses for tolerance to Asian rust. **Ciência Rural**, v. 48, n. 3, 2018.

<https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170496>

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. D. F. Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F2 generation. **Agrarian**, v. 12, n. 45, p. 286-295, 2019.

<https://doi.org/10.30612/agrarian.v12i45.7413>

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. D. F.; NEKATSCHALOW, M. C. Combining Ability for Resistance to White Mold in a Diallel Cross of Soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 62, 2019.

<https://doi.org/10.1590/1678-4324-2019170610>

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A. D.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C. D.; MACHADO, J. C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, v. 72, n. 2, p. 113-121, 2013.

RIALCH, I.; SHARMA, J. Combining ability studies for yield and related traits in soybean (*Glycine max*). **Indian Journal of Agricultural Sciences**, v. 8, p. 1334-1339, 2019.

ROCHA, M. R. D.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JUNIOR, C. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Análise combinatoria de caracteres agronomicos em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 43, 2019.

<https://doi.org/10.1590/1413-7054201943028018>

ROCHA, F.; STINGHEN, J. C., GEMELI, M. S., COIMBRA, J. L. M., GUIDOLIN, A. F. Análise dialética como ferramenta na seleção de genitores em feijão. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 1, p. 74-81, 2014.

SARAIVA, O. F.; LEITE, R. M. V. B. C.; CASTRO, C. Ata XXX Reunião de Pesquisa de soja da Região Central do Brasil. **Embrapa Soja**, Londrina, PR, p. 249, 2009.

SCHMILDT, E. R.; SILVA, W.; AMBROSIO, T. D. J.; SCHMILDT, O.; NASCIMENTO, A. F.; FERNANDES, A. A. Coeficiente de variação como medida da precisão em experimentos de alface. **Agro@ambiente On-line**, v. 11, n. 4, p. 290-295, 2017.

<http://dx.doi.org/10.18227/1982-8470ragro.v11i4.4412>

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2016.

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

SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2015.

SOUZA NETO, I. L. D.; PINTO, R. J. B.; SCAPIM, C. A., JOBIM, C. C.; FIGUEIREDO, A. S. T.; BIGNOTTO, L. S. Análise dialética e depressão endogâmica de híbridos forrageiros de milho para características agronômicas e de qualidade bromatológica. **Bragantia**, v. 74, n. 1, p. 42-49, 2015.

<https://doi.org/10.1590/1678-4499.0315>

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

<http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039750>

TEJO, D.P.; FERNANDES, C.H.D.S.; BURATTO, J.S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. **Científica Eletrônica de Agronomia da FAEF**, v. 35, n. 1, 2019.

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAILO, F. H. R.; GAVA, R.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PloS one**, v. 14, n. 12, p. e0226523, 2019.

<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226523>

TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORRÊA, C. C. G.; APOLIN, R.; DOS SANTOS ZANUNCIO, A.; CAPRISTO, D. P.; TORRES, F. E. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, v. 31, n. 3, 2015.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v31n1a2015-26094>

TROPICAL MELHORAMENTO GENÉTICO. Soja: Brasil Central. Disponível em: <<http://www.tmg.agr.br/ptbr/cultivar/tmg-4185>>. Acesso em: 15 de dez. 2018.

UFU. Programa de Melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia. Cultivares de soja. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/sites/pmsoja.iciag.ufu.br/files/documents/Folder%20soja%20UFUS%20111213.pdf>> Acesso em: 10 dez. 2018.

VIANA, J. S.; DA SILVA, A. C.; GONÇALVES, E. P.; CORDEIRO JUNIOR, J. J. F.; FÉLIX, C. A.; DE OLIVEIRA, J. F. F.; SILVA, J. D. A. Evaluation of productivity of soybean cultivars in Garanhuns-PE. **Revista Agrotecnologia**, v. 8, n. 2, p. 10-18, 2017.

<https://doi.org/10.12971/2179-5959/agrotecnologia.v8n2p10-18>

CAPÍTULO 3. Diversidade genética entre linhagens de soja a partir de caracteres de interesse agrônômico

RESUMO

A soja é uma cultura que apresenta uma base genética estreita, e desta forma, os estudos de diversidade genética tornam-se primordiais na identificação de genótipos contrastantes e, conseqüentemente, na seleção de genitores para o desenvolvimento de populações segregantes com maior variabilidade e maior efeito heterótico. O objetivo deste estudo consistiu em avaliar a dissimilaridade genética entre linhagens avançadas de soja em dois anos agrícolas, por meio de caracteres agrônômicos com base em técnicas multivariadas; determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja e estimar as correlações genotípicas e fenotípicas entre os caracteres avaliados. Os experimentos foram conduzidos no campo experimental localizado na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia- MG, nas safras de 2018/2019 e 2019/2020. Foram avaliados 27 genótipos de soja, sendo 26 linhagens desenvolvidas pelo programa de melhoramento genético da Universidade Federal de Uberlândia e uma cultivar (BRSGO 7560). O delineamento adotado foi o de blocos completos casualizados com três repetições. Foram avaliados 14 caracteres agrônômicos. Os genótipos foram agrupados pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. A dissimilaridade genética foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis e os genótipos agrupados pelos métodos UPGMA, Tocher e variáveis canônicas. Foi verificada a presença de variabilidade genética pelo teste F a 1 e 5% de probabilidade para todos os caracteres analisados. As medidas de dissimilaridade apresentaram elevada magnitude, oscilando entre 5 e 553 (safra 2018/2019) e 9 e 455 (safra 2019/2020). As maiores divergências encontradas foram entre os genótipos UFUS 5 e UFUS 27, e UFUS 2 e UFUS 27, nas safras de 2018/2019 e 2019/2020, respectivamente. Para a safra 2018/2019, o caráter que mais contribuiu para a divergência genética entre os genótipos foi o número de dias para a maturidade, enquanto para a safra 2019/2020, a maior contribuição relativa foi atribuída ao caráter número de vagens totais. A análise comparativa entre os métodos de agrupamento hierárquicos, de otimização e de variáveis canônicas concordaram parcialmente em relação ao número de grupos formados, coincidindo ao diferenciar a linhagem UFUS 27 como a mais distante dos demais genótipos. Cruzamentos entre a linhagem UFUS 27 com os genótipos UFUS 5, UFUS 17, UFUS 18 e UFUS 25 são promissores para a redução de ciclo e produtividade. Para ambas as safras, as correlações genotípicas demonstraram magnitude superior em relação às fenotípicas. Verificou-se correlação de alta magnitude entre o número de vagens totais e a produção de grãos indicando efeito favorável deste caráter em relação à produção de grãos.

Palavras-chave: Divergência genética; Híbridação; Análise multivariada.

CHAPTER 3. Combining ability in soybean for grain production and traits of agronomic interest

ABSTRACT

Soybean is a crop that has a narrow genetic base, thus, studies of genetic diversity become essential in the identification of contrasting genotypes and, consequently, in the selection of parents for the development of segregating populations with greater variability and greater heterotic effect. The aim of this study was to evaluate the genetic dissimilarity between advanced soybean lines in two cropping season, using agronomic characters using multivariate techniques; to determine the importance of characters in the genetic divergence of soybean and to estimate the genotypic and phenotypic correlations between the evaluated characters. The experiments were carried out in the experimental field located at Capim Branco Farm, in Uberlândia-MG, in the 2018/2019 and 2019/2020 seasons. 27 soybean genotypes were evaluated, 26 lines developed by the genetic breeding program of the Federal University of Uberlândia and one cultivar (BRSGO 7560). The design adopted was a randomized complete block with three replications. 14 agronomic traits were evaluated. The genotypes were grouped by the Scott-Knott test at the level of 5% probability. The genetic dissimilarity was estimated by the generalized Mahalanobis distance and the genotypes grouped by the UPGMA, Tocher methods and canonical variables. The presence of genetic variability was verified by the F test at 1 and 5% probability for all characters analyzed. The measures of dissimilarity showed high magnitude, ranging from 5 to 553 (harvest 2018/2019) and 9 and 455 (harvest 2019/2020). The greatest divergences found were, between the genotypes UFUS 5 and UFUS 27 and UFUS 2 and UFUS 27, in the 2018/2019 and 2019/2020 harvests, respectively. For the 2018/2019 crop, the character that most contributed to the genetic divergence between the genotypes was the number of days to maturity, while for the 2019/2020 crop the largest relative contribution was attributed to the character number of total pods. The comparative analysis between the methods of hierarchical grouping, optimization and canonical variables partially agreed in relation to the number of groups formed, coinciding by differentiating the UFUS 27 as the most distant from the other genotypes. Crossing the UFUS 27 line with the UFUS 5, UFUS 17, UFUS 18 and UFUS 25 genotypes are promising for cycle reduction and productivity. For both harvests, the genotypic correlations showed a higher magnitude than the phenotypic ones. There was a high magnitude correlation in NVT and PG, indicating a favorable effect of this character in relation to grain production.

Keywords: Genetic divergence; hybridization; multivariate analysis.

1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de soja têm se concentrado no desenvolvimento de cultivares que reúnam em seu genótipo ampla capacidade de adaptação, homogeneidade, elevada estabilidade e a presença de características agrônômicas de interesse (SILVA e CASTRO et al., 2021). Contudo, estudos realizados em soja analisando o grau de parentesco e divergência genética demonstraram uma similaridade entre os genótipos desenvolvidos (FERREIRA JÚNIOR et al., 2015).

O caráter restrito do germoplasma de soja brasileiro coloca a cultura em um cenário de vulnerabilidade genética, podendo ser acometida por novos patógenos e doenças. O estudo de Hiromoto e Vello (2013) revelou que 26 ancestrais foram descritos como tendo relevante participação no germoplasma brasileiro e que quatro importantes ancestrais contribuíram com 55,3% do germoplasma da soja no país. Além disso, seis importantes ancestrais brasileiros são partilhados com o germoplasma norte americano, levando em consideração que as cultivares brasileiras foram desenvolvidas a partir das norte americanas (SANTOS et al., 2016).

Os estudos de divergência genética são de extremo interesse para a compreensão acerca da diversidade genética das populações, além de auxiliar no gerenciamento dos bancos de germoplasma, fornecendo dados importantes para a conservação e utilização das fontes vegetais (ROTILI et al., 2015). De acordo com Cruz, Ferreira e Pessoni (2011), a aplicação dos estudos de diversidade genética no melhoramento tem o objetivo de reconhecer genitores favoráveis para cruzamentos, visando obter híbridos com efeito heterótico superior, possibilitando maior segregação em recombinações e favorecendo o surgimento de genótipos transgressivos. Os estudos de diversidade genética têm focado em características fenotípicas, principalmente as de natureza quantitativa, aquelas que geralmente são controladas por vários genes e influenciadas pelo ambiente. Estes caracteres são de grande interesse, devido à sua importância econômica e necessidade de elevar o sucesso na escolha apropriada de combinações híbridas, de forma a não afetar o êxito das técnicas de seleção.

Para a análise da divergência genética, têm sido empregadas técnicas biométricas, fundamentadas em estimativas de heterose, evidenciando as análises dialélicas ou metodologias preditivas. No entanto, em situações em que o número de genitores é elevado, a utilização de dialelos torna-se inviável, destacando-se os métodos preditivos (ROTILI et al., 2015). Diversas metodologias multivariadas podem ser utilizadas, dentre elas os componentes principais, variáveis canônicas, Tocher e as metodologias hierárquicas (CORREA et al., 2020). Para a escolha da técnica mais apropriada, deve ser levado em consideração a exatidão pretendida, praticidade da avaliação e a maneira de obtenção dos dados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). A estimativa da dissimilaridade genética através da análise multivariada pode ser bastante conveniente, uma vez que esta metodologia permite empregar simultaneamente vários caracteres avaliados (VAL et al., 2014).

A obtenção de parâmetros genéticos é indispensável para os melhoristas, pois além do conhecimento em relação à variabilidade genética, também possibilitam a compreensão acerca da transmissão dos caracteres e a existência de associação entre eles (NICOLAI; LIMA; TOMAZ, 2017).

Portanto, o entendimento em relação à correlação existente entre caracteres de interesse possibilita a diferenciação de caracteres que possam ser aplicados na seleção, beneficiando outro indiretamente, assim, demonstra como a seleção de um caráter contribui para a manifestação de outros caracteres, especialmente aqueles de natureza quantitativa e com baixa herdabilidade (LEITE et al., 2015).

Deste modo, os objetivos do presente estudo compreenderam avaliar a diversidade genética entre linhagens avançadas de soja em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) por meio de caracteres agrônômicos com base em técnicas multivariadas; estabelecer a contribuição dos caracteres para a divergência genética na soja e estimar as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local do experimento

Os experimentos foram realizados em campo na Fazenda Experimental Capim Branco ($18^{\circ} 52' S$; $48^{\circ} 20' W$ e 872m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), no município de Uberlândia, MG. Os dados meteorológicos durante a condução dos experimentos estão apresentados nas Figuras 1 e 2.

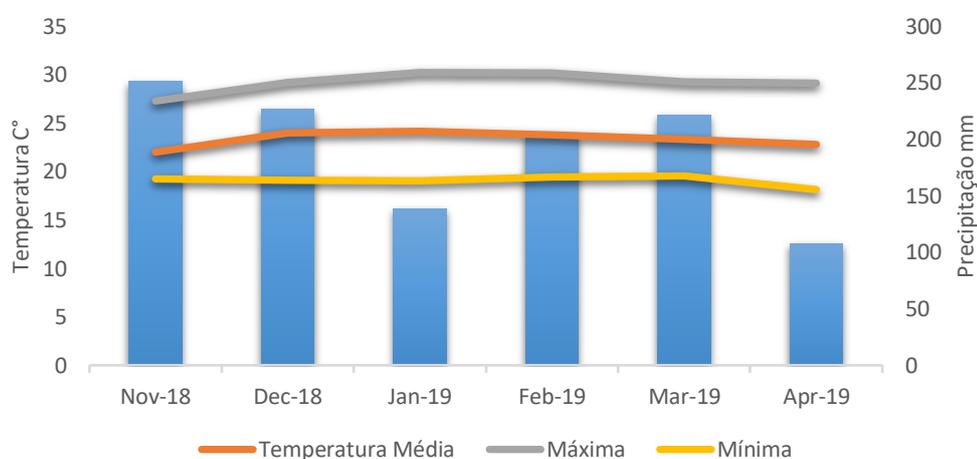


Figura 1. Precipitação e temperaturas máxima, média e mínima no período de novembro/2018 a abril/2019 em Uberlândia-MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

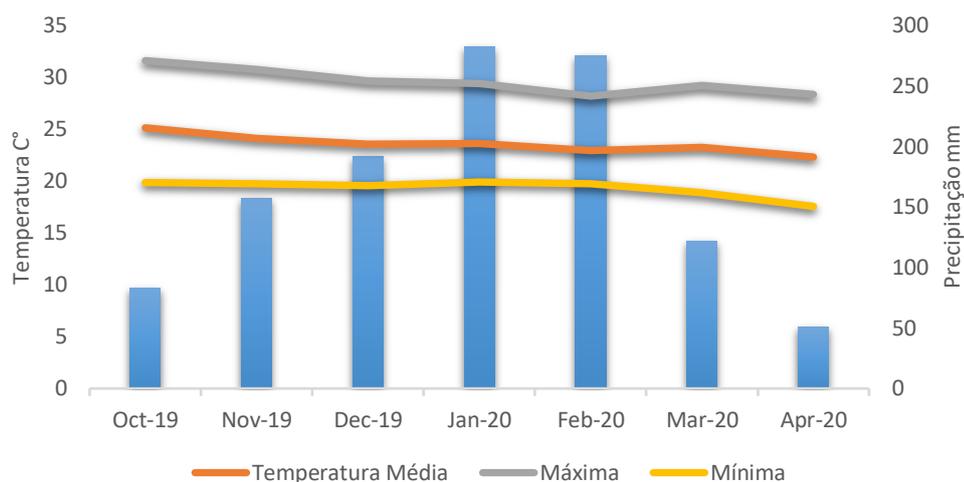


Figura 2. Precipitação e temperaturas máxima, média e mínima no período de outubro/2019 a abril/2020 em Uberlândia-MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

2.2 Tratamento e delineamento experimental

Os experimentos das safras 2018/2019 e 2019/20 foram conduzidos em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), que são ensaios exigidos pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), cuja regras são desenvolvidas pelo próprio ministério, quando deseja-se obter o registro de uma cultivar (MAPA, 2017). Foram avaliadas 26 linhagens em fase final do processo de melhoramento, desenvolvidas no Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e a cultivar BRSGO 7560. A cultivar BRSGO 7560 apresenta os seguintes descritores: cor de flor roxa, cor de hilo preta, tipo de crescimento determinado e ciclo precoce, com grupo de maturidade 7.5 (EMBRAPA, 2021).

Os experimentos foram conduzidos em blocos completos casualizados, com três repetições. A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas de plantas de soja, com cinco metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas duas fileiras centrais desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, resultando em 4 m² para cada parcela. A densidade de plantio foi de 14 sementes por metro linear.

2.3 Instalação e condução dos experimentos

A área experimental situou-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro distrófico. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens e adubação com o formulado NPK 08-28-16, na dosagem 400 kg ha⁻¹.

As sementes foram tratadas com Metalaxil-M e Fludioxonil, na dosagem de 100 mL 100 kg⁻¹. A semeadura foi realizada de forma manual, e posteriormente a esta operação, a inoculação foi realizada no sulco de semeadura com pulverizador manual costal, com inoculante líquido da bactéria *Bradyrhizobium japonicum* na dose de 300 mL ha⁻¹. Foram realizadas duas semeaduras, sendo a primeira no dia 21 de novembro de 2018 e a segunda no dia 19 de outubro de 2019 no município de Uberlândia-MG.

2.4 Tratos Culturais

Dois dias após as semeaduras, foram realizadas a aplicação do herbicida S-Metolaclo-ro na dosagem de 2,0 L ha⁻¹ para o controle de plantas infestantes. Em pós-emergência das plantas infestantes, estas foram controladas por meio da capina manual com enxada, além da aplicação de herbicidas seletivos, como o Haloxifope-P-Metílico (0,5 L ha⁻¹) e Clorimuron Metílico (60g ha⁻¹), a partir do 3º trifólio da soja. Aos 30 dias após a emergência foi realizada a adubação foliar com os micronutrientes cobalto e molibdênio, na dose de 100 mL ha⁻¹ para auxiliar na fixação biológica de nitrogênio. A partir do estágio V3 (FEHR; CAVINESS, 1977), para o controle de doenças e pragas, foram utilizados os seguintes defensivos agrícolas: Trifoxistrobina e Protioconazol (0,4 L ha⁻¹), Acefato (750g ha⁻¹), Tiametoxam e Lambda-cialotrina (0,2 L ha⁻¹), Azoxistrobina e Ciproconazol (0,3 L ha⁻¹), Mancozebe (1,5 kg ha⁻¹), além da utilização de óleo mineral. As aplicações foram realizadas via pulverizador de barra com vazão de 250 L ha⁻¹, quinzenalmente, até a maturidade da soja, de forma a intercalar os princípios ativos dos fungicidas e inseticidas. A cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço foi realizada no período de 50-60 dias após a semeadura, para ambas as safras, na dose de 100 kg ha⁻¹.

2.5 Caracteres agronômicos avaliados

As avaliações dos caracteres agronômicos foram realizadas na parcela útil, foram amostradas cinco plantas aleatoriamente, as quais foram identificadas por meio de observações visuais e medições de acordo com os estádios fenológicos da cultura, proposto por Fehr e Caviness (1977), com fita colorida e mensurados os seguintes caracteres:

- a) Número de dias para o florescimento (NDF)
Período que corresponde ao número de dias entre a emergência e a floração (R1), quando 50% das plantas da parcela estavam no estágio.
- b) Altura da planta no florescimento (APF)
É a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal no estágio R1.
- c) Número de nós no florescimento (NNF)
Foram contabilizados todos os nós na haste principal, estágio R1.
- d) Número de dias para maturidade (NDM)
É a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal no estágio R8.
- e) Altura da planta na maturidade (APM)
Medida em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal, no estágio R8.
- f) Número de nós totais (NNT)
Determinado pela contagem de todos os nós na haste principal (estágio R8).
- g) Número de nós produtivos (NP)

Foi estimada através da contagem de nós que foram capazes de produzir vagens, presentes na haste principal quando as plantas se encontravam em estágio reprodutivo R8;

h) Altura da inserção da primeira vagem (AIPV)

Determinada pela medida entre a superfície do solo até a primeira vagem da haste principal, quando as plantas se encontram no estágio fenológico R8.

i) Número de Vagens com um (NV1), dois (NV2) e três (NV3) grãos

Foi feita a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos em cada planta.

j) Número de vagens totais (NVT)

Obtido pela soma do número de vagens com um, dois, três e quatro grãos.

k) Peso de 1000 sementes (PMS)

Posterior à colheita, foi mensurado o peso em gramas de cem grãos da parcela útil em oito repetições, seguindo as indicações das Regras de Análise de Sementes (BRASIL, 2009).

l) Produção de grãos (PG)

Massa dos grãos em gramas (g), produzida por cada planta, determinada por balança digital de duas casas decimais.

2.6 Análises estatísticas

Visando avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres, realizaram-se análises de variância, conforme o modelo abaixo, adotando-se os efeitos fixos para genótipos:

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

Em que:

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

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro experimental.

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

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

$$\hat{\sigma}_g = \frac{QMT - QMR}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

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

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

r: número de repetições.

Os genótipos foram agrupados com base no teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Posterior à tabulação de todos os dados, as correlações fenotípicas e genotípicas entre os caracteres foram avaliadas visando observar a viabilidade da seleção indireta por meio de caracteres correlacionados, assumindo o efeito de genótipos como efeitos fixos, de acordo com os estimadores que se seguem:

Correlação fenotípica

$$r_f = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que:

rf: estimador da correlação fenotípica;

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

QMG_x: quadrado médio dos genótipos para o caráter X;

QMG_y: quadrado médio dos genótipos para o caráter Y.

Correlação genotípica

$$r_g = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})/r}{\sqrt{\hat{\Phi}_{g(X)} \hat{\Phi}_{g(Y)}}} = \frac{\hat{\Phi}_{g(XY)}}{\sqrt{\hat{\Phi}_{g(X)} \hat{\Phi}_{g(Y)}}}$$

$$\hat{\Phi}_{g(X)} = \frac{QMG_X - QMR_X}{r}$$

$$\hat{\Phi}_{g(Y)} = \frac{QMG_Y - QMR_Y}{r}$$

Em que:

$\hat{\Phi}_{g(XY)}$: estimador da covariância genotípica;

$\hat{\Phi}_{g(X)}$ e $\hat{\Phi}_{g(Y)}$: estimadores dos componentes quadráticos associados às variabilidades genotípicas para os caracteres X e Y, respectivamente.

Através do teste t com (n-2) graus de liberdade, foram avaliadas as significâncias das correlações fenotípicas, em que n corresponde ao número de genótipos analisados. A significância das correlações genotípicas foi estimada pelo *bootstrap* (referência) com 5.000 simulações.

Por meio da distância generalizada de Mahalanobis estimada para cada par de genótipos, foi obtida a matriz de dissimilaridade genética. Baseado na expressão que se segue:

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

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ' : $[d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$ sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : média do genótipo i em relação a variável j .

Posteriormente à obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foram obtidos os dendrogramas pelos métodos hierárquicos de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA). Caracterizado como um método não ponderado, o método de agrupamento hierárquico UPGMA gera o agrupamento dos genótipos analisados por meio da média aritmética dos valores de dissimilaridade, evitando assim que a dissimilaridade dos indivíduos sejam representadas por medidas extremas (mínima e máxima) (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

A técnica detecta a distância de um grupo em comparação aos outros indivíduos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO; 2014), em que a distância entre uma linhagem k e um grupo composto pelas linhagens i e j é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jk}}{2}$$

No qual $d_{(ij)k}$ é determinado pela média das distâncias dos pares de linhagens (i e k) e (j e k), formando uma nova matriz com esses valores diminuindo a dimensionalidade passo a passo. Com a elaboração do dendrograma, novas distâncias serão mensuradas, de modo que, se uma linhagem k for inserida a um grupo (ij), a distância deste novo grupo ($ij.k$) em relação à linhagem (l) ou a outro grupo (lm) é dada por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jl} + d_{jk}}{2}$$

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{im} d_{jl} + d_{jk}}{4}$$

e assim, continuamente.

Também a partir da matriz de distâncias de Mahalanobis, em que é identificado o par de linhagens mais semelhantes, o método de otimização de Tocher (RAO, 1952) foi efetuado. Essas linhagens originarão o grupo inicial (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Após a formação do primeiro grupo, composto pelos genótipos os quais as medidas de dissimilaridade eram inferiores, houve então a incorporação de outros genótipos nesse grupo através da comparação entre o incremento no valor médio da distância dentro do grupo e um ponto máximo permitido preestabelecido (θ) da medida da dissimilaridade verificada no conjunto de menores distâncias que compreendam cada genótipo. A incorporação ou não de cada genótipo foi definida por:

$$\frac{d(\text{grupo}) k}{n} \leq \theta \text{ inclui o genótipo } k \text{ no grupo;}$$

$$\frac{d(\text{grupo}) k}{n} > \theta \text{ não inclui o genótipo } k \text{ no grupo;}$$

Em que:

n: número de genótipos do grupo original;

θ : nível máximo permitido preestabelecido da medida da dissimilaridade.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi estabelecida pela equação:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Objetivando analisar o padrão de dispersão dos genótipos em plano cartesiano, a fim de identificar padrão de agrupamento, realizaram-se análises das variáveis canônicas para ambas as safras. As variáveis canônicas foram geradas com base na modificação das variáveis originais (caracteres avaliados) em um

conjunto novo, de forma que se estabeleça as proposições subsequentes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014):

- a) Se Y_{ij} é uma variável canônica, então, Y_j é uma combinação linear de X_j variáveis originais:

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

- b) Se $Y_{ij'}$ é outra variável canônica, então:

$$Y_{ij'} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in}$$

$$\sum_j \sum_{j'} a_j a_{j'} \sigma_{jj'} = \sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 1$$

$$\sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj'} = 0$$

Em que:

$\sigma_{jj'}$: é a covariância residual entre os caracteres j e j' .

- c) Dentre todas as variáveis canônicas: variância $Y_{i1} >$ variância $Y_{i2} > \dots >$ variância Y_{in}

De acordo com Rao (1952), as variâncias de cada variável canônica e os coeficientes de ponderação dos caracteres podem ser mensurados pela resolução dos esquemas de equações:

$$(T - \lambda_j E) \delta_j = \Phi$$

E a j -ésima variância, pela raiz característica de ordem correspondente, obtida pela resolução de:

$$\det [T - \lambda_j E] = 0$$

Em que:

T = matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

E = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ_j = autovetor associado a cada estimativa das raízes características, cujos elementos são os coeficientes de ponderação; e

λ_j = raízes características (autovalores) da matriz $E^{-1} T$.

A contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos foi estabelecida pela Metodologia de Singh (1981), conforme a estatística S_{ij} :

$$D_{ii'}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

$\omega_{jj'}$: elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variância e covariâncias residuais .

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016) ($\alpha=0,05$).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se existência de variabilidade genética para todos os caracteres nas duas safras (2018/2019 e 2019/2020), o que evidencia a possibilidade de seleção de genótipos superiores (Tabela 1). Para a safra de 2018/2019, os coeficientes de variação (CV) variaram de 2,56 a 50,25% para os caracteres número de dias para maturidade (NDM) e número de vagens com três grãos (NV3), respectivamente. Na safra de 2019/2020, os valores de CV oscilaram entre 2,24 (NDM) e 33,82% (NV3) (Tabela 1).

Tabela 1 - Teste F, coeficiente de variação (CV) e herdabilidade entre 27 genótipos de soja para 14 caracteres agrônômicos.

Caracteres	Safra 2018/2019			Safra 2019/2020		
	Test F	CV (%)	H ² (%)	Test F	CV(%)	H ² (%)
NDF	20,43**	3,59	95,10	20,74**	4,60	95,18
NDM	12,32**	2,56	91,89	24,69**	2,24	95,95
APF	2,54**	12,38	60,60	3,36**	18,16	70,26
APM	3,03**	9,93	67,00	3,34**	17,59	70,04
AIPV	3,39**	25,23	70,52	2,20**	31,34	54,60
NNF	4,06**	7,81	75,37	3,34**	10,56	69,98
NNT	4,33**	6,12	76,89	4,02**	9,58	75,14
NNP	2,44**	10,57	59,05	3,68**	10,22	72,86
NV1	3,35**	31,84	70,19	5,52**	24,65	81,90
NV2	2,76**	38,52	63,78	7,16**	18,72	86,03
NV3	1,89*	50,25	47,19	5,61**	33,82	82,18
NVT	2,99**	26,76	66,54	3,67**	20,15	72,69
PMS	6,78**	7,40	85,25	7,97**	7,20	87,46
PG	2,18**	31,37	54,25	2,61**	22,44	61,66

** e * significativo pelo teste F a 1 e 5% respectivamente. H²: coeficiente de determinação genotípico; NDF e NDM: número de dias para florescimento e número de dias para a maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos; NV1, NV2 e NV3: número de vagens com um, número de vagens com dois e três grãos; NVT: número de vagens totais; PMS: peso de mil sementes; PG: produção de grãos por planta.

Embora esses valores sejam considerados elevados, segundo Pimentel-Gomes (2009) estão de acordo com os observados pela literatura para caracteres relacionados com a produtividade. Elevados CV para estes tipos de caracteres são considerados aceitáveis, por serem de caráter quantitativo e serem bastante influenciados por fatores ambientais (LEITE et al., 2015). Meier et al. (2019) ao

avaliar a performance agronômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja observaram valores de CV que variaram entre 7,64 e 73,49%. Enquanto isso, Dalchiavon, Passos e Carvalho (2012) obtiveram estimativas de CV entre 8,6 a 28,70% ao examinar a correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade da soja.

A avaliação da variabilidade genética e da herdabilidade auxilia os melhoristas na estratégia de seleção mais apropriada (KUSWANTORO et al., 2018). A herdabilidade é um parâmetro que expressa a proporção da variância fenotípica que é atribuída ao efeito médio dos genes (SCHMIDT et al., 2019). Uma vez que o modelo estatístico admitido no presente trabalho foi aquele em que os genótipos são considerados fixos, a herdabilidade é intitulada coeficiente de determinação genotípica (H^2) (REGIS et al., 2014).

A mais importante finalidade da herdabilidade no estudo genético de caracteres quantitativos é seu papel preditivo para indicar a confiabilidade do valor fenotípico como um guia para o valor genético (IBRAHIM; DAWAKI; HASSAN, 2018). As estimativas de H^2 oscilaram entre 47,19 (NV3) e 95,10 (número de dias para o florescimento, NDF) para a safra 2018/2019, e 54,60 (altura da inserção da primeira vagem, AIPV) e 95,95 (NDM) para a safra 2019/2020 (Tabela 1). Valores de H^2 são considerados de alta magnitude quando as estimativas forem iguais ou superiores a 70% (CRUZ; REGAZI; CARNEIRO, 2014). Leite et al. (2016), ao estimar parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja, encontraram valores de H^2 entre 53,00 e 94,00%. Ao trabalhar com estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja, Leite et al. (2015), obtiveram elevados valores de herdabilidade, que variaram entre 70,60 a 87,20. Estes resultados de elevada magnitude para a H^2 sugerem a possibilidade de obter êxito com a seleção de linhagens de soja com características agronômicas favoráveis.

A compreensão acerca da diversidade genética dos genótipos permite a diferenciação daqueles indivíduos com alto potencial de capacidade específica de combinação e heterose, e assim, os melhoristas podem direcionar os cruzamentos mais favoráveis (VAL et al., 2014). Somente dados em relação à divergência genética não são insuficientes para a seleção de genitores para cruzamentos.

Essas informações devem ser complementadas com o conhecimento relacionado à performance do genótipo no tocante aos caracteres de interesse (FERREIRA JÚNIOR et al., 2015).

Com referência aos caracteres agronômicos, as médias demonstram o desempenho agronômico dos genótipos, os quais foram agrupados pelo teste Scott-Knott (Tabelas 2 e 3). Para a safra de 2018/2019, o NDF variou de 37 (UFUS 27) a 62 dias (UFUS 5), havendo a formação de quatro grupos, cujos genótipos de menores ciclos vegetativos foram UFUS 27 (37 dias) e UFUS 10 (46,33 dias) (Tabela 2). Já para a safra de 2019/2020, as médias para este caráter oscilaram entre 36,67 (UFUS 27) a 61 dias (UFUS 7, UFUS 17), formando cinco grupos (Tabela 3). Os genótipos UFUS 10 e UFUS 27 também demonstraram as menores médias para o caráter em questão, 40 e 36,67 dias, respectivamente.

Para o caráter NDM, quatro grupos foram formados para a safra 2018/2019 (Tabela 2). As médias variaram entre 89,33 (UFUS 27) a 124,50 dias (UFUS 13), sendo os menores ciclos atribuídos aos genótipos UFUS 27 (89,33 dias), UFUS 8 e UFUS 10 (108 dias). Na safra de 2019/2020, o caráter NDM oscilou entre 94,67 (UFUS 27) a 135,67 dias (UFUS 15), também havendo a formação de quatro grupos, cujos genótipos UFUS 27 (94,67 dias) e UFUS 10 (116,67) demonstraram ciclos mais curtos (Tabela 3). Machado et al. (2017), avaliando 21 linhagens do Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia, conduzidos na mesma região, verificaram estimativas para o NDF de 45,3 e 65 dias e para o caráter NDM as médias variaram entre 107,3 e 130 dias. Marangoni et al. (2013) observaram para a cultivar BRSGO 7560 NDM de 111 dias para a semeadura em novembro, similar ao do presente estudo para a mesma época.

A precocidade é uma característica de bastante interesse para os produtores e, conseqüentemente, alvo dos programas de melhoramento. Este fato se deve à possibilidade de cultivo da segunda safra com milho e algodão, minimizando os danos que possam ocorrer a essas culturas devido à escassez de água e ao fotoperíodo durante esta safra (KASTRO, 2019). Desta maneira, visando a redução do ciclo, o genótipo UFUS 27 se destacou, mostrando-se favoráveis para participação em hibridações (Tabelas 2 e 3).

O comportamento dos genótipos com base em variações de fotoperíodo muda de acordo com a época de semeadura, considerando semeaduras em

mesma latitude (SAGATA et al., 2009). Para o presente trabalho, foi possível observar que, para os dois anos agrícolas, não houve tanta variação entre os ciclos vegetativos. Por outro lado, é possível verificar que houve um aumento do ciclo total dos genótipos na safra de 2019/2020. A semeadura da safra de 2019/2020 ocorreu em outubro, enquanto a semeadura de 2018/2019, em novembro, fato este, que pode ter contribuído para o aumento do ciclo dos genótipos na safra de 2019/2020. Semeaduras mais tardias ocasionam a diminuição do ciclo das cultivares de soja, especialmente durante o período reprodutivo (CRUZ; PEIXOTO; MARTINS, 2010). Amorim et al. (2011) também observaram uma redução do ciclo das cultivares de acordo com o atraso da semeadura.

Tabela 2 - Médias de caracteres de 27 genótipos de soja convencional cultivadas no município de Uberlândia, MG safra 2018/2019.

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNT
UFUS 1	60,33a	119,67b	62,06b	69,99b	14,54b	16,13a	19,13a
UFUS 2	56,67a	118,33b	68,90a	85,95a	21,74a	15,60a	19,07a
UFUS 3	59,00a	119,00b	66,09a	75,27b	23,02a	15,93a	19,60a
UFUS 4	58,33a	115,67b	73,23a	87,27a	28,11a	16,00a	19,07a
UFUS 5	62,00a	116,67b	71,15a	82,24a	19,89b	16,27a	18,33a
UFUS 6	58,00a	123,34a	65,17a	73,61b	18,18b	15,91a	18,87a
UFUS 7	58,00a	118,33b	64,19a	72,13b	15,71b	16,68a	19,22a
UFUS 8	58,00a	108,00c	78,16a	87,08a	15,08b	15,58a	17,87a
UFUS 9	52,33b	118,00b	62,48b	78,81b	16,32b	14,40b	17,40b
UFUS 10	46,33c	108,00c	55,76b	65,37b	13,31b	13,53b	16,07b
UFUS 11	59,00a	115,33b	76,12a	89,03a	26,88a	15,80a	18,87a
UFUS 12	59,33a	116,33b	66,79a	76,74b	17,66b	16,67a	19,97a
UFUS 13	59,50a	124,50a	57,52b	72,07b	16,09b	14,90a	18,60a
UFUS 14	49,33c	110,67c	49,42b	60,37b	9,36b	12,33c	14,30c
UFUS 15	55,67a	123,33a	64,80a	70,28b	13,19b	15,83a	18,80a
UFUS 16	54,33a	116,67b	66,40a	73,65b	14,43b	14,12b	16,42b
UFUS 17	61,33a	116,67b	68,07a	84,88a	19,18b	14,13b	18,67a
UFUS 18	60,00a	117,00b	68,97a	85,37a	16,91b	14,67b	19,07a
UFUS 19	56,00a	116,00b	61,44b	68,97b	14,27b	13,75b	16,38b
BRS GO 7560	59,33a	116,67b	71,69a	77,69b	17,83b	16,60a	19,40a
UFUS 21	59,00a	110,50c	73,61a	86,97a	25,70a	15,80a	20,40a

UFUS 22	57,67a	118,33b	75,57a	81,30a	27,87a	16,67a	19,58a
UFUS 23	51,67b	113,00b	63,25b	73,01b	15,85b	15,53a	18,73a
UFUS 24	58,67a	117,00b	68,73a	78,19b	23,48a	16,50a	19,05a
UFUS 25	58,00a	124,00a	68,69a	72,60b	18,48b	17,10a	19,70a
UFUS 26	57,00a	115,33b	61,29b	71,33b	19,11b	15,67a	19,53a
UFUS 27	37,00d	89,33d	46,58b	88,22a	12,32b	11,32c	18,23a

Genótipos	NNP	NV1	NV2	NV3	NVT	PMS	PG
UFUS 1	13,53a	27,73a	43,67b	19,80a	92,67a	114,57c	18,84a
UFUS 2	11,87a	13,67b	39,80b	13,20a	63,93b	118,43c	21,41a
UFUS 3	13,27a	13,00b	31,07b	19,27a	64,54b	107,47c	14,88b
UFUS 4	10,13a	11,47b	21,73b	12,27a	56,40b	117,90c	11,19b
UFUS 5	13,53a	14,60b	39,80b	42,33a	90,73a	108,67c	21,75a
UFUS 6	14,13a	22,82a	42,18b	20,18a	85,11a	123,13c	24,60a
UFUS 7	12,37a	21,38a	45,03b	27,45a	85,53a	115,27c	20,47a
UFUS 8	13,17a	29,62a	72,72a	7,72a	111,38a	126,27b	23,29a
UFUS 9	12,73a	15,80b	39,67b	17,87a	78,27b	134,20b	25,59a
UFUS 10	12,80a	21,47a	36,13b	19,13a	75,67a	109,20c	17,33a
UFUS 11	13,33a	14,80b	34,80b	24,87a	75,33a	101,00d	15,23b
UFUS 12	13,35a	20,08a	46,42b	22,90a	84,80a	126,73b	22,46a
UFUS 13	12,30a	10,30b	19,50b	12,40a	45,93b	91,55d	8,25b
UFUS 14	11,20a	14,68b	25,17b	13,47a	49,53b	119,37c	9,97b
UFUS 15	13,55a	14,68b	48,98b	15,87a	93,12a	112,90c	17,20a
UFUS 16	13,00a	10,45b	30,00b	28,47a	55,78b	115,97c	18,38a
UFUS 17	13,07a	22,40a	60,07a	12,53a	99,07a	96,33d	17,21a
UFUS 18	13,87a	27,53a	80,67a	16,93a	120,28a	111,87c	22,05a
UFUS 19	10,75a	13,63b	31,63b	6,38a	61,28b	131,50b	12,60b
BRS GO 7560	12,47a	22,40a	50,13b	24,00a	91,93a	121,70c	21,07a
UFUS 21	13,30a	7,70b	19,70b	15,00a	45,00b	119,85c	10,60b
UFUS 22	11,67a	19,45a	34,04b	17,48a	64,43b	130,67b	17,89a
UFUS 23	13,67a	13,00b	32,93b	9,80a	63,70b	138,30b	16,22b
UFUS 24	11,23a	19,05a	42,47b	19,97a	78,18a	121,57c	26,07a
UFUS 25	16,20a	16,80b	40,40b	19,90a	79,77a	119,30c	18,70a
UFUS 26	12,73a	17,53b	44,93b	21,73a	77,13a	117,13c	19,91a
UFUS 27	14,25a	9,37b	19,47b	14,90a	39,93b	156,87a	13,80b

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott-Knott ($p \leq 0,05$). NDF e NDM: número de dias para florescimento e número de dias para a maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos; NV1, NV2 e NV3:

número de vagens com um, dois e três grãos; NVT: número de vagens totais; PMS: peso de mil sementes; PG: produção de grãos por planta.

Tabela 3 - Médias de caracteres de 27 genótipos de soja convencional cultivadas no município de Uberlândia, MG safra 2019/2020.

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNT
UFUS 1	56,00b	125,67b	39,50c	42,93c	8,30b	12,20b	15,80a
UFUS 2	57,67b	130,00b	42,00c	54,12b	9,91b	12,50b	16,00a
UFUS 3	55,67b	126,67b	40,55c	49,20c	12,04a	13,30b	16,50a
UFUS 4	52,00c	126,67b	43,30c	54,55b	11,04b	15,50a	14,90a
UFUS 5	58,33a	128,00b	57,10a	68,37a	16,11a	12,60b	16,20a
UFUS 6	51,00c	126,67b	37,72c	49,51c	9,83b	11,33c	14,17a
UFUS 7	61,00a	125,67b	48,38b	50,27c	9,88b	12,70b	14,60a
UFUS 8	49,67c	117,00c	47,16b	55,72b	9,04b	13,80b	14,87a
UFUS 9	54,00b	127,00b	43,50c	48,85c	9,67b	10,60c	13,10b
UFUS 10	40,00d	116,67c	41,39c	43,73c	7,43b	11,40c	13,25b
UFUS 11	60,67a	121,33c	66,67a	71,59a	14,22a	12,20b	14,93a
UFUS 12	56,67b	123,00c	48,32b	53,55b	9,47b	12,93b	14,23a
UFUS 13	59,67a	127,00b	26,20c	30,07c	6,51b	9,20c	11,00b
UFUS 14	41,67d	117,67c	32,75c	38,75c	5,92b	10,33c	11,33b
UFUS 15	47,00c	135,67a	33,33c	37,91c	9,15b	10,85c	12,05b
UFUS 16	49,67c	134,67a	55,21a	58,72b	15,98a	11,37c	15,20a
UFUS 17	61,00a	120,67c	56,56a	63,78a	7,95b	12,35b	16,08a
UFUS 18	57,00b	125,67b	47,57b	52,87b	8,56b	11,87c	15,77a
UFUS 19	50,67c	123,00c	47,12b	55,37b	10,25b	12,20b	13,50b
BRS GO 7560	52,67c	121,00c	34,31c	41,83c	8,03b	10,98c	12,93b
UFUS 21	59,00a	126,00b	46,45b	50,73c	14,06a	12,70b	13,00b
UFUS 22	50,33c	119,33c	39,07c	45,34c	8,84b	13,17b	13,00b
UFUS 23	50,33c	119,33c	46,56b	52,45b	8,33b	12,23b	14,42a
UFUS 24	49,67c	125,67b	49,35b	57,56b	13,70a	15,25a	15,18a
UFUS 25	59,00a	126,33b	42,53c	49,37c	7,70b	12,33b	14,13a
UFUS 26	51,00c	125,00b	37,75c	49,20c	9,61b	13,10b	13,30b
UFUS 27	36,67e	94,67d	43,29c	69,04a	8,83b	11,40c	17,43a
Genótipos	NNP	NV1	NV2	NV3	NVT	PMS	PG
UFUS 1	11,80a	29,90a	40,90c	9,20c	80,00b	111,94d	12,92b

UFUS 2	12,00a	21,10b	68,20a	27,20b	116,50a	126,88c	24,34a
UFUS 3	12,50a	19,70b	37,30c	47,70a	104,70a	112,94d	20,65a
UFUS 4	11,10a	18,40b	51,40b	25,20b	95,00a	142,06b	23,18a
UFUS 5	12,00a	16,60c	48,07b	36,27b	100,93a	125,83c	23,57a
UFUS 6	11,42a	19,71b	38,04c	28,29b	86,04b	127,44c	19,54a
UFUS 7	11,90a	14,00c	33,20c	29,30b	76,50b	119,81c	17,69a
UFUS 8	11,67a	23,20b	56,40b	6,93c	86,53b	133,67b	17,50a
UFUS 9	10,00b	10,00c	25,40c	17,40c	52,80b	138,56b	13,36b
UFUS 10	10,85b	13,15c	39,25c	30,48b	82,88b	120,00c	19,11a
UFUS 11	10,80b	10,67c	27,53c	26,73b	64,93b	127,21c	16,81b
UFUS 12	10,60b	15,83c	43,17c	13,47c	72,47b	134,75b	18,54a
UFUS 13	8,90b	16,20c	40,70c	12,00c	68,90b	88,06e	9,67b
UFUS 14	9,33b	8,50c	37,33c	25,17b	71,00b	126,81c	18,02a
UFUS 15	8,80b	17,70c	46,30b	12,70c	76,70b	101,00e	12,23b
UFUS 16	11,70a	13,20c	33,18c	17,98c	64,35b	127,06c	14,15b
UFUS 17	11,65a	29,15a	74,55a	13,85c	117,55a	97,75e	15,57b
UFUS 18	11,77a	24,88a	55,77b	18,40c	99,05a	116,17d	18,36a
UFUS 19	10,00b	21,30b	50,50b	7,70c	79,50b	133,69b	18,24a
BRS GO 7560	9,55b	17,40c	40,60c	15,23c	73,23b	122,44c	16,20b
UFUS 21	9,25b	14,10c	33,65c	31,68b	79,43b	122,19c	20,15a
UFUS 22	10,48b	14,20c	36,81c	16,80c	67,81b	136,46b	16,65b
UFUS 23	11,77a	11,08c	49,30b	16,43c	76,82b	121,21c	15,61b
UFUS 24	10,43b	15,93c	36,53c	12,75c	65,20b	127,19c	11,48b
UFUS 25	11,47a	19,73b	53,27b	30,07b	103,07a	113,42d	19,31a
UFUS 26	10,90b	12,60c	30,80c	15,50c	58,90b	152,69a	16,48b
UFUS 27	14,42a	7,92c	21,00c	20,12c	49,03b	149,75a	14,77b

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na coluna constituem grupo estatisticamente homogêneo pelo teste Scott-Knott ($p \leq 0,05$). NDF e NDM: número de dias para florescimento e número de dias para a maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e altura da planta na maturidade; AIPV: altura de inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais na maturidade; NNP: número de nós produtivos; NV1, NV2 e NV3: número de vagens com um, dois e três grãos; NVT: número de vagens totais; PMS: peso de mil sementes; PG: produção de grãos por planta.

Alguns aspectos relativos à arquitetura das plantas de soja podem afetar sua adequação à colheita mecânica, e dentre esses caracteres, estão a altura da planta, altura da inserção do primeiro legume, número de ramificações, acamamento e diâmetro do caule. A altura da planta é relevante pois influencia o potencial produtivo, contenção de plantas invasoras, acamamento e efetividade da colheita mecanizada. Plantas com baixa estatura (inferiores a 50 cm) contribuem para o

desenvolvimento de vagens adjuntas ao solo, atrapalhando a colheita mecânica. Em contrapartida, o acamamento é resultante de plantas de grande porte, ocasionando também a não colheita destas plantas no campo pelo maquinário (HEIFFIG-DEL-AGUILA; DEL AGUILA; THEISEN, 2011).

Na safra de 2018/2019, para altura da planta no florescimento (APF), as médias variaram de 46,58 (UFUS 27) a 78,16 cm (UFUS 8), já para a altura de planta na maturação (APM), as estimativas oscilaram entre 60,37 (UFUS 14) e 89,03 cm (UFUS 11), havendo a formação de dois grupos para ambos os caracteres (Tabela 2). Para a safra 2019/2020 foi observado a formação de três grupos para o caráter APF, com variação de médias entre 26,20 (UFUS 13) e 66,67 cm (UFUS 11) (Tabela 3). Para esta mesma safra, verificou-se a formação de três grupos para a APM, e as estimativas para este caráter mantiveram-se entre 30,07 (UFUS 13) e 71,59 cm (UFUS 11).

Grande parte das cultivares de soja apresentam arquitetura entre 50 e 90 cm (SEDIYAMA et al., 2016). Na safra 2018/2019, todos os genótipos mantiveram-se dentro deste padrão (Tabela 2). Por outro lado, na safra 2019/2020, os genótipos UFUS 2, UFUS 4, UFUS 5, UFUS 7, UFUS 8, UFUS 11, UFUS 12, UFUS 16, UFUS 18, UFUS 19, UFUS 21, UFUS 23, UFUS 24 e UFUS 27 foram verificados nesta faixa (Tabela 3). Vianna et al. (2019), ao avaliar a seleção de linhagens, parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em soja, utilizando as mesmas linhagens do presente trabalho, obtiveram médias para a APF que oscilaram entre 30,47 e 81,93 cm, já para a APM as estimativas variaram entre 64,40 e 118,87 cm.

Visando minimizar as perdas pela colheita mecanizada, a altura da inserção da primeira vagem (AIPV) é outro caráter importante na seleção de linhagens promissoras. De acordo com Sedyama, Silva e Borém (2015), a AIPV deve exceder os 12 cm de altura. As médias das linhagens quanto ao caráter AIPV oscilaram de 9,36 (UFUS 14) a 28,11 cm (UFUS 4) para a safra de 2018/2019 (Tabela 2) e 6,51 (UFUS 13) a 16,11 cm (UFUS 15) para a safra 2019/2020 (Tabela 3), havendo a formação de dois grupos para ambas as safras. Portanto, na safra 2018/2019, todos os genótipos mantiveram-se dentro do padrão considerado ideal, exceto a UFUS 14. Enquanto na safra 2019/2020, os genótipos que se encaixaram nesta faixa foram: UFUS 3, UFUS 5, UFUS 11, UFUS 16, UFUS 21 e UFUS 24 (Tabela 3). Cavalcante et al. (2011) avaliando linhagens do Programa de Melhoramento da

Universidade Federal de Uberlândia na região de Uberaba, observaram estimativas para a AIPV que variaram entre 6,60 a 20,45 cm.

O número de nós tem sido associado à produtividade de grãos, devendo também ser considerado no processo de seleção de linhagens (VIANNA et al., 2019). De acordo com Sedyama (2016), para ter seu desempenho produtivo considerado satisfatório, uma planta de soja deve possuir entre 17-18 nós na haste principal. Na Tabela 2, é possível observar que para a safra de 2018/2019, o número de nós no florescimento (NNF) apresentou médias que variaram entre 11,32 (UFUS 27) a 17,10 nós (UFUS 25), com a formação de três grupos. Para o número de nós total (NNT), foi verificada a formação de dois grupos, cujas estimativas oscilaram entre 14,30 (UFUS 14) e 20,40 (UFUS 21). Todas os genótipos avaliados obtiveram o NNT considerado apropriado, exceto os genótipos UFUS 10, UFUS 14, UFUS 16 e UFUS 19. Para esta mesma safra as médias para o caráter número de nós produtivos (NNP) mantiveram-se entre 10,13 (UFUS 4) e 16,20 (UFUS 25), não havendo a separação de grupos pelo teste Scott-Knott.

No ano agrícola 2019/2020, foi observada a formação de três grupos para o caráter NNF. As médias oscilaram entre 9,20 (UFUS 13) e 15,50 (UFUS 4) (Tabela 3). Para o NNT, as estimativas para este caráter variaram entre 11,00 (UFUS 13) e 17,43 (UFUS 27), formando assim dois grupos. Desta forma, somente o genótipo UFUS 27 obteve desempenho considerado favorável para este caráter. Ainda para esta safra, verificou-se a formação de dois grupos para o caráter NNP, cujas médias variaram entre 8,80 (UFUS 15) e 14,42 (UFUS 27). Ao avaliar o efeito da época de semeadura no desempenho da soja no município de Uberlândia, Mattos et al. (2020) verificaram valores médios para o caráter NNT entre 13,90 a 18,55 e 13,03 a 17,00 para as semeaduras de outubro e novembro, respectivamente.

A quantidade de vagens produzidas por uma planta de soja, bem como a massa de sementes, estão associadas diretamente com a produtividade (PEREIRA et al., 2015). Na safra de 2018/2019, para o caráter número de vagens com um grão (NV1), foi observada a formação de dois grupos segundo o teste de Scott-Knott, cujas médias variaram entre 7,70 (UFUS 21) e 29,62 (UFUS 8) (Tabela 2). Para o número de vagens com dois grãos (NV2), as estimativas oscilaram entre 19,47 (UFUS 27) e 80,67 (UFUS 18), formando também dois grupos. Em relação ao caráter NV3, a formação de grupos não foi observada e as médias mantiveram-

se entre 6,38 (UFUS 19) e 42,33 (UFUS 5). Já para o caráter NVT, a formação de dois grupos foi verificada e as médias oscilaram entre 39,93 (UFUS 27) e 120,28 (UFUS 18).

Para a safra 2019/2020, o caráter NV1 oscilou de 7,92 (UFUS 27) a 29,90 (UFUS 1), cuja formação de três grupos foi observada (Tabela 3). Para o NV2, também verificou-se a formação de três grupos, em que as estimativas médias variaram entre 21,00 (UFUS 27) e 74,55 (UFUS 17). Observando o caráter NV3, foi possível constatar a formação de três grupos pelo teste Scott-Knott, além da oscilação das médias que se mantiveram entre 6,93 (UFUS 8) e 47,70 (UFUS3). O caráter NVT obteve valores médios que variaram entre 49,04 (UFUS 27) e 117,55 (UFUS 17), com a formação de dois grupos. Portanto, é possível constatar que os genótipos que se destacaram em relação à produção de vagens por planta, mostrando potencial produtivo, foram UFUS UFUS 5, UFUS 17, UFUS 18 e UFUS 25, uma vez que esses genótipos demonstraram as maiores médias para o caráter para ambas as safras.

O peso das sementes é determinado geneticamente, no entanto, é impactado pelo ambiente, bem como por tratos culturais. Há uma relação deste caráter com o vigor das sementes, pois quanto maior o tamanho das sementes, maior a quantidade de fotoassimilados armazenados (MATHIAS; COELHO, 2018). Para a fabricação de óleo e farelo, as cultivares usualmente empregadas apresentam peso médio em torno de 12 a 120 g por 100 sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Para a safra de 2018/2019, formaram-se três grupos para o peso de mil sementes (PMS), cujas médias variaram entre 91,55 (UFUS 13) e 156,86g (UFUS 27), (Tabela 2). Na safra de 2019/2020, as médias para este caráter oscilaram entre 88,06 (UFUS 13) e 152,09g (UFUS 26) (Tabela 3). O genótipo que mostrou melhor desempenho para este caráter para ambas as safras, conforme a Tabela 3, foi a UFUS 27, podendo ser utilizada em programas de melhoramento visando o desenvolvimento de plantas com alto potencial fisiológico. Ao avaliar o efeito da época de semeadura e população de plantas sobre o potencial produtivo e caracteres agrônômicos em soja, Luiz et al. (2020) obtiveram médias para o PMS que oscilaram entre 172,05 e 175,55g.

A produtividade de grãos é o principal caráter a ser considerado em programas de melhoramento, e seu desempenho depende de fatores de natureza genética e ambiental, além do gerenciamento correto dos tratos culturais (LUIZ et al., 2020). Na safra 2018/2019, o caráter produção de grãos (PG) apresentou variação de 8,25 (UFUS 13) a 26,07g (UFUS 24), formando dois grupos (Tabela 2). Para a safra de 2019/2020, também foi verificado a formação de dois grupos, cuja médias variaram de 9,67g (UFUS 13) a 24,34g (UFUS 2). Os genótipos com maiores médias para este caráter, para ambas as safras foram a UFUS 2, UFUS 5, UFUS 6, UFUS 7, UFUS 8, UFUS 10, UFUS 12, UFUS 18 e UFUS 25 (Tabela 3).

Observando todos os caracteres avaliados, nota-se que para todos eles, os genótipos demonstraram melhor desempenho na safra 2018/2019. Por meio dos dados pluviométricos (Figuras 1 e 2), verifica-se que a disponibilidade hídrica logo após a semeadura foi maior na safra de 2018/2019. Durante a condução do experimento na safra de 2019/2020, houve um período de estresse hídrico. A demanda hídrica durante a fase vegetativa é elevada, considerando o desenvolvimento das folhas. Portanto, a diminuição da disponibilidade de água durante este estágio pode determinar plantas de pequeno porte, ocasionado pela redução na quantidade de nós e comprimento dos entrenós, e com folhas pequenas, comprometendo o desempenho dos genótipos (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

O desempenho de diferentes genótipos em relação a caracteres agronômicos pode sofrer alterações entre um ambiente de cultivo e outro. Desta forma, torna-se necessária a condução de trabalhos que visem investigar o comportamento de diferentes genótipos em locais distintos, anos, épocas, dentre outras variáveis, os quais podem ser realizados com base em técnicas multivariadas (SANTOS et al., 2018).

A estatística multivariada fundamenta-se em estimativas de dissimilaridade, dentre elas a distância Euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Elas podem ser empregadas com o intuito de mensurar a variabilidade genética entre indivíduos, sendo que a distância de Mahalanobis pode ser utilizada para este propósito quando diversos caracteres são avaliados em genótipos diferentes (RODRIGUES et al., 2017). As estimativas de dissimilaridade foram analisadas a

partir da distância de Mahalanobis (D^2), considerando 27 genótipos e 14 caracteres em dois anos agrícolas (Tabela 4).

Tabela 4 - Dissimilaridade genética, baseada na distância generalizada de Mahalanobis, entre 27 genótipos de soja com relação a 14 caracteres para as safras de 2018/2019 e 2019/2020.

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1	-	31	11	24	38	11	9	86	51	95	25	11	28	92	27	39	31	39	40	9	41	22	70	22	23	14	449
2	57	-	28	15	62	19	26	51	15	81	32	16	52	76	33	34	29	27	25	19	43	21	49	7	44	18	368
3	87	122	-	18	29	14	13	106	51	96	13	13	21	91	21	27	35	47	41	14	24	19	64	25	13	9	438
4	80	35	120	-	43	29	16	79	39	96	24	11	46	84	42	40	44	48	30	12	23	11	56	12	45	13	384
5	67	52	37	50	-	44	31	158	89	156	17	46	38	151	55	41	57	79	94	36	68	59	141	52	51	53	553
6	47	54	44	40	16	-	20	79	28	95	25	14	40	95	21	33	31	31	38	16	48	20	61	17	11	18	436
7	64	95	37	91	21	29	-	101	49	94	27	11	26	86	22	28	44	49	38	5	44	19	72	18	34	11	444
8	67	61	178	38	92	65	118	-	55	92	96	68	162	104	101	106	58	41	56	70	93	76	70	56	113	73	351
9	68	84	58	73	23	15	17	92	-	54	57	32	83	50	47	34	59	51	21	43	56	41	30	27	54	32	285
10	209	212	143	149	126	96	148	143	117	-	100	90	127	18	101	55	113	120	58	96	86	100	48	94	115	66	210
11	116	161	66	139	44	63	23	149	36	133	-	30	36	109	40	29	25	42	63	23	38	33	94	31	32	29	462
12	47	41	106	28	35	29	43	28	34	139	70	-	49	83	31	38	42	40	25	6	21	8	40	9	26	5	379
13	55	74	87	102	59	51	48	96	54	150	81	49	-	107	31	36	48	72	68	41	72	63	118	59	43	41	518
14	195	176	150	119	112	81	133	115	96	9	123	105	121	-	93	46	118	122	33	93	78	96	38	95	112	61	205
15	118	79	135	70	88	63	139	93	102	94	181	91	81	78	-	31	37	35	37	23	71	40	74	38	21	25	480
16	110	98	91	84	45	29	74	118	42	112	109	83	106	106	63	-	53	66	34	34	51	48	63	43	42	28	371
17	60	75	161	127	111	115	128	76	136	228	152	80	65	208	138	192	-	8	57	31	72	53	106	35	50	42	503
18	15	25	79	52	37	31	52	45	49	158	92	24	35	138	77	84	34	-	50	31	81	45	93	34	51	43	485
19	66	48	155	24	66	45	99	9	68	125	126	17	77	94	63	87	85	37	-	32	42	33	22	33	53	20	306
20	43	52	82	42	38	21	46	36	34	95	67	12	28	69	64	82	69	21	23	-	37	11	64	9	31	9	442
21	88	98	42	66	19	31	21	115	32	118	31	43	58	101	108	80	144	65	83	38	-	29	36	41	46	20	306
22	71	74	96	30	42	22	48	31	30	83	68	14	63	59	79	67	117	48	23	15	41	-	49	12	31	11	398
23	94	77	117	62	56	41	71	39	49	59	85	35	56	40	60	68	92	49	35	25	74	22	-	58	66	34	202
24	62	64	83	27	43	29	71	42	53	94	96	35	71	83	46	53	99	42	31	29	52	24	39	-	43	14	409
25	27	37	47	52	17	19	22	68	29	136	58	25	23	115	79	72	59	14	54	20	33	37	43	40	-	26	461
26	77	66	115	30	48	27	56	52	29	154	98	25	95	119	109	61	159	63	39	44	63	18	58	45	51	-	357
27	363	455	348	381	334	289	297	271	278	184	231	289	336	191	426	381	361	335	305	249	320	226	209	305	323	313	-

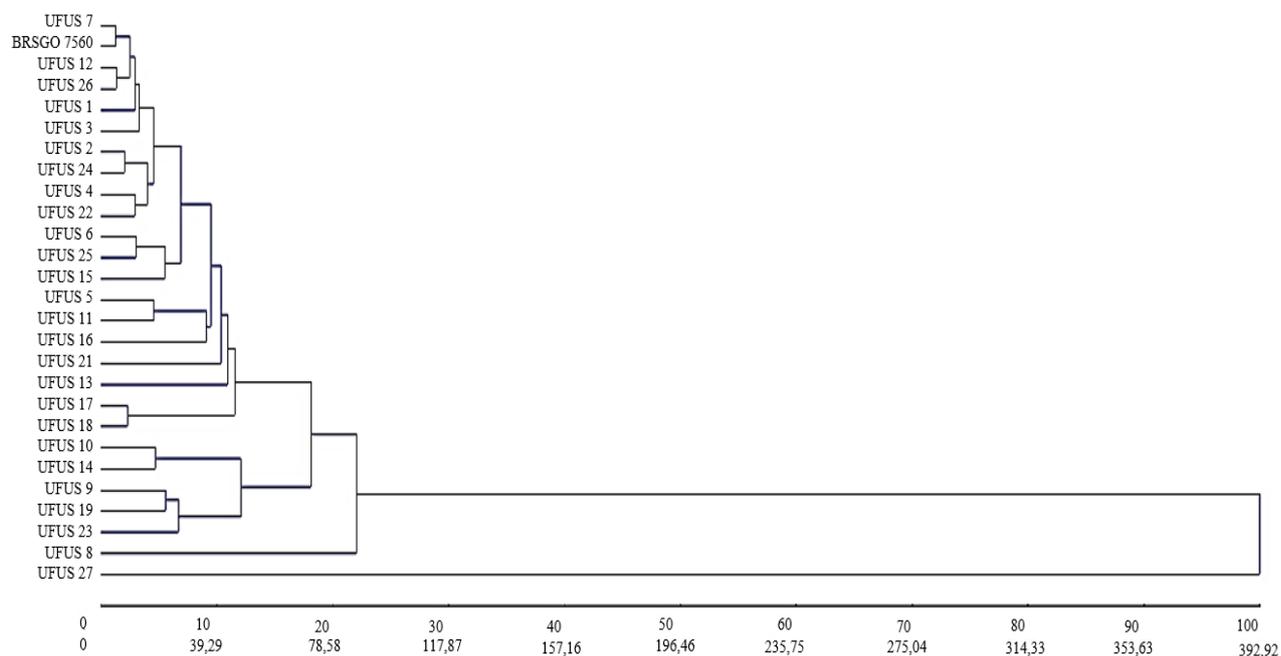
Genótipos de 1 a 19 e 21 a 27: linhagens do Programa da UFU em ordem numérica. Genótipo 20: Cultivar BRSGO 7560. Os dados acima da linha diagonal referem-se à safra 2018/2019 e os dados abaixo desta linha estão relacionados à safra de 2019/2020.

As estimativas de D^2 indicam a dissimilaridade entre os genótipos. Sendo assim, quanto maior as estimativas de D^2 , maior a dissimilaridade entre os genótipos. As menores distâncias encontradas na safra 2018/2019 foram entre UFUS 7 e UFUS 20 e UFUS 12 e UFUS 26 (ambas com $D^2 = 5$) (Tabela 4). Para a safra 2019/2020, as menores distâncias foram observadas entre os genótipos UFUS 10 e UFUS 14 e UFUS 8 e UFUS 19 (ambas com $D^2 = 9$). Por outro lado, as maiores magnitudes encontradas foram entre os genótipos UFUS 5 e UFUS 27 ($D^2 = 553$) e UFUS 2 e UFUS 27 ($D^2 = 455$) nas safras de 2018/2019 e 2019/2020, respectivamente. A existência de variabilidade e divergência genética sugere a possibilidade da utilização dos genótipos avaliados como genitores em programas de melhoramento. Em relação às maiores distâncias verificadas, para ambas as safras, o genótipo UFUS 27 estava presente, sendo o mais divergente entre os demais genótipos. Os dendogramas foram constituídos a partir da matriz de dissimilaridade dos genótipos através dos caracteres agronômicos avaliados, baseado nos métodos hierárquicos de ligação média entre grupos (UPGMA) (Figura 3).

O objetivo do coeficiente de correlação cofenético (CCC) é verificar o grau de ajuste entre o dendograma gerado e a matriz de dissimilaridade (CRISPIM et al., 2019). Quando o coeficiente de correlação cofenético (CCC) entre a matriz de Mahalanobis e a matriz de agrupamento UPGMA apresenta estimativas superiores a 0,70, indica que o método de agrupamento utilizado foi satisfatório (VIANA et al., 2018). Os resultados para os CCC foram de 0,94 (safra 2018/2019) e 0,90 (safra 2019/2020) (Figura 3). Valores de CCC significativos a 1% de probabilidade pelo teste t. sugerem dendogramas com um bom ajuste.

A análise do dendrograma em relação à divisão dos grupos pode ser relativa. Uma avaliação visual é efetuada em localidades que orientem na distinção de diferentes grupos, assim, o corte no dendrograma é realizado de acordo com variações bruscas de níveis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014; OLIVEIRA et al., 2019). Baseando-se nesse critério, foi adotado para a safra 2018/2019 15% como ponto de corte e para a safra de 2019/2020 em 23%, podendo assim observar a formação de 4 (safra 2018/2019) e 6 grupos (safra 2019/2020) (Figura 3).

A



B

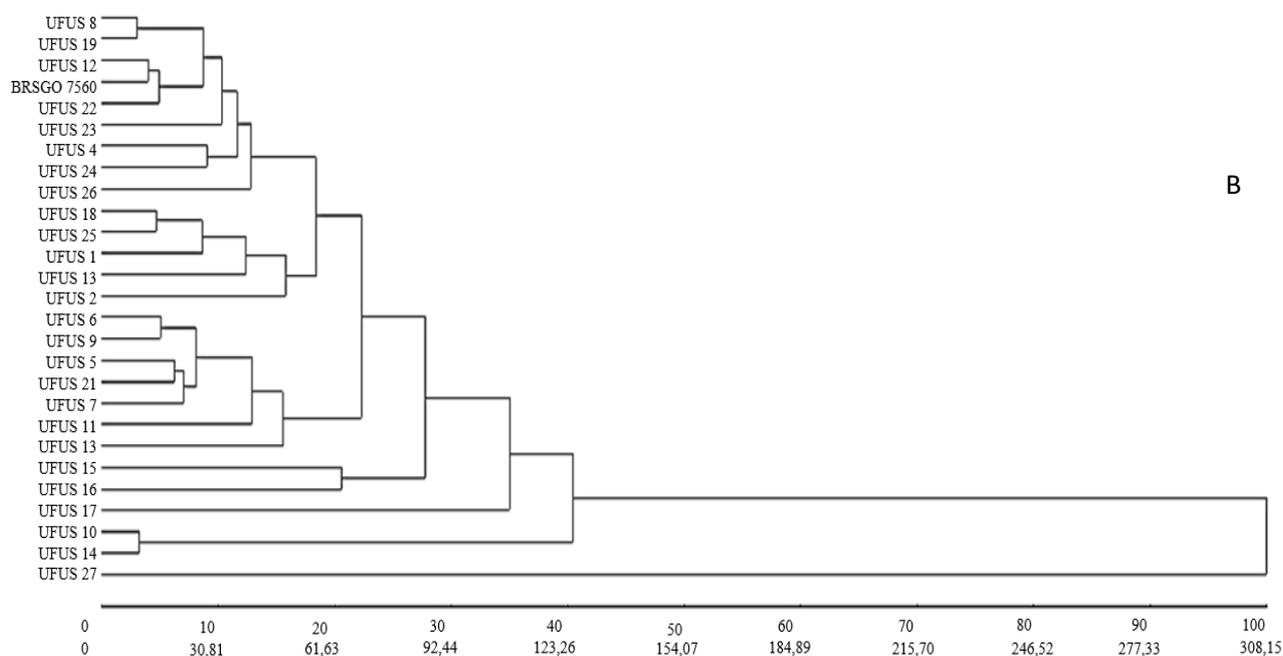


Figura 3. Dendogramas representativos da dissimilaridade genética de 27 genótipos de soja convencionais avaliados em Uberlândia-MG, pelo método UPGMA. A) Safra 2018/2019; B) Safra 2019/2020. Coeficiente de correlação cofenética: 0,94** e 0,90**, nas safras de 2018/2019 e 2019/2020, respectivamente. **Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo test t.

O método de otimização de Tocher é bastante aplicado no melhoramento vegetal. Nele, assume-se como fundamento que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser inferior às distâncias médias quando comparadas entre os grupos (CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2014). A Tabela 5 mostra o agrupamento dos 27 genótipos conduzidos nas safras 2018/2019 e 2019/2020, respectivamente, pelo método de otimização de Tocher. Os resultados demonstraram para ambas as safras a formação de 2 grupos, sendo que o grupo I agrupou 96,30% dos genótipos e o grupo II reuniu um único genótipo (UFUS 27). O achado indica que o grupo formado por um único indivíduo (grupo II) é o mais divergente dentre os demais genótipos.

Tabela 5 - Agrupamento de otimização de Tocher entre 27 genótipos de soja, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis obtida por caracteres agronômicos nas safras 2018/2019 e 2019/2020.

Safr 2018/2019	
Grupos	Genótipos
Grupo I	UFUS 7; BRSGO 7560; UFUS 12; UFUS 26; UFUS 1; UFUS 3; UFUS 22; UFUS 4; UFUS 24; UFUS 6; UFUS 2; UFUS 11; UFUS 25; UFUS 15; UFUS 16; UFUS 19; UFUS 21; UFUS 9; UFUS 17; UFUS 18; UFUS 13; UFUS 5; UFUS 23; UFUS 8; UFUS 14; UFUS 10;
Grupo II	UFUS 27
Safr 2019/2020	
Grupos	Genótipos
Grupo I	UFUS 8; UFUS 19; UFUS 12; UFUS 22; BRSGO 7560; UFUS 23; UFUS 24; UFUS 4; UFUS 6; UFUS 26; UFUS 25; UFUS 18; UFUS 5; UFUS 9; UFUS 21; UFUS 7; UFUS 2; UFUS 13; UFUS 1; UFUS 16; UFUS 15; UFUS 11; UFUS 3; UFUS 17; UFUS 14; UFUS 10;
Grupo II	UFUS 27

Outra metodologia aplicada em estudos de divergência genética é o das variáveis canônicas. A utilização deste método possibilita a simplificação de um

conjunto de dados, diminuindo o número de características em alguns componentes que são independentes, visando reter a maioria da variação verificada (MEIRA et al., 2019).

A utilização das variáveis canônicas em estudos de divergência genética é satisfatória quando as primeiras variáveis canônicas acumulam a maior parte da variância total, em geral 80% (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). As três primeiras variáveis canônicas verificadas no estudo representaram 79,16% (safra 2018/2019) e 73,07 (safra 2019/2020) (Tabela 6). No entanto, sugere-se que a natureza e a quantidade de caracteres avaliados influenciam neste resultado. Podendo predominar o acúmulo da variância total nas primeiras variáveis quando poucos caracteres são considerados (OLIVEIRA et al., 2014).

Tabela 6 - Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas para 27 genótipos na safra de 2018/2019 e 2019/2020.

Safra 2018/2019			
Variáveis Canônicas	Raiz	Raiz (%)	(%) Acumulada
1	21,12	57,06	57,06
2	4,87	13,17	70,23
3	3,30	8,93	79,16
4	2,02	5,47	84,63
5	1,42	3,85	88,48
6	1,22	3,31	91,79
7	0,95	2,56	94,34
8	0,67	1,83	96,17
9	0,48	1,29	97,46
10	0,38	1,04	98,50
11	0,25	0,69	99,19
12	0,16	0,43	99,62
13	0,10	0,28	99,90
14	0,04	0,10	100,00

Safra 2019/2020			
-----------------	--	--	--

Variáveis Canônicas	Raiz	Raiz (%)	(%) Acumulada
1	15,90	35,24	35,24
2	9,18	20,35	55,60
3	7,88	17,48	73,07
4	4,71	10,45	83,52
5	2,10	4,65	88,17
6	1,78	3,94	92,11
7	1,21	2,69	94,80
8	1,06	2,36	97,17
9	0,52	1,14	98,30
10	0,28	0,63	98,93
11	0,22	0,50	99,43
12	0,15	0,34	99,77
13	0,07	0,15	99,92
14	0,04	0,08	100,00

A dispersão gráfica agregou os 27 genótipos em três grupos, para ambas as safras, de forma que o genótipo UFUS 27 continuou sendo o mais divergente (Figuras 4A e 4B). Ao comparar os diferentes métodos de agrupamento, os resultados observados neste estudo demonstraram concordância parcial. Houve divergência em relação aos grupos formados, coincidindo ao diferenciar a linhagem UFUS 27 como genótipo mais divergente em relação ao restante dos genótipos. No entanto, ao comparar o método UPGMA, otimização de Tocher e a dispersão das variáveis canônicas, é possível observar que os grupos apresentados pelos dendrogramas agrupou as cultivares distintas em uma forma mais diversificada e detalhada, elevando as chances de identificar genitores divergentes.

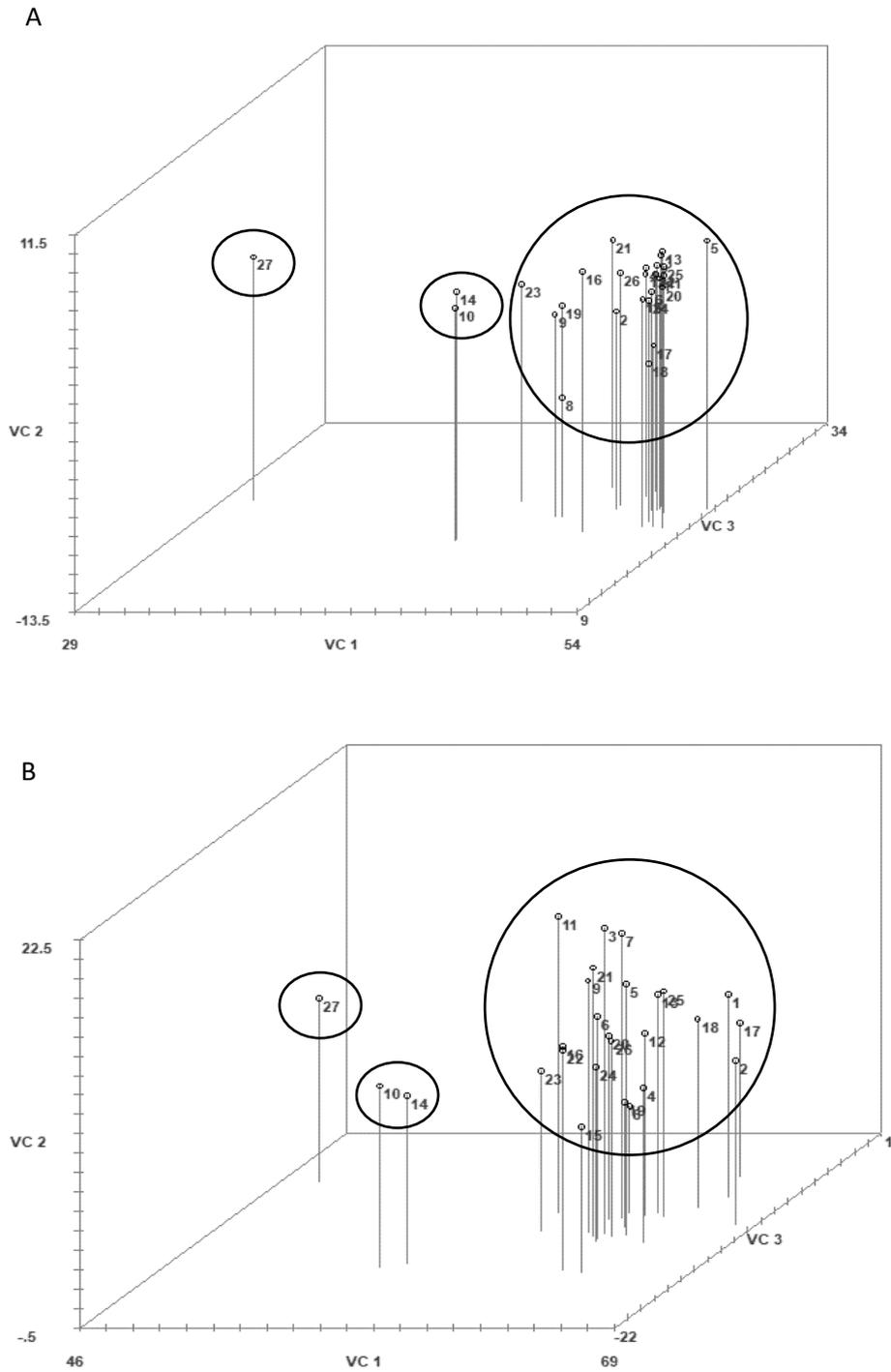


Figura 4. Dispersão gráfica de 27 genótipos de soja em relação às três primeiras variáveis canônicas. VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2; VC3: Variável canônica 3; Pontos de 1 a 19 e 21 a 27: linhagens do Programa da UFU em ordem numérica; Ponto 20: Cultivar BRS GO 7560. A) safra 2018/2019. B) safra 2019/2020.

Através da metodologia de quantificação da distância de Mahalanobis, o método de Singh (1981) possibilita identificar a relevância de cada caráter para a divergência genética dos genótipos. A importância desta metodologia está no fato de poder diferenciar aqueles caracteres cuja contribuição é mínima, podendo focar naqueles caracteres cuja participação são mais importantes (GRIGOLO et al., 2018).

A contribuição relativa de cada caráter para a divergência genética, de acordo com o método de Singh (1981), pode ser verificada na Tabela 7. Para a safra 2018/2019, o caráter que mais contribuiu para a divergência genética entre os genótipos foi o NDM (23,11 %), e em contrapartida, o atributo com menor participação foi o NNF (0,08%). Para a safra de 2019/2020, a maior contribuição para a diferença genética entre os genótipos foi atribuída ao caráter NVT (35,85%) e a menor contribuição foi APM e PG, ambos com 0,02% (Tabela 7). Ao selecionar genitores em programas de melhoramento, devem ser priorizados os caracteres com maior contribuição, visando a obtenção de genótipos mais divergentes. Em contrapartida, as variáveis que apresentaram as menores contribuições, não são as mais significativas em estudos de divergência genética.

Tabela 7 - Contribuição relativa de caracteres agrônômicos em 27 genótipos de soja para a safra 2018/2019 e 2019/2020, conforme critério de Singh (S.j.) (1981).

Caracteres	S.J	Valor (%)
Número de dias para o florescimento	5100,66	19,63
Número de dias para a maturidade	6002,16	23,11
Altura da planta no florescimento	1667,60	6,42
Altura da planta na maturidade	1253,31	4,82
Altura de inserção da primeira vagem	776,95	2,99
Número de nós no florescimento	20,82	0,08
Número de nós totais	1040,06	4,00
Número de nós produtivos	1055,70	4,06
Número de vagens com um grão	451,65	1,74
Número de vagens com dois grãos	1474,67	5,68
Número de vagens com três grãos	1932,78	7,44
Número de vagens totais	1175,23	4,52
Peso de mil sementes	3167,84	12,19
Produtividade de grãos por planta	857,54	3,30

Safra 2019/2020		
Caracteres	S.J	Valor (%)
Número de dias para o florescimento	6932,97	0,31
Número de dias para a maturidade	7435,21	0,33
Altura da planta no florescimento	644,54	0,03
Altura da planta na maturidade	395,11	0,02
Altura de inserção da primeira vagem	1042,00	0,05
Número de nós no florescimento	1173,69	0,05
Número de nós totais	1157,35	0,05
Número de nós produtivos	782,62	0,03
Número de vagens com um grão	589263,52	26,37
Número de vagens com dois grãos	512252,56	22,93
Número de vagens com três grãos	310383,54	13,89
Número de vagens totais	800990,74	35,85
Peso de mil sementes	1210,73	0,05
Produtividade de grãos por planta	533,30	0,02

Os trabalhos de correlação são de grande relevância em programas de melhoramento, especialmente em situações cujo caráter de interesse é de difícil seleção, uma vez que possui baixa herdabilidade ou dificuldade de estimação. Desta forma, a correlação possibilita estimar a amplitude e o sentido em que dois caracteres estão associados, viabilizando a seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Por meio dos dados de correlação, torna-se possível a seleção

de um caráter principal com base em informações de um caráter secundário, possibilitando avanços mais velozes (BASAGLIA et al., 2020).

Em estudos de diversidade genética, caracteres em que não se nota uma variação considerável e aqueles classificados como redundantes por mostrarem correlação com outros caracteres, são descartáveis. Desta forma, estimativas de correlação contribuem para reduzir o número de variáveis analisadas (CRUZ REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Em estudos de correlação, considera-se a magnitude e o sentido desta associação (positivo ou negativo) (SANTOS et al., 2017). Em relação à magnitude, nos programas de melhoramento, estimativas superiores a 0,70 são consideradas como uma correlação forte, porém, estimativas superiores a 0,50 têm sido consideradas para a seleção indireta (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

Para os dois anos agrícolas, as correlações genotípicas (r_g) mostraram-se superiores às fenotípicas (r_f), ressaltando a prevalência dos efeitos genéticos (Tabela 8). As mais elevadas r_g e r_f de mesmo sinal foram verificadas entre os caracteres NV2 e NVT, sendo elas 1,013 (r_g) e 0,946 (r_f), na safra de 2018/2019. Para a safra de 2019/2020, as maiores correlações foram observadas entre o NNT e NNP ($r_f = 0,890$; $r_g = 0,937$).

Verificou-se que o NDF mostrou correlação genotípica e fenotípica positiva como NDM, para ambas as safras. A correlação entre esses caracteres tem sido relatada na literatura para soja (NOGUEIRA et al., 2012; SOUSA et al., 2015), indicando que plantas que demoram mais a alcançar a fase reprodutiva também tendem a ter um ciclo mais longo.

Na safra de 2018/2019, o caráter NDF demonstrou estimativas significantes de correlações fenotípicas e genotípicas com os caracteres NNF, NNT e NVT (Tabela 8). Já para a safra de 2019/2020, essas correlações foram superiores entre NDF e NV1 e entre NDF e NVT. Esses resultados indicam que quanto mais longo o período vegetativo, maior a tendência da planta apresentar melhor desenvolvimento. Shree et al. (2018) obtiveram baixos valores de correlação entre NDF e NVT.

Tabela 8 - Correlações fenotípicas e genotípicas entre 14 caracteres agronômicos avaliados em 27 genótipos de soja nas safras de 2018/2019 e 2019/2020, Uberlândia – MG.

Caracteres		NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNT	NNP	NV1	NV2	NV3	NVT	PMS	PG
NDF	rf	-	0,723**	0,729**	0,166 ^{ns}	0,496**	0,761**	0,510**	-0,051 ^{ns}	0,314 ^{ns}	0,386*	0,243 ^{ns}	0,473*	-0,606**	0,223 ^{ns}
	rg	-	0,779**	0,960**	0,218	0,620**	0,898**	0,599**	-0,069	0,376	0,481 ⁺	0,356	0,598 ⁺	-0,669**	0,301
NDM	rf	0,546**	-	0,341 ^{ns}	-0,274 ^{ns}	0,215 ^{ns}	0,638**	0,307 ^{ns}	0,034 ^{ns}	0,132 ^{ns}	0,164 ^{ns}	0,186 ^{ns}	0,280 ^{ns}	-0,538**	0,198 ^{ns}
	rg	0,560 ⁺	-	0,421	-0,356	0,254	0,752**	0,357	0,068	0,190	0,315	0,428 ⁺	0,437 ⁺	-0,628 ⁺	0,336 ⁺
APF	rf	0,328 ^{ns}	-0,003	-	0,572**	0,711**	0,727**	0,530**	-0,007	0,243 ^{ns}	0,379*	0,163 ^{ns}	0,416*	-0,239 ^{ns}	0,319 ^{ns}
	rg	0,347 ⁺	-0,029	-	0,466	0,946**	0,926**	0,660**	0,014	0,543 ⁺	0,910**	0,700	0,904**	-0,435	0,883**
APM	rf	0,100 ^{ns}	-0,316 ^{ns}	0,873**	-	0,597**	0,121 ^{ns}	0,475*	0,065 ^{ns}	-0,039 ^{ns}	0,175 ^{ns}	-0,010 ^{ns}	0,110 ^{ns}	0,092 ^{ns}	0,130 ^{ns}
	rg	0,098	-0,393 ⁺	0,905**	-	0,732**	0,138	0,472 ⁺	0,078	0,078	0,433	0,249	0,303	0,073	0,473**
AIPV	rf	0,245 ^{ns}	0,304 ^{ns}	0,654**	0,599**	-	0,564**	0,618**	-0,205 ^{ns}	-0,172 ^{ns}	-0,145 ^{ns}	0,121 ^{ns}	-0,100 ^{ns}	-0,194 ^{ns}	-0,004
	rg	0,322	0,446	0,875**	0,668 ⁺	-	0,787**	0,827**	-0,032	-0,083	0,006	0,427	0,052	-0,198	0,199
NNF	rf	0,131 ^{ns}	0,057 ^{ns}	0,388*	0,425*	0,401*	-	0,727**	0,114 ^{ns}	0,259 ^{ns}	0,242 ^{ns}	0,341 ^{ns}	0,377*	-0,249 ^{ns}	0,390*
	rg	0,136	0,065	0,365	0,480 ⁺	0,640**	-	0,854**	-0,003	0,371	0,333 ⁺	0,544 ⁺	0,539**	-0,283	0,576**
NNT	rf	0,123 ^{ns}	-0,265 ^{ns}	0,583**	0,752**	0,390*	0,463*	-	0,314 ^{ns}	0,085 ^{ns}	0,165 ^{ns}	0,146 ^{ns}	0,210 ^{ns}	-0,068 ^{ns}	0,211 ^{ns}
	rg	0,137	-0,302	0,577**	0,783 ⁺	0,407	0,438 ⁺	-	0,272	0,125	0,191	0,270	0,261	-0,081	0,291
NNP	rf	-0,081 ^{ns}	-0,464*	0,379*	0,614**	0,144 ^{ns}	0,291 ^{ns}	0,890**	-	0,155 ^{ns}	0,257 ^{ns}	0,259 ^{ns}	0,307 ^{ns}	0,035 ^{ns}	0,238 ^{ns}
	rg	-0,111	-0,538 ⁺	0,373	0,685 ⁺	0,234	0,231	0,937**	-	0,075	0,079	0,086	0,243	0,043	0,105
NV1	rf	0,428*	0,314 ^{ns}	0,031 ^{ns}	-0,036 ^{ns}	-0,142 ^{ns}	0,217 ^{ns}	0,327 ^{ns}	0,132 ^{ns}	-	0,832**	0,031 ^{ns}	0,852**	-0,108 ^{ns}	0,610**
	rg	0,482**	0,356 ⁺	0,026	-0,051	-0,133	0,330	0,426 ⁺	0,091	-	0,947**	-0,247	0,935**	-0,178	0,712
NV2	rf	0,329 ^{ns}	0,270 ^{ns}	0,094 ^{ns}	0,049 ^{ns}	-0,228 ^{ns}	0,197 ^{ns}	0,196 ^{ns}	0,064 ^{ns}	0,721**	-	0,028 ^{ns}	0,946**	-0,155 ^{ns}	0,656**
	rg	0,337 ⁺	0,312	0,071	0,033	-0,285	0,254	0,227	-0,009	0,755**	-	-0,559	1,013**	-0,183	0,633**
NV3	rf	0,151 ^{ns}	0,075 ^{ns}	0,123 ^{ns}	0,151 ^{ns}	0,333 ^{ns}	0,093 ^{ns}	0,239 ^{ns}	0,279 ^{ns}	-0,213 ^{ns}	-0,143 ^{ns}	-	0,208 ^{ns}	-0,243 ^{ns}	0,377*
	rg	0,157	0,098	0,153	0,155	0,558	0,102	0,264	0,225	-0,346	-0,289	-	-0,098	-0,393 ⁺	-0,008
NVT	rf	0,443*	0,326 ^{ns}	0,141 ^{ns}	0,103 ^{ns}	-0,021 ^{ns}	0,255 ^{ns}	0,368 ^{ns}	0,236 ^{ns}	0,697**	0,838**	0,375 ^{ns}	-	-0,241 ^{ns}	0,685**
	rg	0,504**	0,409**	0,150	0,096	0,063	0,360	0,465 ⁺	0,153	0,701**	0,835**	0,243	-	-0,326	0,772**
PMS	rf	-0,411*	-0,388*	0,169 ^{ns}	0,406*	0,227 ^{ns}	0,393*	0,185 ^{ns}	0,278 ^{ns}	-0,445*	-0,391*	-0,023 ^{ns}	-0,422*	-	0,167 ^{ns}
	rg	-0,423**	-0,411	0,182	0,474 ⁺	0,343	0,473 ⁺	0,206	0,377 ⁺	-0,468 ⁺	-0,424 ⁺	-0,024	-0,487**	-	0,186
PG	rf	0,160 ^{ns}	0,073 ^{ns}	0,218 ^{ns}	0,302 ^{ns}	0,228 ^{ns}	0,380*	0,309 ^{ns}	0,292 ^{ns}	0,107 ^{ns}	0,341 ^{ns}	0,643**	0,616**	0,296 ^{ns}	-
	rg	0,177	0,120	0,236	0,353	0,483	0,591 ⁺	0,372	0,213	-0,047	0,243	0,591 ⁺	0,502	0,374 ⁺	-

** , * : Significativo a 1 e 5%, pelo test t, respectivamente; ns: não significativo; **, + : Significativo a 1 e 5% respectivamente, pelo método de *bootstrap* com 5 mil simulações. Os dados acima da linha diagonal referem-se à safra 2018/2019 e os dados abaixo desta linha estão relacionados à safra de 2019/2020.

Nos dois anos agrícolas, também foi possível verificar que os caracteres APF e APM estão fortemente e positivamente associados com a AIPV (Tabela 8). Dvorjak et al. (2019) verificaram uma correlação de 0,584 entre a APM e AIPV em soja. Ao trabalhar com análise de trilha e correlação de características em soja, Bisinotto et al. (2017) obtiveram estimativas de correlação entre APF x AIPV e APM x AIPV de 0,48. Estes resultados indicam que plantas com maior estatura no florescimento também demonstram maior crescimento na maturidade e maior altura da inserção de primeira vagem, sendo importante na redução das perdas pela colheita.

A APF mostrou r_g e r_f de alta magnitude e positiva, com importantes componentes de produtividade (NNF, NNT, NVT) na safra 2018/2019 (Tabela 8). Enquanto no ano agrícola de 2019/2020, a APF mostrou forte e positiva correlação somente com o NNT. Na safra de 2019/2020 a APM mostrou correlações positivas e de alta magnitude com o NNT e NNP. Estes resultados sugerem que plantas com maior crescimento podem ter maior potencial produtivo.

Verificou-se que para as duas safras avaliadas, o PMS correlacionou-se negativamente com a maioria dos caracteres avaliados, destacando as correlações entre PMS e NDF, e PMS e NDM, quando se compara ambas as safras. Estes resultados sugerem que a seleção de plantas com ciclo mais curto acarretam em sementes com menor peso.

O rendimento de grãos é estabelecido por um conjunto de características de natureza ambientais, morfológicas e fisiológicas (ABD EL-MOHSEN; MAHMOUD; SAFINA, 2013). A maioria dos caracteres que estão associados com o número final de grãos se correlacionaram positivamente entre eles, ainda que nem todas as correlações foram de alta magnitude (Tabela 8). Para os dois anos avaliados, também é possível observar fortes e positivas correlações entre: NV1 e NV2; NV1 e NVT; NV2 e NVT. Rodrigues et al. (2015) também obtiveram resultados que corroboram com este estudo.

Para ambas as safras, foi possível verificar fortes r_g e r_f entre a PG e o NVT (Tabela 8). Uma vez que a produção de grãos é um caráter de elevada complexidade, cuja manifestação está relacionada com outros caracteres, além de ser bastante influenciada pelo ambiente, torna-se necessária a identificação de outros caracteres que se correlacionem de forma positiva e de alta magnitude com

o mesmo. Portanto, a seleção de genótipos com maior NVT pode contribuir para ganhos de seleção favoráveis para maiores rendimentos.

Segundo demonstrado pelo presente trabalho, considerando os diferentes métodos multivariados, assim como o agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott, é possível indicar os cruzamentos entre a linhagem UFUS 27 com as linhagens UFUS 5, UFUS 17, UFUS 18 e UFUS 25 como sendo os mais promissores. O genótipo UFUS 27 demonstrou ser o mais divergente, além de ser promissor para a redução do ciclo em cruzamentos. Já as linhagens UFUS 5, UFUS 17 e UFUS 18 obtiveram bom desempenho em relação aos componentes produtivos nas duas safras analisadas.

Verificou-se também, que uma vez que o número de vagens por planta é classificado como o principal componente do rendimento, e os resultados obtidos pelas correlações genotípicas e fenotípicas foram de elevadas magnitudes, há a possibilidade de seleção de genótipos mais produtivos com base no número de vagens por planta.

4 CONCLUSÕES

Há variabilidade genética entre as linhagens avançadas de soja do programa de melhoramento de soja.

Os métodos multivariados, UPGMA, Tocher e variáveis canônicas, possibilitaram a determinação da diversidade genética entre os genótipos avaliados, sendo úteis na escolha de genitores promissores para aumento de produtividade e redução de ciclo.

Para a safra 2018/2019, o caráter que mais contribuiu para a divergência genética entre os genótipos foi o número de dias para a maturidade, e para a safra de 2019/2020, a maior contribuição para a diferença genética entre os genótipos foi atribuída ao caráter número de vagens totais.

Cruzamentos entre a linhagem UFUS 27 com os genótipos UFUS 5, UFUS 17, UFUS 18 e UFUS 25 são promissores para a redução de ciclo e incremento da produtividade.

As correlações genotípicas foram de magnitudes superiores às fenotípicas.

A correlação entre o número de vagens totais e a produção de grãos sugere a possibilidade da seleção de genótipos com maior potencial produtivo.

REFERÊNCIAS

ABD EL-MOHSEN, A. A.; MAHMOUD, G. O.; SAFINA, S. A. Agronomical evaluation of six soybean cultivars using correlation and regression analysis under different irrigation regime conditions. **Journal of Plant Breeding and Crop Science**, v. 5, n. 5, p. 91-102, 2013.

<https://doi.org/10.5897/JPBCS2013.0389>

AMORIM, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; LANA, R. M. Q.; HAMAWAKI, C. D. L. Época de semeadura no potencial produtivo de soja em Uberlândia-MG. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 32, n. 1, p. 1793-1802, 2011.

<https://doi.org/10.5433/1679-0359>

BASAGLIA, A.; DA SILVA, J.; POLETINE, J. P.; BARELLI, M. A. A.; DA SILVA, V. P. Divergência genética, estudo de correlações e análise de trilha na cultura do girassol. **Journal of Agronomic Sciences**, v 9, p. 1-17, 2020.

BISINOTTO, F. F.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; GLANSENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. L. Path analysis and traits correlation in soybean. **Communications in Plant Sciences**, v. 7, n. 1/2, p. 27-33, 2017.

<https://doi.org/10.26814/cps2017005>

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. Regras para análise de sementes. Brasília: MAPA/ACS, 2009

CAVALCANTE, A. K.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T. Determinação e avaliação do teor de óleo em sementes de soja pelos métodos de ressonância magnética nuclear e soxhlet. **Bioscience Journal**, v. 27, n. 1, 2011.

CORREA, V. R. S.; DE OLIVEIRA, T. C.; DE OLIVEIRA, A. J.; BARELLI, M. A. A.; DA SILVA, V. P.; GALBIATI, C.; POLETINE, J. P. Dissimilaridade fenotípica em genótipos de girassol. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 11, p. e3489119814-e3489119814, 2020.

<https://doi.org/10.33448/rsd-v9i11.9814>

CRISPIM, D. L.; FERNANDES, L. L.; ALBUQUERQUE, R. D. O. Aplicação de técnica estatística multivariada em indicadores de sustentabilidade nos municípios do Marajó-PA. **Revista Principia-Divulgação Científica e Tecnológica do IFPB**,(46), p. 145-154, 2019.

<https://doi.org/10.18265/1517-03062015v1n46p145-154>

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora Viçosa, 2014. v. 2. 668p.

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

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.
<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629>

CRUZ, C. D., CARNEIRO, P. C. S., REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 3. ed., v. 2, p. 668, 2014.

CRUZ, T. V.; PEIXOTO, C. P.; MARTINS, M. C. Growth and yield in soybean in different sowing periods in the West Region of Bahia. **Scientia Agraria**, v. 11, n. 1, p. 33-42, 2010.

DALCHIAVON, F.C.; PASSOS, E.; CARVALHO, M. Correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, p. 541-552, 2012.
<http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n2p541>

DVORJAK, D. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DE SOUSA LEITE, W.; DA SILVA, A. J.; DA SILVA, F. M.; DI MAURO, A. O. Correlations and path analysis in soybean progenies with resistance source to cyst nematode (race 3). **Comunicata Scientiae**, v. 10, n. 1, p. 168-175, 2019.
<https://doi.org/10.14295/cs.v10i1.1697>

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **BRSGO 7560 cultivar de soja para o manejo da ferrugem**. Londrina, 2008. Disponível em: <<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/102583/1/BRSGO-7560-cultivar-de-soja-para-o-manejo-da-ferrugem.pdf>>. Acesso em: 10 abr.2021.

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

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; MAURO, A. O. D. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos¹. **Revista Ciência Agronômica**, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>

GRIGOLO, S.; FIOREZE, A. C. D. C. L.; DENARDI, S.; VACARI, J. Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, v. 17, n. 3, p. 351-360, 2018.
<https://doi.org/10.5965/223811711732018351>

HEIFFIG- DEL-AGUILA, L.S.; DEL AGUILA, J.S.; THEISEN, G. Perdas na Colheita na Cultura da Soja. Comunicado Técnico. **EMBRAPA**, 2011.

IBRAHIM, A. K.; DAWAKI, K. D.; HASSAN, S. M. Genetic variability, heritability and correlation among soybean [*Glycine max.* (L.) Merrill] varieties. **Bayero Journal of Pure and Applied Sciences**, v. 11, n. 2, p. 72-80, 2018.

<https://doi.org/10.4314/bajopas.v11i2.9>

KUSWANTORO, H.; ARTARI, R.; RAHAJENG, W.; GINTING, E.; SUPENO, A. Genetic variability, heritability, and correlation of some agronomical characters of soybean varieties. **Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education**, v. 10, n. 1, p. 9-15, 2018.

<https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v10i1.11014>

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

<https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

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

<https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LUIZ, M. C. P.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; MATTOS, T. P.; COSTA, S. C.; PIERDONÁ, F. G.; HAMAWAKI, C. D. L. Effects of sowing time and plant population on the productive potential and agronomic characters in soy. **Bioscience Journal**, v. 36, n. 1, 2020.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v36n1a2020-42336>

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; JORGE, G. L.; REZENDE, G. F.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal**, v. 33, n. 6, 2017.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240>

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. O que é o RNC, sua função e como solicitar o registro, 2017. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/informacoes-ao-usuario>>. Acesso em: 10 jun .2021.

MARANGONI, R. E.; JAKELAITIS, A.; TAVARES, C. J.; REZENDE, B. P. M.; MELLO FILHO, O. L.; CUNHA, P. C. R. Effect of weed interference on soybean cultivars at two sowing times. **Planta Daninha**, v. 31, n. 3, p. 511-519, 2013.

<https://doi.org/10.1590/S0100-83582013000300003>

MATHIAS, V.; COELHO, C. M. M. Rendimento por peneiras de classificação e vigor em resposta às épocas de colheita de sementes de soja. **Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 61, 2018.

<https://doi.org/10.22491/RCA.2018.2619>

MATTOS, T. P.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; LUIZ, M. C. P.; TEIXEIRA, F. G.; SHIGIHARA, D.; HAMAWAKI, C. D. L. Effect of sowing season on soybean performance. **Bioscience Journal**, v. 36, n. 5, 2020.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v36n5a2020-42446>

MEIER, C.; MEIRA, D.; MARCHIORO, V. S.; OLIVOTO, T.; KLEIN, L. A.; MORO, E. D.; SOUZA, V. Q. Performance agrônômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 4, p. 933-941, 2019.

<https://doi.org/10.19084/rca.17995>

MEIRA, D.; MEIER, C., OLIVOTO, T.; NICOLAU FOLLMANN, D.; RIGATTI, A.; LUNKES, A.; QUEIRÓZ DE SOUZA, V. Multivariate analysis revealed genetic divergence and promising traits for indirect selection in black oat. **Brazilian Journal of Agricultural Sciences/Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v. 14, n. 4, 2019.

<https://doi.org/10.5039/agraria.v14i4a6514>

NICOLAI, A. B.; LIMA, R. C.; TOMAZ, R. S. Correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeados na região da Alta Paulista. **Revista Científica ANAP Brasil**, v. 10, n. 20, 2017.

<https://doi.org/10.17271/19843240102020171666>

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T., DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, v. 28, n. 6, 2012.

OLIVEIRA, M.L.F.; DAHER, R.F.; GRAVINA, G.D.A.; SILVA, V.B.D.; VIANA, A.P.; RODRIGUES, E.V.; SHIMOYA, A.; AMARAL JUNIOR, A.T.D.; MENEZES, B.R.D.S.; ROCHA, A.D.S. Pre-breeding of elephant grass for energy purposes and biomass analysis in Campos dos Goytacazes-RJ, Brazil. **African Journal of Agricultural Research**, v. 9, n. 36, p. 2743-2758, 2014.

<https://doi.org/10.5897/AJAR2014.8900>

PEREIRA, T.; COELHO, C. M. M.; SOUZA, C. A.; MANTOVANI, A.; MATHIAS, V. Dessecação química para antecipação de colheita em cultivares de soja. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 4, p. 2383-2394, 2015.

<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n4p2383>

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley & Sons; 1952. 390p.

REGIS, J. A. V. B.; MOLINAS, V.D. S.; DOS SANTOS, A.; Correa, A. M.; Ceccon, G. Estimativas de parâmetros genéticos em Genótipos de feijão-caupi de porte ereto e semiereto. **Agrarian**, v. 7, n. 23, p. 11-19, 2014.

RODRIGUES, B.; GOMES, A. P. R.; GOMES, J. D.; SERAFIM, F.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, O. T. Dissimilarity measures and hierarchical methods for the study of genetic diversity on soybean. **Bioscience Journal**, v. 33, n. 6, 2017.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37909>

ROTILI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; PIMENTA, R. S.; CARVALHO, E. D. Importância das características morfológicas e agronômicas no estudo da biodiversidade genética em milho. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 10, n. 5, p. 59-65, 2015.

<https://doi.org/10.18378/rvads.v10i5.3671>

SAGATA, É.; HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Agronomic performance of the lines of soybean developed by UFU breeding program. **Bioscience Journal**, v. 25, n. 6, p. 112-120, 2009.

SANTOS, J. V. M.; VALLIYODAN, B.; JOSHI, T.; KHAN, S. M.; LIU, Y.; WANG, J.; VUONG, T. D.; DE OLIVEIRA, M. F.; MARCELINO-GUIMARÃES, F. C.; XU, D.; NGUYEN, H. T.; ABDELNOOR, R. V. Evaluation of genetic variation among Brazilian soybean cultivars through genome resequencing. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 1-18, 2016.

<https://doi.org/10.1186/s12864-016-2431-x>

SANTOS, W. F.; AFFÉRI, F. S.; PELÚZIO, J. M.; SODRÉ, L. F.; ROTILI, E. A.; CERQUEIRA, F. B.; DE SOUZA FERREIRA, T. P. Diversidade genética em milho sob condições de restrição ao nitrogênio. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v. 6, n.1, 2018.

<https://doi.org/10.18067/jbfs.v5i2.190>

SANTOS, W.F.; AFFÉRI, F. S.; PELÚZIO, J. M.; SODRÉ, L. F.; AGUIAR, R. W.D.S.; MACIEL, L. C. Correlação entre diversidades genéticas em genótipos de milho, obtidas em diferentes combinações de ambientes. **Journal of Bioenergy and Food Science**, v. 4, n. 2, p. 107-112, 2017.

<http://dx.doi.org/10.18067/jbfs.v4i2.132>

SCHMIDT, P.; HARTUNG, J.; BENNEWITZ, J.; PIEPHO, H. P. Heritability in plant breeding on a genotype-difference basis. **Genetics**, v. 212, n. 4, p. 991-1008, 2019.

<https://doi.org/10.1534/genetics.119.302134>

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A. Soja. In: Sedyama, T. **Produtividade da soja**. Londrina: Mecenias. 2016. Cap. 4, p. 11-18.

SHREE, Y.; RAM, S.; BHUSHAN, S.; VERMA, N.; AHMAD, E.; KUMAR, S. Correlation between yield and yield attributing traits in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry**, p. 298-301, 2018.

SILVA E CASTRO, L. H.; BORÉM, A.; PELUZIO, J. M.; FERREIRA JÚNIOR, J. A. **Soja: Estratégia e Sustentabilidade Produtiva**. Viçosa: Editora UFV, 496 p., 2021.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v. 41, p. 237-245, 1981.

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**, v. 31, n. 6, 2015.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v31n6a2015-26217>

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência & Tecnologia**, v. 6, n. 1, 2014.

VIANA, M. T. R.; GUEDES, J. M.; MAURI, J.; SILVA, E. A.; CASTANHEIRA, D. T.; DA GAMA, T. C. P.; GUIMARÃES, R. J. Variabilidade genética em genótipos de café resistentes à ferrugem utilizados em programas de melhoramento. **Scientia Agraria Paranaensis**, v. 17, n. 1, p. 80-89, 2018.

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; GLASENAPP, J. S.; DA SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic

parameters, and correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 5, 2019.

<https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42656>