

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

ATHOS GABRIEL GONÇALVES NASCIMENTO

**ANÁLISE DIALÉLICA, CORRELAÇÕES E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SOJA  
PARA FINS DE SELEÇÃO DE GENITORES**

Uberlândia - MG

2021

ATHOS GABRIEL GONÇALVES NASCIMENTO

**ANÁLISE DIALÉTICA, CORRELAÇÕES E DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM SOJA  
PARA FINS DE SELEÇÃO DE GENITORES**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia Mestrado, área de concentração em produção vegetal, para obtenção do título de “Mestre”.

Área de concentração: Produção Vegetal

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

Uberlândia - MG

2021

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

---

N244a Nascimento, Athos Gabriel Gonçalves, 1994-  
2021 Análise dialética, correlações e divergência genética em soja para fins de seleção de genitores [recurso eletrônico] / Athos Gabriel Gonçalves Nascimento. - 2021.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Agronomia.  
Modo de acesso: Internet.  
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2023.7053>  
Inclui bibliografia.

1. Agronomia. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Orient.). II. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

---

CDU: 631

Glória Aparecida  
Bibliotecária Documentalista - CRB-6/2047



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



### ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 016/2021, PPGAGRO				
Data:	Vinte e nove de dezembro de dois mil e vinte e um	Hora de início:	08:35	Hora de encerramento:	10:12
Matrícula do Discente:	11912AGR003				
Nome do Discente:	Athos Gabriel Gonçalves Nascimento				
Título do Trabalho:	Análise dialélica, correlações e divergência genética em soja para fins de seleção de genitores				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU; Fernando César Juliatti - UFU; Luiz Fernandes Cardoso Campos - UFG; Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU orientadora do candidato. orientador(a) do(a) candidato(a).

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

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

[A]provado(a).

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

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

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



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Professor(a) do Magistério Superior**, em 29/12/2021, às 10:22, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 29/12/2021, às 10:23, 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 **Oswaldo Tosiuyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 29/12/2021, às 10:31, 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 **Luiz Fernandes Cardoso Campos, Usuário Externo**, em 29/12/2021, às 11:24, 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](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **3259111** e o código CRC **CC1C2C48**.

Por toda dificuldade e vontade.

**Ofereço a mim!!**

Aos meus pais por todo apoio.

**Eu dedico!!!**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, por me dar forças e possibilitar o dom da vida, por me possibilitar acordar todos os dias e ser uma pessoa melhor.

Aos meus pais Eliezer e Meire, pelo amor e apoio em todos os momentos de minha vida e por serem meus referenciais. Obrigado pelos valores e princípios transmitidos nos quais me baseio e por me mostrarem o valor da família.

Aos meus avós Leôncio e Maria, Manoel e Cândida (*in memoriam*) pelo exemplo de força de vontade e vida!

A minha noiva Bianca Duarte, te encontrei em um momento em que eu estava perdido, e você me deu um novo rumo. Você me ensinou a ver a vida com outros olhos, me fez enxergar o lado bom das coisas acima de tudo. Em você, encontrei a paz que faltava em mim e a fé que, muitas vezes, eu perdi. Todos os dias, quando acordo, agradeço por ter você em minha vida.

A minha orientadora, à Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Ana Paula Oliveira Nogueira pelo companheirismo, pelos ensinamentos, pela disponibilidade, pelo tempo e pelo exemplo para mim.

Aos membros da banca examinadora Prof. Dr. Fernando Cezar Juliatti, Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawai e Dr. Luiz Fernandes Cardoso Campos pela disponibilidade, ensinamentos e contribuição para a melhoria do trabalho.



## **APOIO**

Este trabalho foi conduzido na casa de vegetação da Fazenda do Glória, da Universidade Federal de Uberlândia (Uberlândia - Minas Gerais, Brasil), com os seguintes apoios:

- Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Ensino Superior (CAPES);
- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq);
- Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG);
- Universidade Federal de Uberlândia (UFU);
- Programa de Melhoramento de Soja (UFU);

## RESUMO

NASCIMENTO, Athos Gabriel Gonçalves. **Análise dialélica, correlações e divergência genética em soja para fins de seleção de genitores.** 66 f, Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil, 2021.<sup>1</sup>

As projeções populacionais preveem um acelerado e contínuo crescimento nas próximas décadas, até o ano de 2050, cujas estimativas atingem 9,5 bilhões de pessoas, aumentando consequentemente a demanda de alimentos. Deste modo, é esperado aumento no consumo global de soja, visto que a leguminosa é importante fornecedora de óleos e proteínas e está presente na alimentação animal e humana. Atualmente, o Brasil é o maior exportador de soja do mundo, graças à investimentos em tecnologias e em programas de melhoramento genético. O desenvolvimento de novas cultivares de soja é um processo contínuo, com objetivo de criar novos genótipos com elevada produtividade de grãos, precocidade e resistência às doenças. Algumas etapas são fundamentais nesse processo, como a escolha de genitores, a realização de hibridações e seleção de progênies superiores. Deste modo, a análise dialélica é uma importante ferramenta, que permite estimar a capacidade geral e específica de combinação dos genitores. O presente trabalho teve como objetivos determinar a capacidade combinatória geral e específica em soja, visando identificar progenitores e combinações promissoras para o programa de melhoramento genético da UFU; analisar a dissimilaridade genética de genótipos de soja em RCF<sub>3</sub> e F<sub>4</sub> com uso de caracteres fenotípicos agronômicos e descritores de fase vegetativa. Foram realizados dois experimentos conduzidos em condições de casa de vegetação, localizada na área experimental da Fazenda do Glória, pertencente a Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia, Minas Gerais. No primeiro experimento, foram obtidos 6 híbridos pelo cruzamento de quatro cultivares de soja em esquema de dialelo parcial 4x4. A população segregante F<sub>2</sub> foi semeada juntamente com os quatro parentais em delineamento de blocos casualizados (DBC) com dez repetições. Foram avaliados caracteres de fase vegetativa e reprodutiva e conclui-se que a análise dialélica parcial em soja na geração F<sub>2</sub> permitiu determinar que as cultivares BRS GO 7560 e UFUS GUARÁ são os genitores potenciais para redução de ciclo da cultura, aumento no número de vagens e produção de grãos. Os cruzamentos promissores para caracteres de fase vegetativa e agronômicos foram BRS 511 x UFUS GUARÁ e BRS GO 7560 x TMG 801. No segundo experimento foram semeadas 32 progênies de soja em geração F<sub>4</sub> e 17 progênies RCF<sub>3</sub> provenientes do cruzamento entre os genótipos BRS 7380RR e TMG 1179 RR do Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Em seguida procedeu-se a estimativa de dissimilaridade entre os genótipos avaliados, e posteriormente agrupados por diferentes métodos, de otimização, hierárquicos a fim de identificar a diversidade genética entre os genótipos. Os genótipos apresentaram divergência genética entre si pelos métodos da ligação média intragrupo, agrupamento de Tocher e componentes principais. Os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética foi o número de dias para o florescimento, o número de nós na haste principal no florescimento, a produção de grãos e o comprimento do hipocótilo, cujas estimativas pelo critério de Singh (S.j.) (1981) superou 9%. Considerando a divergência genética e os genótipos precoces e ainda com elevado número de vagens de três grãos e produção de grão foi possível

---

<sup>1</sup>Comitê Orientador: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU (orientadora).

indicar as combinações: BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 e BMX Desafio RR x UFU 25.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; capacidade de combinação; divergência genética.

## ABSTRACT

NASCIMENTO, Athos Gabriel Gonçalves. **Dialele analysis, correlations and genetic divergence in soybeans for parent selection purposes.** Dissertation (Master Program Agronomy/Crop Science) – Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.<sup>2</sup>

Population projections predict an accelerated and continuous growth in the next decades, until the year 2050, whose estimates reach 9.5 billion people, consequently increasing the demand for food. Thus, an increase in the global consumption of soy is expected, since the legume is an important supplier of oils and proteins and is present in animal and human food. Currently, Brazil is the largest soy exporter in the world, thanks to investments in technologies and genetic improvement programs. The development of new soybean cultivars is an ongoing process, aiming to create new genotypes with high grain yield, precocity and resistance to disease. Some steps are fundamental in this process, such as choosing parents, performing hybridizations and selecting superior progenies. Thus, diallel analysis is an important tool, which allows the estimation of the general and specific combining ability of parents. The present work aimed to determine the general and specific combining ability in soybean, aiming to identify progenitors and promising combinations for the UFU genetic improvement program; to analyze the genetic dissimilarity of soybean genotypes in RCF3 and F4 using agronomic phenotypic characters and vegetative phase descriptors. Two experiments were carried out under greenhouse conditions, located in the experimental area of Fazenda do Glória, belonging to the Federal University of Uberlândia, in Uberlândia, Minas Gerais. In the first experiment, 6 hybrids were obtained by crossing four soybean cultivars in a 4x4 partial diallel scheme. The segregating population F2 was seeded together with the four parents in a randomized block design (RBD) with ten replications. Vegetative and agronomic phase characters were evaluated and it was concluded that the partial diallel analysis in soybean in the F2 generation allowed us to determine that the BRS GO 7560 and UFUS GUARÁ cultivars are the potential parents for crop cycle reduction, increase in the number of pods and grain production. Promising crosses for vegetative and agronomic phase characters were BRS 511 x UFUS GUARÁ and BRS GO 7560 x TMG 801. In the second experiment 32 soybean progenies in F4 generation and 17 RCF3 progenies from the cross between BRS 7380RR and TMG genotypes were sown. 1179 RR from the Soy Improvement Program at the Federal University of Uberlândia. Then, the dissimilarity estimate between the evaluated genotypes was carried out, and later grouped by different hierarchical optimization methods in order to identify the genetic diversity between the genotypes. The genotypes showed genetic divergence from each other by means of intragroup mean linkage, Tocher grouping and principal components. The characters that most contributed to genetic diversity were the number of days to flowering, the number of nodes in the main stem at flowering, grain yield and hypocotyl length, which were estimated by the criterion of Singh (Sj) (1981) surpassed 9%. Considering the genetic divergence and the early genotypes and still with a high number of three-grain pods and grain yield, it was possible to indicate the combinations: BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 and BMX Challenge RR x UFU 25.

**Keywords:** *Glycine max*; combining ability; genetic divergence.

---

<sup>2</sup> Supervising Committee: Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira – UFU.

## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

### CAPÍTULO III

- Figura 1 – Dendrograma representativos da dissimilaridade genética entre 52 genótipos de soja pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA)..... 44
- Figura 2 – Dispersão gráfica de 52 genótipos de soja, em relação aos três primeiros componentes principais..... 47

## LISTA DE TABELAS

### CAPÍTULO II

Tabela 1 – Cultivares e suas principais características de destaque.....	18
Tabela 2 – Esquema de cruzamento dialélico completo, sem os cruzamentos recíprocos.	19
Tabela 3 – Híbridos de soja produzidos a partir de hibridação artificial.....	20
Tabela 4 – Resumo da análise de variância de caracteres da fase vegetativa e reprodutiva para uma análise dialélica envolvendo cinco genitores e combinações segregantes F <sub>2</sub> , Uberlândia-MG, safra 2020/21.....	23
Tabela 5 – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g <sub>i</sub> ) para caracteres da fase vegetativa e agronômicos em quatro genitores de soja.....	25
Tabela 6 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s <sub>ii</sub> e s <sub>ij</sub> ) para caracteres da fase vegetativa e agronômico em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo quatro genitores.....	26
Tabela 7 – Médias para caracteres da fase vegetativa e agronômico em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo quatro genitores.....	27

### CAPÍTULO III

Tabela 1 – Cultivares selecionadas para compor o bloco de cruzamentos e suas características .....	35
Tabela 2 – Teste F, coeficiente de variação (CV) e herdabilidade de 52 genótipos de soja para caracteres de fase vegetativa e reprodutiva.....	39
Tabela 3 – Média de caracteres da fase vegetativa e reprodutiva em 52 genótipos de soja	40
Tabela 4 – Contribuição relativa de caracteres fase vegetativa e reprodutiva em 52 genótipos de soja, conforme critério de Singh (S.j.) (1981).....	43
Tabela 5 – Agrupamento de otimização de Tocher entre 52 genótipos de soja, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis obtida por caracteres agronômicos e da fase vegetativa .....	45
Tabela 6 – Estimativas dos autovalores dos componentes principais para o estudo de diversidade genética entre 52 genótipos de soja.....	46

## SUMÁRIO

<b>CAPÍTULO I .....</b>	<b>1</b>
<b>1 INTRODUÇÃO GERAL .....</b>	<b>1</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA.....</b>	<b>3</b>
2.1 Origem e evolução da soja .....	3
2.2 Importância econômica e produção da soja.....	3
2.3 Aspectos botânicos, morfologia e desenvolvimento da soja.....	4
2.4 O melhoramento genético da soja .....	6
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>10</b>
<b>CAPÍTULO II.....</b>	<b>15</b>
<b>ANÁLISE DIALÉLICA DE GERAÇÃO F<sub>2</sub> EM SOJA.....</b>	<b>15</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>15</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>16</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>17</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>18</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>23</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>28</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>29</b>
<b>CAPÍTULO III .....</b>	<b>32</b>
<b>PARÂMETROS GENÉTICOS E DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES F<sub>4</sub> E RCF<sub>3</sub> DE SOJA.....</b>	<b>32</b>
<b>RESUMO.....</b>	<b>32</b>
<b>ABSTRACT .....</b>	<b>33</b>
<b>1 INTRODUÇÃO .....</b>	<b>34</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS.....</b>	<b>35</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>39</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>48</b>
<b>REFERÊNCIAS .....</b>	<b>49</b>

## CAPÍTULO I

### 1 INTRODUÇÃO GERAL

As projeções populacionais segundo a Borém, Miranda e Neto (2017), prevê um acelerado e contínuo crescimento nas próximas décadas, elevando a demanda de alimentos no geral. Segundo os autores, no ano de 2050, a população mundial será superior a 9,5 bilhões de pessoas e produção mundial de alimentos não será suficiente para atender a demanda de consumo. Portanto, é esperado que o consumo global de soja [*Glycine max* L. Merrill] aumente, visto que a leguminosa é importante fornecedora de óleos e proteínas e está presente na alimentação animal e humana.

Atualmente, é considerada como a principal e mais importante cultura agrícola do país, devido ao seu potencial produtivo e sua constante expansão, ocupando áreas inexploradas a cada ano. Na safra 2020/21, a cultura manteve a tendência de crescimento na área cultivada e, houve um acréscimo na produção de 8,9% em relação à safra 2019/20, produzindo 135,9 milhões de toneladas. O Brasil continua a ser o maior exportador de soja do mundo, com 86,69 milhões de toneladas de soja em grãos exportadas (safra 2020/21), graças à investimentos em tecnologias e em programas de melhoramento genético (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2021; HOLTZ et al., 2019).

No Brasil, a elevação da produção de grãos se deu principalmente pela contribuição dos programas de melhoramento, resultado da atuação de diversas instituições de ensino e pesquisa, além do empenho dos produtores rurais e de diversos estudiosos de áreas correlatas (MATSUO et al., 2015; ODA et al., 2015). Para continuidade no sucesso da soja, fatores que possam comprometer o desenvolvimento e a produtividade são monitorados constantemente, como a resistência a pragas e doenças, tolerância a seca e caracteres agrônômicos favoráveis ao longo do processo de melhoramento genético.

Durante o processo de desenvolvimento de novas cultivares pelo melhoramento genético, algumas etapas são fundamentais para o avanço de gerações e a seleção de linhagens, culminado por fim no lançamento de uma nova cultivar mais estável e adaptada, sendo indicada para a região específica do seu desenvolvimento (DINIZ et al., 2014). A primeira etapa do processo de melhoramento genético da soja é a seleção e avaliação de um grupo de genitores, a fim de se identificar cruzamentos que forneçam um maior efeito heterótico na população segregante (BHERING et al., 2017).

Neste sentido, a análise dialélica é o método mais utilizado, dentre os métodos fundamentados em modelos biométricos, uma vez que permite estimar as variâncias relacionadas aos efeitos aditivos e não aditivos através da capacidade geral de combinação

(CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) (ROCHA, 2019). A capacidade geral de combinação está relacionada ao desempenho médio das cultivares em combinações híbridas; a capacidade específica de combinação permite detectar quais combinações híbridas são melhores e/ou piores do que o esperado (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; DARONCH et al., 2014).

Inicialmente, no Brasil, os cruzamentos e hibridações eram realizados com poucos parentais, e na atualidade o reflexo disso é a base genética estreita composta dos poucos ancestrais envolvidos na formação das atuais cultivares (WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Avaliando 445 cultivares comerciais de soja, Wysmierski; Vello, (2013), concluíram que 55,26% da base genética dos genótipos brasileiros, derivam de apenas quatro ancestrais. Sendo assim, faz-se necessário conhecer diversidade genética em soja para seleção de genótipos contrastantes (KRISNAWATI; ADIE, 2017).

O sucesso do melhoramento por hibridação exige a existência de variação genética na população segregante oriunda do cruzamento. Nesse contexto, a identificação de genitores divergentes é uma importante etapa do programa de melhoramento, sendo, portanto, útil os estudos de diversidade genética que incluem o germoplasma disponível para uso no desenvolvimento de novas cultivares. Nessa perspectiva, progênies selecionadas ao longo do desenvolvimento de cultivares é uma importante fonte de genitores.

Os estudos da diversidade genética em soja permitem avaliar simultaneamente múltiplos caracteres, através de análises de dados, medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamento e componentes principais (FARIA et al., 2012; PELUZIO et al., 2014; RIGON et al., 2012; TORRES et al., 2015).

Diante do exposto, essa dissertação constará de dois capítulos, cujos objetivos são determinar a capacidade combinatória geral e específica, visando identificar e recomendar progenitores e combinações promissoras para o programa de melhoramento e analisar a divergência genética entre genótipos de soja em  $F_4$  e  $RDF_3$  através de diferentes métodos de caracterização da diversidade genética e indicar genótipos favoráveis para o programa de melhoramento genético de soja da UFU.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Origem e evolução da soja

A soja pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Leguminosae*, subfamília *Papilionoideae*, gênero *Glycine* L. e espécie *Glycine max*, sendo a forma cultivada [*Glycine max* (L.) Merrill) diploide, com número de cromossomos  $2n = 40$  (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Com base em antigos relatos da literatura chinesa sua origem está no Nordeste da China, conhecida como região da Manchúria e pode ser a mais antiga espécie cultivada pelo homem (HYMOWITZ, 2004; BONATO, 1987). A referência mais antiga à soja encontra-se no herbário PEN TS' AO KANG MU, escrita em 2838 a.C. Permaneceu no oriente sendo cultivada no Japão, Coréia e sudeste asiático até o início do século XVIII, por volta do ano de 1712 onde foi levada pela primeira vez para a Europa. Na Inglaterra, foi cultivada de forma experimental pela primeira vez no ano de 1790 no Jardim Botânico Real em Kew. Na Itália, seu cultivo teve início em 1840 (BONETTI, 1981; BONATO, 1987; BEZERRA et al., 2015).

Os primeiros relatos da soja em solo americano datam de 1804, na Pensilvânia, Estados Unidos, como uma promissora planta forrageira e produtora de grãos. Seu potencial e cultivo foram reconhecidos apenas em 1880, após vários experimentos em diversos estados do país e seu destaque de produção ocorreu no ano de 1930 através da colheita mecanizada e a utilização como alimento de qualidade (BLACK, 2000).

No Brasil, os primeiros registros da soja são do ano de 1882 no estado da Bahia, porém as cultivares que foram trazidas dos Estados Unidos, não se adaptaram a região de latitude 12°. No ano de 1891, foram inseridas novas cultivares na cidade de Campinas, São Paulo, cuja latitude é de 22° 54' Sul, onde apresentaram melhor desempenho. E no estado do Rio Grande do Sul, onde teve um ótimo desempenho devido a semelhança com o fotoperíodo do Sul dos Estados Unidos (SEDIYAMA et al., 2015).

Segundo Benno et al. (2018), os pilares para o desenvolvimento científico das novas cultivares desenvolvidas com altas produtividades e adaptadas às diversas regiões foram os programas de melhoramento genético aliado a iniciativa privada que forneceu tecnologia para o setor.

### 2.2 Importância econômica e produção da soja

A expansão do cultivo da soja no Brasil iniciou-se pela região sudeste por volta de 1970 consolidando o Cerrado na atualidade como maior produtor nacional da cultura (BEZERRA et al., 2015). A nova fronteira agrícola no Cerrado brasileiro é a região do MATOPIBA, acrônimo

formado pelas iniciais dos Estados do Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia (POLIZEL et al., 2021). As pesquisas nesta região iniciaram no ano de 1968, na cidade de Irecê na Bahia, contudo, apenas nos anos 90 com a intensa atividade agrícola que grandes empresas como Brasmax, Donmario, Monsanto, Pioner, e TMG passaram a indicar material específico para a região (SEDIYAMA et al., 2005; SILVA et al., 2017; POLIZEL et al., 2021).

Atualmente, a sojicultura destaca-se como uma das culturas de maior importância para a economia brasileira, é considerada uma *commodity* nacional devida a sua alta produtividade e participação nas exportações no mercado internacional, sendo uma das principais fontes de proteína e óleo, as cultivares nacionais possuem em sua composição 40% e 20%, respectivamente. São imprescindíveis para a alimentação humana e animal, e a formação do complexo industrial voltado ao seu processamento no Brasil, se deu através da sua ampla adaptação aos climas do país e as cultivares ricas em (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009; SOUZA et al., 2014; BEZERRA et al., 2015; LIMA et al., 2015; ADAMI; OZAKI; MIQUELLUTI, 2022).

Na conjuntura mundial, a cultura também possui grande importância uma vez que seus grãos atendem diversos ramos da indústria como a produção de farelo, farinha, óleos, bebidas à base de soja, dentre outros. Com cerca de 77% do consumo mundial da oleaginosa temos o Brasil, Estados Unidos, Argentina e a China que sozinha é responsável por 62,58% de todas as importações mundiais (OLIVEIRA et al., 2015; UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2021).

Sua produção no Brasil, sempre visou o mercado externo, sendo este o principal diferencial da oleaginosa para as outras culturas. Embora seja considerado um produto de exportação, de manutenção e de desenvolvimento, a soja gera um grande complexo agroindustrial o que acaba consolidando um processo diversificado de produção com forte mercado de produção e comercialização de sementes, fertilizantes, defensivos e máquinas agrícolas (MELLO; BRUM, 2013; BEZERRA et al., 2015).

Todo esse sucesso deu-se a fatores como o melhoramento genético da espécie e o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e adaptadas a diversas áreas de cultivo e resistentes a diversas culturas. (HAMAWAKI et al., 2019; SILVA et al., 2017).

### **2.3 Aspectos botânicos, morfologia e desenvolvimento da soja**

A soja, pertence à classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (*Leguminosae*), gênero *Glycine* L. e espécie *Glycine max* (L.) Merrill. Sua germinação é do tipo epigea (*epi* = acima de; *geo* = terra) e ocorre a partir do contido da semente com o solo em

condições ideais de temperatura, arejamento e suprimento de água. No primeiro momento ocorre a mobilização das substâncias de reservas, que se transformam nos cotilédones e o alongamento da radícula. Fatores como qualidade sanitária, vitalidade e longevidade, maturidade e potencial fisiológico, são afetados diretamente por características intrínsecas a semente (NOGUEIRA et al., 2013; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; GAZZONI, 2016).

O sistema radicular é do tipo axial fasciculado com raiz pivotante e ramificações que formam o conjunto de raízes secundárias onde ocorre a formação de nódulos ligados por filamentos à epiderme, decorrentes da relação simbiótica entre as plantas de soja e as bactérias fixadoras de nitrogênio (*Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii*) (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Tais bactérias multiplicam-se no interior dos nódulos onde em troca de nitrogênio fixado a partir da atmosfera através da enzima nitrogenase, obtém compostos ricos em carbono. O processo de fixação é inativado por oxigênio, assim requer condições anóxicas (SINGH, 2010).

O desenvolvimento inicial é marcado pelo hipocótilo, que corresponde a porção do caule entre os cotilédones e o primeiro par de folhas. Posteriormente o crescimento continua com o epicótilo e os internódios e direção ao ápice, sendo cada nó marcado pela presença de uma folha. Cada cultivar possui características próprias, porém em sua grande maioria possui caule ereto com diversos tipos de ramificações e, cada tipo de crescimento, determina o desenvolvimento final do caule (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A leguminosa apresenta diferentes tipos de crescimento governados por dois genes, sendo eles o determinado, semideterminado e indeterminado e é uma excelente forma de diferenciação das cultivares. Os genótipos que apresentam crescimento determinado e semideterminado são caracterizados pela ocorrência de uma inflorescência no ápice caulinar o que não ocorre em cultivares de crescimento indeterminado, que mesmo após o florescimento, continuam desenvolvendo nós e o alongamento do caule. As plantas de crescimento determinado possuem 90% de sua altura e matéria seca final no florescimento, enquanto no tipo de crescimento semideterminado essa proporção é de 70% da altura final (NOGUEIRA et al., 2009).

Durante todo seu ciclo apresenta quatro tipos de folhas, responsáveis por nutrir a plântula logo no início do desenvolvimento surgem as cotiledonares, acima do nó dos cotilédones surgem as unifolioladas; as trifolioladas que compõem toda a planta acima da unifoliolada e os prófilos que se encontram na base das ramificações. As folhas emergem dos

nós e nas axilas, gemas laterais podem se modificar formando ramificações e inflorescências (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015; SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Por se tratar de uma planta de dias curtos, a indução floral ocorre apenas quando o número de horas de luz, for menor ou igual ao fotoperíodo crítico específico de cada cultivar. Dessa forma, a indução floral altera os meristemas vegetativos em reprodutivos, determinando o número de nós e, portanto, seu potencial de rendimento (SILVA et al., 2015). Suas flores são perfeitas ou completas e apresentam todas as estruturas masculinas e femininas em sua composição protegidas pela corola. Se desenvolvem em racemos axilares ou terminais e podem ter coloração roxa ou branca (BORÉM; ALMEIDA; KIHIL, 2009).

Seu fruto é do tipo vagem ou legume e apresenta pubescência de coloração variada como cinza claro, cinza escuro, marrom claro, marrom médio, marrom escuro de acordo com a presença e/ou ausência de caroteno, xantofila e pigmentos antocianos. As sementes possuem formatos esféricas, esférica-achatada, alongada ou alongada-achatada (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Mathias et al. (2017) evidenciaram que condições bióticas de cultivo como temperatura, precipitação, umidade e época de colheita influenciam diretamente na qualidade fisiológicas das sementes.

O ciclo da cultura é composto pela fase vegetativa que compreende da emergência da plântula (VE) até o surgimento da primeira flor, e a fase reprodutiva de R1 até que 95% das vagens se encontrem maduras de acordo com a genética de cada cultivar (FEHR; CAVINESS, 1977). As condições ambientais e as características intrínsecas de cada genótipo influenciam diretamente na duração de cada fase do ciclo de desenvolvimento da soja. O principal fator desta regulação é o fotoperíodo que consistem na quantidade de luz que incidente sobre a planta (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Seu ciclo em média é de 75 dias para cultivares precoces e de 200 para cultivares tardias, porém atualmente, as cultivares comerciais, possuem ciclo variando entre 100 e 154 dias (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

#### **2.4 O melhoramento genético da soja**

Os primeiros relatos do melhoramento genético da soja no Brasil, datam de 1948 no estado do Rio Grande do Sul, com o estudo e desenvolvimento da cultivares mais adaptadas as condições edafoclimáticas da região sul do país. As primeiras cultivares de soja aptas para as baixas latitudes, com período juvenil longo, foram desenvolvidas a partir de hibridações com a variedade PI 240664, na década de 70 (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O melhoramento genético trata-se de um processo longo e contínuo sendo a principal etapa a escolha de genitores e posteriormente a geração de variabilidade genética por meio de

hibridações artificiais, o avanço de gerações e por fim os testes de progênies e a seleção de linhagens com base o interesse do melhoristas através de avaliações do potencial de cada genótipo para determinada característica, ocorrendo o lançamento da cultivar após ser testada e indicada para regiões específicas (ALMEIDA; KIIHL, 1998; CECCARELLI, 2014).

Para que o melhoramento seja bem-sucedido, é de fundamental importância a seleção de genitores geneticamente distintos para que a população segregante possua alta variabilidade, facilitando o processo de seleção (BIZARI, 2017). Apesar do número de cultivares comerciais registradas, a seleção de genitores possui grandes dificuldades uma vez que, a soja brasileira apresenta uma base genética estreita ou um alto grau de parentesco (WYSMIERSKY; VELLO, 2013). Logo, a seleção de genitores contrastantes para os caracteres de interesse é fundamental para compor as hibridações (SANTOS, 2016).

As hibridações artificiais são a forma mais comum para se criar variabilidade utilizada pelos programas de melhoramento genético. São realizadas de forma direcionada entre genótipos divergentes, o número de genitores envolvidos pode variar assim com sua classificação como cruzamentos duplos, triplos ou complexos (BORÉM; MIRANDA, 2013; MATSUO et al., 2015).

A eficiência das hibridações depende dos fatores ambientais aos quais se é realizado e Matsuo et al. (2015), estudando a taxa de sucesso de polinizações artificiais em soja, em casa de vegetação no município de Viçosa – MG, em diferentes horários, verificaram que hibridações realizadas entre as 10 e 12 horas do período matutino, ou entre as 14 e 16 horas, no período vespertino possuem elevadas temperaturas e baixa umidade relativa do ar, culminando em uma maior eficiência das hibridações.

Entretanto, a escolha de genitores contratantes e as hibridações artificiais apenas, não são suficientes para a obtenção de progênies de alto potencial. É fundamental, que haja uma avaliação genética dos genitores e progênies obtidas, para avaliar o desempenho individual, descrever o comportamento e identificar as melhores combinações (COSTA et al., 2017). Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) descrevem várias metodologias para a escolha de genitores, dentre elas, os cruzamentos dialélicos são os mais utilizados para a obtenção de populações segregantes promissoras.

De acordo com Vale et al. (2015) o dialelo completo, dialelo parcial, dialelo circundante e dialelo desbalanceado são os mais utilizados no melhoramento de plantas, sendo o dialelo parcial, responsável por descrever a frequência de alelos favoráveis e também indicar a diversidade genética entre os genitores de um grupo e os opostos, através de determinadas metodologias.

As metodologias mais utilizadas descritas por Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) para análises dialélicas são a proposta por Haymam (1954) que descreve os valores genéticos dos progenitores, a herança dos caracteres e o limite de seleção; Gardner e Eberhart (1966) que avalia os efeitos da heterose varietal e das variedades e o método proposto por Griffing (1956), que determina através de estimativas os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) imprescindíveis para determinar diversidade genética entre os genitores e progênes promissoras.

A diversidade genética das plantas pode ser definida como a soma das informações particulares contidas nos genes. Ao longo do processo de domesticação das plantas foram realizadas alterações significativas na diversidade genética das plantas através da forte pressão de seleção exercida pelo homem (FOLLMANN, et al., 2019). Segundo Rodrigues et al. (2017), estudos de divergência genética são essenciais para determinar a diferenciação genética das populações, além de estabelecer formas de conservação e manejo adequadas para o estoque genético existente.

Medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamento (hierárquicos e de otimização), componentes principais e variáveis canônicas são as principais técnicas aplicadas para o estudo de divergência genética para descrever informações de um conjunto de características, a depender dos objetivos estipulados pelos pesquisadores (RODRIGUES et al., 2017).

Os métodos de agrupamento previamente estipulam uma medida de dissimilaridade como a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis, úteis para os programas de melhoramento, pois permitem quantificar a diferença genética entre genótipos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A distância de Mahalanobis é aplicada em estudos de divergência genética de diferentes culturas, com intuito de separar em subgrupos homogêneos, um grupo heterogêneo, obtido através de dados quantitativos por métodos hierárquicos e de otimização (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014, RAMALHO et al., 2012).

Os métodos hierárquicos estabelecem um dendograma com o agrupamento dos genótipos, a partir de um processo repetitivo em vários níveis, até que se estabeleçam grupos de ramificações delimitados por pontos de alta mudança (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para a identificação de grupos de genótipos mais similares tem-se utilizado a metodologia média entre grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean - UPGMA*) (RODRIGUES et al., 2017). Segundo Cruz; Regazzi; Carneiro, (2012) os métodos de otimização baseiam-se em uma medida de dissimilaridade preestabelecida determinando subgrupos de genótipos. Entre os métodos de otimização mais utilizados, o método de Tocher possibilita a formação de grupos mutuamente exclusivos, através de critérios onde a distância

média intergrupos é sempre superior à distância média intragrupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

## REFERÊNCIAS

- ADAMI, A. C. D. O.; OZAKI, V. A.; MIQUELLUTI, D. L. Efeito de alterações no preço de referência sobre as indenizações do Seguro Agrícola de Faturamento da soja no Brasil. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, Brasília, v. 60, n.4, e247784, 2022. DOI: 10.1590/1806-9479.2021.247784. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1806-9479.2021.247784>. Acesso em: 15 nov. 2021.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil: desafios e perspectivas. *In*: GIL, M. S. **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba: USP- ESALQ, 1998. p. 40-54.
- BENNO, B. K.; FILTER, C. F.; SANTOS, C. E.; CARVALHO, C. **Anuário brasileiro da soja 2018**. Santa Cruz do Sul: Gazeta Santa Cruz, 2018. 104 p.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M., Importância econômica. *In*: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa: UFV, 2015, p. 09-26.
- BHERING, L. L. Rbio: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 2, p. 187-190, 2017.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soy bean. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: 10.1590/1984-70332017v17n2s29. Disponível em: Acesso em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/ndxxG8NyDnqfh9vDH48WTrK/?format=pdf&lang=em>. 17 nov. 2021.
- BLACK, R. J. Complexo soja: fundamentos, situação atual e perspectivas. *In*: CÂMARA, G. M. S. (ed.). **Soja: tecnologia da produção II**. Piracicaba: ESALQ, LPV, 2000. p. 1-18.
- BONATO, E. R.; BONATO, A. L. V. **A soja no Brasil: história e estatística**. Londrina: EMBRAPA, CNPSo, 1987. 61 p.
- BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. *In*: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (eds.). **A soja no Brasil**, Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, p. 1-16, 1981.
- BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. **Hibridação Artificial de Plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2009. 625 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Editora UFV. 2013. 523 p.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. Viçosa, MG: Ed. UFV. 7. ed., p. 90, 2017.
- CECCARELLI, S. GM crops, organic agriculture and breeding for sustainability. **Sustainability**, v. 6, n. 7, p. 4273-4286, 2014. DOI: 10.3390/su6074273 Disponível em: <https://doi.org/10.3390/su6074273>. Acesso em: 30 set. 2021.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Boletim da safra de grãos**: 12º levantamento: safra 2020/21. Brasília, DF, 2021. Portal. Portal. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 02 nov. 2021.

COSTA, K. D. S.; NASCIMENTO, M. R.; SANTOS, A. M. M.; SANTOS, P. R.; CARVALHO, I. D. E.; CARVALHO FILHO, J. L. S.; MENEZES, D.; LIMA, T. V.; BRITO, K. S.; MICHELON, G. K. Melhoramento do quiabeiro quanto à precocidade, produção e qualidade: uma revisão de literatura. *In*: ENCONTRO LATINO-AMERICANO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA, 21, 2017. **Anais eletrônicos** [...]. [São José dos Campos]: Universidade do Vale do Paraíba, 2017. Disponível em: [http://www.inicep.univap.br/cd/INIC\\_2017/anais/arquivos/0214\\_0069\\_02.pdf](http://www.inicep.univap.br/cd/INIC_2017/anais/arquivos/0214_0069_02.pdf). Acesso em: 18 nov. 2021.

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

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

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

DINIZ, R. M. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SOUSA, L. B.; CASTRO, L. H. Comportamento agrônomo de cultivares de soja de ciclo precoce. **Enciclopédia biosfera**, Goiânia, v.10, n.18, p. 973, 2014. Disponível em: <https://conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/2720>. Acesso em: 12 set. 2021.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 3, p. 428-432, 2012. DOI: 10.1590/S0102-05362012000300012. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>. Acesso em: 10 out. 2021.

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

FOLLMANN, D. N.; SOUZA, V. Q. D.; CARGNELUTTI FILHO, A.; DEMARI, G. H.; NARDINO, M.; OLIVOTO, T.; CARVALHO, I. R.; SILVA, A. D. B.; MEIRA, D.; MEIER, C. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. **Bragantia**, Campinas, v. 78, p. 197-207, 2019.

GAZZONI, D. L. **Soybean and bees**. Londrina: Embrapa Soja, 2016. Disponível em: <http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/153168/1/livro-SOYBEAN-AND-BEES-baixa.pdf>. Acesso em: 26 out. 2021.

GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, Ribeirão Preto, v. 2015, 2015.

HAMAWAKI, O. T.; HAMAWAI, R. L.; NOGUEIRA, A. P. O.; GLASENAPP, J. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; SILVA, C. O. Evaluation of soybean breeding lineages to new sources of root-knot nematode resistance. **Ciência e agrotecnologia**, Lavras, v.43, 2019.

HOLTZ, V. GRELLMANN, D. H.; AZEVEDO, R. O.; KOESTER, B. E. G.; JARDIM, C. C. S.; MASSOLA, M. P.; REIS, R. D. G. E. Perdas na colheita mecanizada de soja utilizando diferentes mecanismos na plataforma de corte. **PUBVET**, Nova Xavantina, MT. v.13, n.2, p.1- 6, 2019.

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. *In*: BOERMA, H. R.; SPECHT, J. E.(ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. Madison: American Society of Agronomy, p. 97-136, 2004.

KRISNAWATI, A. Y. D. A.; ADIE, M. M. The leaflet shape variation from several soybean genotype in Indonesia. **Biodiversitas**, [s.l.], v. 18, n. 1, p. 359-364, 2017.

LIMA, I. P.; BRUZI, A. T.; BOTELHO, F. B. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; ZUFFO, A. M. Performance of Conventional and Transgenic Soybean Cultivars in the South and Alto Paranaíba Regions of Minas Gerais, Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, [s.l.], v. 6, n. 09, p. 1385, 2015.

MATHIAS, V.; PEREIRA, T.; MANTOVANI, A.; ZÍLIO, M.; MIOTTO, P.; CILEIDE; COELHO, M. M. Implicações da época de colheita sobre a qualidade fisiológica de sementes de soja. **Revista Agro@ambiente**, Boa Vista, v. 11, n. 3, p. 223- 231, 2017.

MATSUO, É.; SEDIYAMA, T.; FERREIRA, S. C.; GLASENAPP, J. S. Híbridaç o. *In*: SEDIYAMA, T. (ed.) **Melhoramento gen tico da soja**. Londrina: Mecenass, 2015, p. 57-72.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Bot nica e Fenologia. *In*: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BOR M, A. (ed.) **Soja: do plantio   colheita**. UFV, Viçosa, p. 27-53. 2015.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; GLASENAPP, J.S. Seleç o assistida por marcadores moleculares. *In*: SEDIYAMA, T. (ed.) **Melhoramento gen tico da soja**. Londrina, PR: Mecenass, 2015. p. 94-102.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; BROMMONSCHENKEL, S. H.; FERREIRA, S. C.; FIALHO, G. S. Efficiency of hybridization in soybean during the summer depending on temperature and relative humidity. **Bioscience Journal**, Uberl ndia, v. 31. n. 6, 2015.

MELLO, E. S.; BRUM, A. L. O direito ao desenvolvimento e a produç o local: o plantio direto da soja como uma alternativa de desenvolvimento econ mico. **Revista Gest o e Desenvolvimento em Contexto**, [s.l.], v. 1, n. 1, 2013.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. *In*: SEDIYAMA, T. (ed.) **Tecnologias de produç o e usos da soja**. Londrina: Mecenass, 2009. p. 7-16.

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

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

ODA, M. C. SEDIYAMA, T.; MATSUO, É.; CRUZ, C. D.; DE BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. *Agronomy Science and Biotechnology*, [s.l.], v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015.

OLIVEIRA, C. O.; LAZARINI, E.; TARSITANO, M. A. A.; PINTO, C. C.; SÁ, M. E. de. Production cost and profitability of soybean seeds enriched with molybdenum. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 45, n. 1, p. 82-88, 2015.

PELUZIO, J. M.; LOPES, L. A.; CARVALHO, E. V.; AFFÉRI, F. S.; DOTTO, M. A. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. *Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, [s.l.], v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014.

POLIZEL, S. P.; VIEIRA, R. M. D. S. P.; POMPEU, J.; FERREIRA, Y. C.; DE SOUSA-NETO, E. R.; BARBOSA, A. A.; OMETTO, J. P. H. B. Analysing the dynamics of land use in the context of current conservation policies and land tenure in the Cerrado–MATOPIBA region (Brazil). *Land Use Policy*, [s.l.], v. 109, p. 105713, 2021.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas.* Lavras: Ed. UFLA, 2012, 522 p.

ROCHA, M. R. D.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO, C. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, v. 43, 2019.

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

SANTOS, E. R. *Parâmetros genéticos e obtenção de genótipos de soja com ausência de lipoxigenase e características agronômicas em baixas latitudes.* 2016. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Agronomia e Medicina Veterinária, Universidade de Brasília, Brasília, DF, 2016.

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

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

SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASSENAP, J. S. Origem e evolução. *In: SEDIYAMA, T. (ed.) Melhoramento genético da soja*. Londrina: Mecenias, 2015, p. 11-18.

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C.; SEDIYAMA, H.A. A Soja. *In: SEDIYAMA, T. (ed.) Produtividade da Soja*. Londrina: Mecenias, 2016. 310 p.

SINGH, R. K.; PUSHPENDRA, K. S.; BHARDWAJ, P. M. Gene effects for major quantitative traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Soybean Genetics Newsletter**, [s.l.], v. 37, p. 1-5, 2010.

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

SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. **Melhoramento da Soja**. Viçosa: UFV, 2017, 563p.

SONG, Q.; HYTEN, D. L.; JIA, G.; QUIGLEY, C. V.; FICKUS, E. W.; NELSON, R. L., CREGAN, P. B. Fingerprinting soybean germplasm and its utility in genomic research. **G3: Genes, Genomes, Genetics**, [s.l.], v. 5, n. 10, p. 1999-2006, 2015.

SOUZA, B. H. S.; NEVES, E.; SILVA, A. G.; BOIÇA JUNIOR, A. L. Aspectos Bionômicos de *Spodoptera eridania* (Cramer): Uma Praga em Expansão na Cultura da Soja na Região do Cerrado Brasileiro. **EntomoBrasilis**, [s.l.], v. 7, n. 2, p.75-80, 2014.

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, Fortaleza, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. 2021. Disponível em: <http://www.usda.gov>. Acesso em: 16 nov. 2021.

VALE, N.M.; BARILI, L.D.; OLIVEIRA, H.M.; CARNEIRO, J.E.S.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, F.L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013.

## CAPÍTULO II

### ANÁLISE DIALÉLICA DE GERAÇÃO F<sub>2</sub> EM SOJA

#### RESUMO

A soja ganhou um espaço de grande importância na economia global nos últimos 50 anos. O Brasil é o maior produtor mundial de soja da leguminosa, com 135,86 milhões de toneladas na safra 2020/2021. Todo esse progresso nacional foi possível devido ao investimento em pesquisa dos programas de melhoramento genético da soja, que possibilitou seu cultivo em regiões de latitude menores, com o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas. O objetivo deste trabalho foi determinar a capacidade combinatória geral e específica em soja, visando identificar progenitores e combinações promissoras para o programa de melhoramento genético da UFU. Os experimentos foram conduzidos em condição de casa de vegetação, da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na área experimental da Fazenda do Glória, Uberlândia-MG. O bloco de cruzamento foi conduzido com semeadura escalonada a cada três dias para garantir a sincronia do florescimento dos parentais. Os genótipos utilizados como genitores foram as cultivares BRS 511, BRS GO 7560, TMG 801 e UFUS GUARÁ. As sementes dos cruzamentos biparentais foram semeadas em vasos de 3 dm<sup>3</sup> previamente preenchidos com substrato, obtendo plantas F<sub>1</sub> que originaram as sementes F<sub>2</sub>. A população segregante F<sub>2</sub> de cada combinação, juntamente com o parentais foi semeada no dia 16/12/2020, adotando-se o delineamento de blocos completos casualizados (DBC) com dez repetições. Os caracteres avaliados foram: comprimento do hipocótilo (CH); comprimento do epicótilo (CE); comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CP); comprimento do primeiro internódio (CPI); altura da planta no florescimento (APF); altura de planta na maturação (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIPV); número de nós no florescimento (NNF) e maturação (NNM); número de dias para o florescimento (NDF) e maturação (NDM); número de vagens com 1 grão (NV1G), com 2 grãos (NV2G) e 3 grãos (NV3G); número de vagens total (NTV); produção de grãos (PG). As cultivares BRS GO 7560 e UFUS GUARÁ são os genitores potenciais para redução de ciclo da cultura, aumento no número de vagens e produção de grãos. Os cruzamentos promissores para caracteres de fase vegetativa e agrônômicos foram BRS 511 x UFUS GUARÁ e BRS GO 7560 x TMG 801.

**Palavras-chave:** dialelo; *Glycine max*; seleção de genótipos.

## DIALELIC ANALYSIS OF F<sub>2</sub> GENERATION IN SOYBEAN

### ABSTRACT

Soy has gained a place of great importance in the global economy in the last 50 years. Brazil is the world's largest producer of leguminous soy, with 135.86 million tons in the 2020/2021 harvest. All this national progress was possible due to the investment in research on soybean genetic improvement programs, which enabled its cultivation in regions of smaller latitudes, with the development of more adapted cultivars. The objective of this work was to determine the general and specific combining ability in soybean, aiming to identify progenitors and promising combinations for the UFU genetic improvement program. The experiments were carried out in a greenhouse condition, at the Federal University of Uberlândia, located in the experimental area of Fazenda do Glória, Uberlândia-MG. The crossing block was carried out in a greenhouse, with staggered sowing every three days to ensure the parental flowering synchrony. The genotypes used as parents were the cultivars BRS 511, BRS GO 7560, TMG 801 and UFUS GUARÁ. Seeds from biparental crosses were sown in 3 dm<sup>3</sup> pots previously filled with substrate, obtaining F<sub>1</sub> plants that gave rise to F<sub>2</sub> seeds. The F<sub>2</sub> segregating population of each combination, along with the parent population, was sown on 12/16/2020, using a randomized complete block design (RBD) with ten replications. The characters evaluated were: hypocotyl length (HL); epicotyl length (EL); length of the petiole of the first trifoliolate leaf (TL); length of the first internode (LFI); plant height at flowering (PHF); plant height at maturity (PHM); height of first pod insertion (HFPI); number of nodes at flowering (NNF) and maturation (NNM); number of days to flowering (NDF) and maturation (NDM); number of pods with 1 grain (NPW1G), with 2 grains (NPW2G) and 3 grains (NPW3G); total number of pods (TNP); grain production (GP). Cultivars BRS GO 7560 and UFUS GUARÁ are the potential parents to reduce the crop cycle, increase the number of pods and grain production. Promising crosses for vegetative and agronomic stage characters were BRS 511 x UFUS GUARÁ and BRS GO 7560 x TMG 801.

**Keywords:** diallel; *Glycine max*; genotype selection.

## 1 INTRODUÇÃO

A soja ganhou um espaço de grande importância na economia global nos últimos 50 anos, e a produção mundial no ano agrícola 2020/21 foi de 385,5 milhões de toneladas (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA, 2021). O Brasil é o maior produtor mundial de soja da leguminosa, com 135,86 milhões de toneladas na safra 2020/2021, incremento de 8,8% ou 11 milhões de toneladas superior a produção da safra anterior (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2021).

Todo esse progresso nacional, em um mercado altamente competitivo, onde é essencial o aumento nos rendimentos e lucratividade, só foi possível devido ao investimento em pesquisa dos programas de melhoramento genético da soja, que possibilitou seu cultivo em regiões de latitude menores, com o desenvolvimento por hibridações de cultivares mais adaptadas, com maior potencial de rendimento, garantindo aumentos de 1,5 a 2% ao ano na produtividade (BALBINOT JUNIOR et al., 2017; CAPONE et al., 2018). Um dos fatores primordiais para o êxito dos programas de melhoramento genético é a variabilidade genética, para a seleção de novas linhagens (LEITE et al., 2016).

As hibridações artificiais ampliam a variabilidade genética existente entre os genótipos e são uma das principais metodologias utilizadas pelos programas de melhoramento genético (PEREIRA; VELLO; ROCHA, 2019). A seleção dos genitores divergentes, visando à hibridação é fundamental para o desenvolvimento de novas cultivares e essencial para a obtenção de populações segregantes promissoras em programas de melhoramento de plantas (LEITE et al., 2016). O sucesso em programas de melhoramento, está intimamente relacionado à obtenção das melhores combinações híbridas, levando em consideração os interesses agrônomicos como a elevada produtividade de grãos, altos teores de óleos e proteínas, resistência genética a estresses tanto bióticos como os abióticos (AKRAM et al., 2016).

No entanto, a seleção de genótipos com alto potencial genético é insuficiente para garantir que as progênes tenham características desejáveis (ROCHA et al., 2014). Para que produzam progênes promissoras, os genótipos parentais devem possuir elevada capacidade combinatória (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Uma das estratégias utilizadas para fornecer informações gerais, estimar e entender os componentes genéticos e a capacidade de combinação dos progenitores úteis para a hibridação, são os esquemas dialélicos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; PEREIRA; VELLO; ROCHA, 2019).

Nos cruzamentos dialélicos, utilizando o Método 2 proposto por Griffin (1956), é possível estimar a capacidade geral e específica de combinações e cruzamentos. A capacidade geral de combinação (CGC) está associada a genes de caráter aditivo e demonstram o

comportamento médio de um genitor e duas combinações híbridas. Em contrapartida, a capacidade específica de combinação (CEC) depende única e exclusivamente da ação gênica não aditiva e expressa o desvio de um cruzamento em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação de seus genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Logo, utilizar de estratégias eficientes para a obtenção de genitores promissores é essencial para os programas de melhoramento genético da soja. Diante disso, o objetivo do trabalho foi determinar a capacidade combinatória geral e específica em soja, visando identificar progenitores e combinações com características da fase vegetativa e agronômicas promissoras para o programa de melhoramento da UFU.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos nos anos 2019 a 2021 em condição de casa de vegetação, da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na área experimental da Fazenda do Glória, Uberlândia-MG, cujas coordenadas geográficas são latitude 18° 56' 41,9''S, longitude 48° 12' 50,6''W e altitude de 885 m.

Inicialmente, foram selecionados quatro cultivares de soja contratantes quanto ao ciclo, grupo de maturidade e resistência a fitopatógenos. Suas principais características estão apresentadas na Tabela 1.

**Tabela 1** – Cultivares e suas principais características de destaque.

Cultivares	Ciclo	Maturidade	Resistência
BRS 511	Precoce	6.9	Resistência a Ferrugem
BRS GO 7560	Semiprecoce	7.2	Resistência a Ferrugem
TMG 801	Semiprecoce	8.2	Resistencia a Ferrugem
UFUS GUARÁ	Precoce	8.3	Tolerância Ao Mofo Branco

Os vasos de 3 dm<sup>3</sup>, foram preenchidos substratos preparados com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Foi realizada adubação em semeadura e em cobertura, 35 dias após a semeadura. Na adubação de semeadura foram aplicados o equivalente a 20 kg de N ha<sup>-1</sup>, 120 kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> ha<sup>-1</sup> e 80 kg de K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup> e na adubação de cobertura 50 kg K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup>. O bloco de cruzamento foi conduzido no ano de 2019, com semeadura escalonada a cada três dias para garantir a sincronia do florescimento dos parentais.

Foram semeadas cinco sementes por vaso em profundidade de 3 cm. Ao atingirem o estágio V<sub>1</sub>, foi feito o desbaste mantendo-se 2 plantas por vaso. Periodicamente, foi realizada irrigações e os tratos culturais empregados no controle de plantas daninhas foram capinas manuais, quando necessário. O controle as pragas e doenças foram controladas com a aplicação conforme recomendação técnica da cultura (EMBRAPA, 2013). Foram aplicados os inseticidas comerciais Espiromesifeno (240 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,4 L ha<sup>-1</sup>, Abamectina (72 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,25 L ha<sup>-1</sup> e Acetamiprido (200 g L<sup>-1</sup>) e Piriproxifem (100 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,15 L ha<sup>-1</sup>, de acordo com a necessidade.

A primeira etapa constituiu na hibridação das plantas, realizada no momento em que o genitor feminino e masculino se encontrava em condições ideais de florescimento (MATSUO et al., 2015) de forma unilateral (Tabela 2). Além disto, foi utilizada uma pinça de relojoeiro número 5 onde para a retirada as sépalas e pétalas do botão floral do genitor feminino e em seguida da remoção das estruturas masculinas (emasculação) para posteriormente ser realizada a polinização artificial com o pólen do genitor masculino.

**Tabela 2** – Esquema de cruzamento dialélico completo, sem os cruzamentos recíprocos.

Genitores	1. BRS 511	2. BRS GO 7560	3. TMG 801	4. UFUS GUARÁ
1. BRS 511	<b>1x1</b>	1x2	1x3	1x4
2. BRS GO 7560	-	<b>2x2</b>	2x3	2x4
3. TMG 801	-	-	<b>3x3</b>	3x4
4. UFUS GUARÁ	-	-	-	<b>4x4</b>

Após a realização da hibridação a região foi identificada com uma etiqueta onde continha as informações: Parental masculino, parental feminino, data e hora da realização da hibridação, nome da pessoa que a realizou. As sementes F<sub>1</sub> foram semeadas novamente em vasos com substrato, no dia 23/03/2020. Foram utilizados os seis híbridos obtidos, juntamente com os quatro parentais em delineamento de blocos casualizados (DBC), com 5 repetições. Foram conduzidos nas mesmas condições que os genitores para que se autofecundassem, gerando as sementes F<sub>2</sub> em que se observa a segregação máxima dos genes. Na Tabela 3 estão apresentadas as combinações obtidas dos híbridos de soja evidenciando quais cultivares foram genitores feminino e masculino.

**Tabela 3** – Híbridos de soja produzidos a partir de hibridação artificial.

<b>Parental Masculino</b>	<b>Parental Feminino</b>
BRS 511	BRS GO 7560
BRS 511	TMG 801
BRS 511	UFUS GUARÁ
BRS GO 7560	TMG 801
BRS GO 7560	UFUS GUARÁ
TMG 801	UFUS GUARÁ

Amostras de sementes das seis populações F<sub>2</sub> oriundas do cruzamento dialélico e de sementes dos genitores foram utilizadas para a realização de um segundo experimento, constituindo 10 tratamentos. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados (DBC) com dez repetições. Foram utilizados vasos de 3 dm<sup>3</sup>, preenchidos com 2/3 do volume total de solo e 1/3 de do volume total de matéria orgânica.

Realizou-se adubação em sementeira e em cobertura, 35 dias após a sementeira. Na adubação de sementeira foram aplicados o equivalente a 20 kg de N ha<sup>-1</sup>, 120 kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> ha<sup>-1</sup> e 80 kg de K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup> e na adubação de cobertura 50 kg K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup>. A sementeira ocorreu no dia 16/12/2020, cada unidade experimental consistiu em um vaso de 3 dm<sup>3</sup>. Foram semeadas quatro sementes por vaso em profundidade de 3 cm. Ao atingirem o estágio V<sub>1</sub> (FEHER; CAVINESS, 1977), foi feito o desbaste mantendo-se 2 plantas por vaso.

Em cada planta, realizaram-se as seguintes avaliações:

- Comprimento de Hipocótilo (CH): comprimento medido com auxílio de uma régua, onde determinou-se a distância entre a superfície do solo até o nó de inserção dos cotilédones no estágio V<sub>2</sub>;
- Comprimento de Epicótilo (CE): comprimento medido com auxílio de uma régua, onde determinou-se a distância entre o nó cotiledonar até o primeiro par de folhas, em V<sub>3</sub>;
- Comprimento do Pecíolo da Primeira Folha Trifoliolada (CP): com auxílio de uma régua determinou-se o tamanho da estrutura do pecíolo que prende o primeiro trifólio ao caule no estágio V<sub>3</sub>;
- Comprimento do Primeiro Internódio (CPI): com auxílio de uma régua determinou-se a distância entre o nó de inserção das folhas unifoliolada e o nó da inserção do primeiro trifólio no estágio V<sub>3</sub>;
- Altura de Planta no Florescimento (APF): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, no florescimento (R<sub>1</sub>);

- Altura de Planta na Maturidade (APM): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade ( $R_8$ );
- Altura da Inserção da Primeira Vagem (AIPV): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- Número de Nós no Florescimento (NNF): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento ( $R_1$ );
- Número de Nós na Maturação (NNM): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade ( $R_8$ );
- Número de Dias para o Florescimento (NDF): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência ( $V_E$ ) e a data em que 50% da parcela-se com pelo menos uma flor aberta na haste principal ( $R_1$ );
- Número de Dias para a Maturidade (NDM): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência ( $V_E$ ) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo ( $R_8$ );
- Número de Vagens com 1 Grão (NV1G): Obtida pela contagem do número de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens com 2 Grãos (NV2G): Obtida pela contagem do número de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens com 3 Grãos (NV3G): Obtida pela contagem do número de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens Totais (NVT): Obtida pela contagem do número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
- Produção de Grãos (PG): Após a colheita, a parcela útil de duas plantas foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida foi mensurada sua massa, em balança digital com quatro casas decimais.

Primeiramente foi realizada a análise de variância (ANOVA) e estimados os parâmetros genéticos para cada caráter avaliado, em seguida, por meio do teste de médias de Scott-Knott, os genótipos foram agrupados ao nível de 5% de probabilidade. A ANOVA seguiu o modelo estatístico abaixo, admitindo efeito fixo para os genótipos.

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

Em que:

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

$\mu$ : média geral do caráter;

$G_i$ : efeito do genótipo  $i$ ;

$B_j$ : efeito do bloco  $j$ ;

$\varepsilon_{ij}$ : efeito do erro aleatório.

Para análise dialélica balanceada foi utilizada a metodologia proposta por Griffing (1956), método II, onde foram incluídos somente os genitores e os híbridos ( $F_1$ ) sem os seus recíprocos realizada no Programa Computacional em Genética e Estatística - Programa GENES (CRUZ, 2016).

O efeito de populações  $F_2$ , foi decomposto em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) de acordo com o modelo estatístico descrito na equação abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + b_k + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

$Y_{ijk}$ : é valor da combinação híbrida ( $i \neq j$ ) ou do genitor ( $i = j$ ) avaliada no  $k$ -ésimo bloco;

$\mu$ : média geral;

$b_k$ : efeito do  $k$ -ésimo bloco;

$g_i$ : efeito da capacidade geral de combinação do  $i$ -ésimo genitor;

$g_j$ : efeito da capacidade geral de combinação do  $j$ -ésimo genitor;

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

$\varepsilon_{ijk}$ : erro experimental associada a observação  $Y_{ijk}$ .

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância detectou-se efeitos significativos pelo teste F para os caracteres comprimento de hipocótilo, comprimento de epicótilo, comprimento do primeiro internódio, número de dias para o florescimento; número de dias para a maturação, número de vagens com 3 grãos, e produção de grãos (Tabela 4). Estes resultados evidenciam existência de variabilidade genética entre os genótipos.

**Tabela 4** – Resumo da análise de variância de caracteres da fase vegetativa e reprodutiva para uma análise dialélica envolvendo quatro genitores e combinações segregantes F<sub>2</sub>, Uberlândia-MG, safra 2020/21.

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS							
		CH	CE	CP	CPI	APF	APM	AIPV	NNF
Genótipos	9	2,21**	4,00**	2,86 <sup>ns</sup>	0,96**	152,98 <sup>ns</sup>	139,56 <sup>ns</sup>	38,59 <sup>ns</sup>	2,82 <sup>ns</sup>
CGC	3	3,89**	8,86**	7,48**	1,35*	290,43*	216,80 <sup>ns</sup>	47,02 <sup>ns</sup>	6,72 <sup>ns</sup>
CEC	6	1,36*	1,57 <sup>ns</sup>	0,54 <sup>ns</sup>	0,76 <sup>ns</sup>	84,26 <sup>ns</sup>	100,94 <sup>ns</sup>	34,37 <sup>ns</sup>	0,86 <sup>ns</sup>
Resíduo	81	0,37	1,22	1,84	0,35	102,74	137,41	35,61	3,51
Média Geral		2,51	3,93	5,61	2,40	38,30	52,32	19,14	7,42
h <sup>2</sup> (%)		74,06	69,34	35,43	62,78	32,87	1,57	7,72	0,00
CV (%)		30,12	28,10	23,97	24,92	26,47	22,40	31,18	25,25

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS							
		NNM	NDF	NDM	NV1G	NV2G	NV3G	NVT	PG
Genótipos	9	4,42 <sup>ns</sup>	196,93**	654,31**	16,51 <sup>ns</sup>	25,79 <sup>ns</sup>	51,64*	85,12 <sup>ns</sup>	18,19*
CGC	3	11,51*	344,65**	1071,41**	19,99 <sup>ns</sup>	31,70 <sup>ns</sup>	97,11*	146,59 <sup>ns</sup>	29,55*
CEC	6	0,88 <sup>ns</sup>	123,07*	445,76**	14,76 <sup>ns</sup>	22,84 <sup>ns</sup>	28,90 <sup>ns</sup>	54,38 <sup>ns</sup>	12,50 <sup>ns</sup>
Resíduo	81	3,81	54,95	106,46	12,95	25,25	26,72	71,20	8,44
Média Geral		10,04	50,41	111,47	2,06	13,29	12,56	28,51	9,76
h <sup>2</sup> (%)		13,66	72,08	83,73	21,53	2,00	48,28	16,34	53,54
CV (%)		19,43	14,70	9,25	38,39	37,80	14,15	29,60	29,75

<sup>ns</sup>: Não significativo; \*\* e \*: significativo ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente; FV: Fonte de variação; GL: Graus de liberdade; CGC: Capacidade geral de combinação; CEC: Capacidade específica de combinação; h<sup>2</sup>: Herdabilidade; CV: Coeficiente de variação; CH: comprimento do hipocótilo; CE: Comprimento do epicótilo; CP: Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada; CPI: Comprimento do primeiro internódio; APF: Altura da planta no florescimento; APM: Altura de planta na maturação; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NNF: Número de nós no florescimento; NNM: Número de nós na maturação; NDF: Número de dias para o florescimento; NDM: Número de dias para a maturação; NV1G: Número de vagens com 1 grão; NV2G: Número de vagens com 2 grãos; NV3G: Número de vagens com 3 grãos; NVT: Número de vagens total; PG: Produção de grãos.

Os efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) foram significativos ( $p < 0,05$ ) para o comprimento do hipocótilo, comprimento do epicótilo, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada, comprimento do primeiro internódio, altura da planta no florescimento, número de nós na maturação, número de dias para o florescimento, número de dias para a maturação, número de vagens com 3 grãos, e produção de grãos. O efeito significativo da

capacidade geral de combinação (CGC), indica que a concentração de alelos favoráveis de pelo menos um dos genitores se difere dos demais, indicando qual genitor contribui com uma maior quantidade de alelos favoráveis para que este caráter seja transmitido para seus descendentes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; RAMALHO et al., 2012; TEODORO et al., 2019).

Para a capacidade específica de combinação (CEC) foram significativos comprimento de hipocótilo, número de dias para o florescimento e número de dias para a maturação. Efeitos significativos para a capacidade específica de combinação (CEC), indicam desvios de comportamento dos híbridos em relação ao que se espera baseando-se na capacidade geral de combinação (CGC) dos genitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os cruzamentos dialélicos determinam o potencial genético dos progenitores e fornecem informações sobre as características genéticas avaliadas descrevendo o comportamento dos genitores através da capacidade geral de combinação (CGC), atribuída a genes com efeito aditivo, e de suas combinações híbridas pela capacidade específica de combinação (CEC), relacionada ao efeito gênico não aditivo (GERHARDT et al., 2019; TEODORO et al., 2019).

O controle de características agronômicas por componentes genéticos aditivos e não-aditivos é comprovado pela presença de efeitos significativos de CGC e CEC. Os quadrados médios da CEC de todas as características avaliadas são menores que para a CGC (Tabela 4), indicando a predominância de efeitos aditivos no controle dos caracteres. Corroborando com os resultados observados por Teodoro et al. (2019) e Taveira (2021), onde os autores identificaram caracteres agronômicos, em genitores e populações segregantes promissora através da capacidade combinatória de cultivares de soja em geração F<sub>2</sub>.

As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) de quatro genitores para características da fase vegetativa e agronômicas estão contidas na Tabela 5. Segundo Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), quando se tem uma baixa estimativa de  $g_i$ , positiva ou negativa, o valor da CGC, do progenitor, calculado com base em seus cruzamentos com os demais progenitores, não difere muito da média geral dos cruzamentos dialélicos.

A cultivar BRS GO 7560, apresentou as maiores estimativas de CGC (Tabela 5) em sentidos favoráveis: redução no número de dias para o florescimento (-0,41) e maturação (-4,04), alto número de vagens com 3 grãos (0,72) e produção de grãos (1,03). Enquanto a cultivar UFUS GUARÁ apresentou estimativas favoráveis para o número de dias para o florescimento (-2,96), número de dias para a maturação (-4,00) e número de vagens com 3 grãos (1,10). O número de dias para o florescimento é de fundamental importância para o desenvolvimento e rendimento de grãos uma vez que exerce influência no equilíbrio entre o crescimento vegetativo e reprodutivo (BARBOSA et al., 2013). Segundo Teodoro et al. (2019) a redução de dias para

a maturação em genótipos é desejável, pois refletem em precocidade da cultivar, sendo importante que um dos genitores apresente valor negativo de CGC.

**Tabela 5** – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação ( $g_i$ ) para caracteres da fase vegetativa e agronômicos em quatro genitores de soja.

GENITORES	CARACTERES						
	CH	CE	CPI	NDF	NDM	NV3G	PG
BRS 511	0,34	0,02	0,03	2,86	-3,23	-1,77	-0,17
BRS GO 7560	-0,21	0,49	0,17	-0,41	-4,04	0,72	1,03
TMG 801	-0,18	-0,44	-0,19	0,30	3,27	-0,04	-0,32
UFUS Guará	0,05	-0,07	-0,01	-2,96	-4,00	1,10	-0,53

CH: Comprimento do hipocótilo; CE: Comprimento do epicótilo; CPI: Comprimento do primeiro internódio; NDF: Número de dias para o florescimento; NDM: Número de dias para a maturidade; NV3G: Número de vagens com 3 grãos; PG: Produção de grãos.

Quando se há altas estimativas de  $g_i$ , positivas ou negativas, o progenitor em questão é muito superior ou inferior aos demais progenitores incluídos no dialelo, com relação ao comportamento médio dos cruzamentos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para o êxito dos programas de melhoramento genético é crucial a escolha dos genitores para a formação da população segregante, sendo responsável pelo sucesso, a capacidade de combinatória juntamente com genes complementares e segundo Vale et al. (2015), a seleção de genótipos visando a precocidade deve ser realizada em gerações iniciais, como em  $F_2$ , uma vez que há a predominância do efeito aditivo, principal componente da variação genética na determinação do tempo para o florescimento.

Assim, genitores que se destaquem quanto a capacidade geral de combinação (CGC), devem ser incluídos nos programas de melhoramento para a seleção em gerações avançadas de genótipos que superem seus genitores por meio da análise das médias das características desejadas em conjunto com a CGC (DARONCH et al., 2014). Os efeitos significativos da capacidade geral de combinação para o número de dias para o florescimento, número de dias para a maturação e produção de grãos obtidos neste trabalho são semelhantes aos apresentados por Painkra; Nag; Khute (2017), que avaliaram a capacidade de combinação e a natureza da ação genica em dialelo parcial em soja.

A capacidade específica de combinação (CEC) obtidas a partir de amostras de sementes das combinações na geração  $F_2$  de soja para os caracteres vegetativos e agronômicos estão contidas na Tabela 6. As populações BRS 511 x UFUS GUARÁ e BRS GO 7560 x TMG 801 reuniram estimativas favoráveis de CEC para o número de dias para maturação, número de vagens com 3 grãos e produção de grãos. Segundo Cruz et al. (2011) populações segregantes

com elevada CEC são resultado de um maior número de locus divergentes e apresentaram um desempenho superior aos pais.

**Tabela 6** – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação ( $s_{ii}$  e  $s_{ij}$ ) para caracteres da fase vegetativa e agrônômico em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo quatro genitores.

Efeitos ( $s_{ii}$ e $s_{ij}$ ) <sup>(1)</sup>	CARACTERES						
	CH	CE	CPI	NDF	NDM	NV3G	PG
1 x 1	0,0947	-0,0754	-0,2293	-0,5354	1,3447	-1,5193	-0,4780
1 x 2	-0,5153	-0,4304	-0,0126	3,9180	6,9713	1,2707	-0,7796
1 x 3	0,2664	0,3446	-0,0276	2,5430	1,1380	-0,2460	0,2937
1 x 4	0,0597	0,2363	0,4990	-5,3703	-1,7987	2,0140	1,4420
2 x 2	0,0947	0,4246	0,0940	-1,2887	0,9580	-1,6993	0,2187
2 x 3	0,4964	-0,5604	-0,1910	0,0263	-3,5953	2,2040	1,5220
2 x 4	-0,1703	0,1413	0,0157	-1,3670	-5,2920	-0,7060	-1,1796
3 x 3	-0,4220	0,1746	0,0540	-2,7187	0,6313	-0,8727	-0,8546
3 x 4	0,0814	-0,1337	0,1107	2,8680	1,1947	-0,2127	-0,1063
4 x 4	0,0147	-0,1220	-0,3126	1,9347	7,4480	-0,8627	-0,0780

<sup>(1)</sup>1. BRS 511; 2. BRS GO 7560; 3. TMG 801; 4. UFUS Guará. CH: Comprimento do hipocótilo; CE: Comprimento do epicótilo; CPI: Comprimento do primeiro internódio; NDF: Número de dias para o florescimento; NDM: Número de dias para a maturidade; NV3G: Número de vagens com 3 grãos; PG: Produção de grãos.

O efeito da CEC é interpretado como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na CGC de seus progenitores. Assim, baixos valores absolutos de  $s_{ij}$  indicam que os híbridos  $F_1$  entre os progenitores em questão, comportaram-se como o que era esperado com base na capacidade geral de combinação (CGC) dos progenitores, enquanto altos valores absolutos de  $s_{ij}$  demonstram que o comportamento de um cruzamento particular é relativamente melhor ou pior do que se espera com base na CGC dos progenitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os valores de  $s_{ij}$  possuem grande significado genético, tanto seu sinal quanto sua magnitude. O sinal negativo dos  $s_{ij}$ 's, indica a existência de desvios da dominância unidirecionais e, conseqüentemente, a manifestação de heterose positiva nas combinações híbridas de progenitores divergentes. A magnitude de  $s_{ij}$  é um indicativo da divergência genética do progenitor  $i$  em relação à média dos outros progenitores considerados no dialelo. Quanto maior o valor absoluto de  $s_{ij}$ , maior será o efeito da heterose varietal, ou inerente ao cultivar, que é manifestada em todos os seus híbridos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As populações BRS 511 x UFUS GUARÁ e BRS GO 7560 x TMG 801 apresentaram menores estimativas para número de dias para a maturação e maiores estimativas para o número de vagens com 3 grãos e produção de grãos, revelando que as combinações específicas, em relação ao esperado com base no desempenho médio dos parentais (Tabela 6), foi melhor, resultado da dominância e outras ações gênicas não aditivas (IGE et al., 2021). Tais resultados

para essas variáveis indicam que a CEC proporcionou aumento no desempenho da combinação, ou seja, o desempenho da combinação híbrida ocorreu pela presença de genitores que se contrastam para esse caráter, concordando com resultados obtidos por (DARONCH et al., 2014), indicando assim que os genótipos contribuíram para o desenvolvimento de linhagens mais produtivas (ROCHA et al., 2019).

Na Tabela 7 estão as médias dos caracteres de fase vegetativa e reprodutiva, proveniente da análise dialélica envolvendo quatro genitores, onde pode-se identificar as combinações mais promissora. É relevante mencionar que os dois híbridos citados acima também apresentaram as maiores médias. O número de dias para o florescimento e maturação oscilaram respectivamente de 44,15 a 58,28 dias e 101,45 a 126,94 dias. Das progênes obtidas, quatro apresentaram ciclo inferior a 110 dias, indicando a possibilidade de seleção dos genótipos precoces, atualmente uma das principais demandas dos produtores de soja, visando a sucessão de culturas com o cultivo de soja no primeira safra e milho na segunda safra (PEREIRA et al., 2019).

A média do número de vagens com 3 grãos e produção de grãos dos genótipos avaliados variaram de 7,50 a 15,44 e 8,26 e 12,04, respectivamente, distribuídas em dois grupos (Tabela 7), indicando a potencial identificação de progênes superiores para o caráter em questão.

**Tabela 7** – Médias para caracteres da fase vegetativa e agrônômico em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo quatro genitores.

Efeitos	CARACTERES						
	CH	CE	CPI	NDF	NDM	NV3G	PG
1 x 1	3,29 a	3,89 b	2,23 b	44,15 a	106,35 a	7,50 b	8,94 b
1 x 2	2,13 b	4,01b	2,59 a	51,06 a	111,17 a	12,78 b	9,84 b
1 x 3	2,94 a	3,85 b	2,21 b	50,40 a	112,65 a	10,50 b	9,56 b
1 x 4	2,96 a	4,12 b	2,92 a	45,15 a	101,45 a	13,90 a	10,50 a
2 x 2	2,19 b	5,34 a	2,84 a	48,30 a	104,35 a	12,30 b	12,04 a
2 x 3	2,62 a	3,42 b	2,19 b	50,33 a	107,11 a	15,44 a	11,99 a
2 x 4	2,18 b	4,50 a	2,58 a	51,60 a	106,15 a	14,30 a	9,08 b
3 x 3	1,73 b	3,22 b	2,07 b	48,30 a	118,65 b	11,60 b	8,26 b
3 x 4	2,46 b	3,29 b	2,31 b	56,55 b	119,95 b	13,40 b	8,80 b
4 x 4	2,62 a	3,68 b	2,07 b	58,28 b	126,94 b	13,89 a	8,62 b

<sup>(1)</sup>1. BRS 511; 2. BRS GO 7560; 3. TMG 801; 4. UFUS Guará. CH: Comprimento do hipocótilo; CE: Comprimento do epicótilo; CPI: Comprimento do primeiro internódio; NDF: Número de dias para o florescimento; NDM: Número de dias para a maturidade; NV3G: Número de vagens com 3 grãos; PG: Produção de grãos.

Com base nas estimativas de capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC) na geração F<sub>2</sub>, do presente trabalho foi possível identificar combinações híbridas promissoras quanto a precocidade. Assim, com base na CGC de genitores identificou-se que as cultivares BRS GO 7560 e UFUS GUARÁ apresentaram as maiores estimativas em sentido favorável e conseqüentemente, as progênes envolvendo em um dos seus

genitores estas cultivares, apresentaram as maiores estimativas de CEC em sentido favorável e as melhores médias dos caracteres avaliados.

#### **4 CONCLUSÕES**

As cultivares BRS GO 7560 e UFUS GUARÁ são os genitores potenciais para redução de ciclo, aumento no número de vagens e produção de grãos em soja.

Os cruzamentos promissores para caracteres de fase vegetativa e agronômicos foram BRS 511 x UFUS GUARÁ e BRS GO 7560 x TMG 801.

## REFERÊNCIAS

- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. N.; AL BARI, M. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN, M. A. Variability and association analysis of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] for yield and yield attributing traits. **Plant Gene and Trait**, [s.l.], p. 1-11, 2016.
- BALBINOT JUNIOR, A. A.; HIRAKURI, M. H.; FRANCHINI, J. C.; DEBIASI, H.; RIBEIRO, R. H. **Análise da área, produção e produtividade da soja no Brasil em duas décadas (1997-2016)**. Londrina: Embrapa Soja, 2017. 22 p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Soja, ISSN 2178-1680: n. 11).
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F.L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da Soja**. UFV, Viçosa. 2017.
- BI, Y.; LI, W.; XIAO, J.; LIN, H.; LIU, M.; LIU, M.; LUAN, X.; ZHANG, B.; XIE, X.; GUO, D.; LAI, Y. Heterosis and combining ability estimates in isoflavone content using different parental soybean accessions: Wild soybean, a valuable germplasm for soybean breeding. **Plos One**, [s.l.], p. 1-13, 2015.
- CAPONE, A.; SANTOS, E. R.; SANTOS, A. F.; DARIO, A. S.; BARROS, H. B. Produtividade e qualidade de sementes de genótipos de soja para alimentação humana introduzidos em Tocantins, na entressafra. **Nucleus**, Ituverava, v. 15, n. 1, p. 71-84, 2018.
- CRUZ, M. F. A.; SOUZA, G. A.; RODRIGUES, F. A.; SEDIYAMA, C. S.; BARROS, E. G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 2, p. 215-218, 2011.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p., v. 1.
- CRUZ, C. D. Programa Genes - Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. **Acta Scientiarum, Agronomy**, Maringá, v.38, n.4, pp.547-552, 2016.
- DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de soja em F<sub>2</sub>, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, n. 2, p. 688-695, 2014.
- EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil em 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 266 p. 2013.
- GERHARDT, I. F. S.; AMARAL JUNIOR, A. T.; PENNA, G. F.; GUIMARÃES, L. J. M.; LIMA, V. J.; VIVAS, M.; SANTOS, P. H. A. D.; FERREIRA, F. R. A.; FREITAS, M. S. M.; KAMPHORST, S. H. Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. **PloS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 5, 2019.
- GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956.

IGE, G. O.; CHIGEZA, G.; CHANDER, S.; ABUSH, A. T.; OJO, D. K.; AKORODA, M. Genetic Assessment of Combining Ability for Seed-Yield and Its Related Traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Legume Research-An International Journal**, [s.l.], v. 1, p. 5, 2021.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F<sub>8</sub> de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v.7, n.3, p.302-310, 2016.

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

MEOTTI, G. V.; BENIN, G.; SILVA, R. R.; BECHE, E.; MUNARO, L. B. Épocas de semeadura e desempenho agrônômico de cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 47, p. 14-21, 2012.

PAINKRA, P.; NAG, S. K.; KHUTE, I., Identification of Best Combiners for Soybean Improvement at Chhattisgarh Plains. **International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences**, [s.l.], v. 6, p. 478-482, 2017.

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F. Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F<sub>2</sub> generation. **Agrarian**, [s.l.], v. 12, n. 45, p. 286-295, 2019.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012.

ROCHA, F. D.; 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**, Fortaleza, v. 45, p. 74-81, 2014.

ROCHA, M. R. D.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JUNIOR, C. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 43, 2019.

TAVEIRA, A. C. **Análise dialélica em populações F<sub>2</sub> de soja para caracteres fisiológicos e agrônômicos**. 2021. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Chapadão do Sul, 2021.

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAIO, F. H. R.; GAVA, R.; SILVA JUNIOR, C. A.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. **PloS ONE**, [s.l.], v. 14, n. 5, 2019.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. 2021. Disponível em: <http://www.usda.gov>. Acesso em 16 nov. 2021.

VALE, N.M.; BARILI, L.D.; OLIVEIRA, H.M.; CARNEIRO, J.E.S.; CARNEIRO, P.C.S.; SILVA, F.L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015.

VIANA, J. M. S. Heterosis and combining ability analyses from the partial diallel. **Bragantia**, Campinas, v.66, p.641-647, 2007.

WOODWORTH, C. M. Inheritance of cotyledons, seed-coat, hilum and pubescence colors in soy-bean. **Genetics**, Bethesdam, v. 6, p. 487-553, 1921.

### CAPÍTULO III

## PARÂMETROS GENÉTICOS E DISSIMILARIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES F<sub>4</sub> E RCF<sub>3</sub> DE SOJA

### RESUMO

No cenário econômico brasileiro, o agronegócio tem grande importância, sendo a soja, o principal produto de exportação. O Brasil, maior produtor mundial da cultura, ocupa posição de destaque mercado internacional com produção de 135,86 milhões de toneladas na safra 2020/2021. Estima-se que a produtividade de grãos da soja brasileira tenha aumentado mais de 200% desde as primeiras cultivares produzidas na década de 1960, resultado da atuação dos programas de melhoramento no desenvolvimento de novas cultivares a partir da variabilidade genética existente no germoplasma brasileiro. Diante disto, o objetivo deste trabalho foi analisar a divergência genética entre genótipos de soja em F<sub>4</sub> e RCF<sub>3</sub> com caracteres fenotípicos e agrônômicos, por diferentes métodos de caracterização da diversidade genética e indicar genótipos favoráveis para o programa de melhoramento genético de soja da UFU. O experimento foi conduzido em condição de casa de vegetação, da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na área experimental da Fazenda do Glória, Uberlândia-MG. Foram semeadas 32 progênies de soja em geração F<sub>4</sub> e 17 progênies RCF<sub>3</sub>, originadas da hibridação entre BRS 7380RR e TMG 1179 RR juntamente com os dois parentais mais a cultivar BMX Desafio RR, totalizando 52 tratamentos em delineamento de blocos casualizados (DBC), com quatro repetições. Os caracteres avaliados foram: comprimento do hipocótilo (CH); comprimento do epicótilo (CE); comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CP); comprimento do primeiro internódio (CPI); altura da planta no florescimento (APF); altura de planta na maturação (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIPV); número de nós no florescimento (NNF) e maturação (NNM); número de dias para o florescimento (NDF) e maturação (NDM); número de vagens com 1 grão (NV1G), com 2 grãos (NV2G) e 3 grãos (NV3G); número de vagens total (NTV); produção de grãos (PG); número de sementes por vagem (NSV). Os genótipos apresentaram divergência genética entre si pelos métodos da ligação média intragrupo, agrupamento de Tocher e componentes principais. Os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética foi o número de dias para o florescimento, o número de nós na haste principal no florescimento, a produção de grãos e o comprimento do hipocótilo, cujas estimativas pelo critério de Singh (S.j.) (1981) superou 9%. Considerando a divergência genética e os genótipos precoces e ainda com elevado número de vagens de três grãos e produção de grão foi possível indicar as combinações: BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 e BMX Desafio RR x UFU 25.

**Palavras-chave:** diversidade genética; *Glycine max*; população segregante.

## SELECTION OF GENOTYPES AND GENETIC PARAMETERS OF THE F<sub>4</sub> AND RCF<sub>3</sub> SOYBEAN POPULATION.

### ABSTRACT

In the Brazilian economic scenario, agribusiness is of great importance, with soy being the main export product. Brazil, the world's largest producer of the crop, occupies a prominent position in the international market with production of 135.86 million tons in the 2020/2021 harvest. It is estimated that Brazilian soybean grain yield has increased by more than 200% since the first cultivars produced in the 1960s, as a result of the performance of improvement programs in the development of new cultivars based on the genetic variability existing in Brazilian germplasm. Therefore, the objective of this work was to analyze the genetic divergence between F<sub>4</sub> and RCF<sub>3</sub> soybean genotypes with phenotypic and agronomic characters, by different methods of characterization of genetic diversity and to indicate favorable genotypes for the UFU soybean breeding program. The experiment was carried out in a greenhouse condition, at the Federal University of Uberlândia, located in the experimental area of Fazenda do Glória, Uberlândia-MG. 32 soybean progenies were sown in F<sub>4</sub> generation and 17 RCF<sub>3</sub> progenies, originated from the hybridization between BRS 7380RR and TMG 1179 RR together with the two parents plus the cultivar BMX Desafio RR, totaling 52 treatments in a randomized block design, with four repetitions. The characters evaluated were: hypocotyl length (HL); epicotyl length (EL); length of the petiole of the first trifoliolate leaf (LP); length of the first internode (LFI); plant height at flowering (PHF); plant height at maturity (PHM); height of first pod insertion (HFPI); number of nodes at flowering (NNF) and maturation (NNM); number of days to flowering (NDF) and maturation (NDM); number of pods with 1 grain (NP1G), with 2 grains (NP2G) and 3 grains (NP3G); total number of pods (TNP); grain production (GP); number of seeds per pod (NSP). The genotypes showed genetic divergence from each other by means of intragroup mean linkage, Tocher grouping and principal components. The characters that most contributed to genetic diversity were the number of days to flowering, the number of nodes in the main stem at flowering, grain yield and hypocotyl length, which were estimated by the criterion of Singh (Sj) (1981) surpassed 9%. Considering the genetic divergence and the early genotypes and still with a high number of three-grain pods and grain yield, it was possible to indicate the combinations: BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 and BMX Challenge RR x UFU 25.

**Keywords:** genetic diversity; *Glycine max*; segregating population.

## 1 INTRODUÇÃO

No cenário econômico brasileiro, o agronegócio tem grande importância, sendo a soja, [*Glycine max* (L.) Merrill], o principal produto de exportação (PEREIRA; NASCIMENTO, 2017). O Brasil ocupa posição de destaque no mercado internacional da cultura, sendo o maior produtor mundial, com uma produção de 135,86 milhões de toneladas na safra 2020/21, responsável por 56% de todas as exportações mundiais do produto (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB, 2021).

Estima-se que a produtividade de grãos da soja brasileira tenha aumentado mais de 200% desde as primeiras cultivares produzidas na década de 1960, com produtividade de 1.089 kg ha<sup>-1</sup>, até as atuais, que atingiram uma média nacional de 3.359 kg ha<sup>-1</sup> na safra 2020/21 (CONAB, 2021). Reflexo dos avanços dos programas de melhoramento genético, obtidos por um conjunto de tecnologias de produção e desenvolvimento de novas cultivares que têm sido oferecidas aos produtores de soja (HOLTZ et al., 2019).

Os programas de melhoramento genético da soja são responsáveis pelo desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com características de resistência a estresses bióticos e abióticos e maior produtividade de grãos com ampla adaptação e estabilidade (SPEHAR et al., 2014). Segundo Todeschine (2018) a contribuição do melhoramento genético para a produtividade de grãos em soja foi de aproximadamente 40 kg ha<sup>-1</sup> ano<sup>-1</sup> entre as cultivares produzidas ao longo dos últimos 45 anos.

O sucesso dos programas de melhoramento genético está intimamente ligado a existência de variabilidade genética. Combinações híbridas com maior divergência genética são obtidas a partir do cruzamento de cultivares superiores e divergentes, possibilitando a formação de uma população segregante promissora (RODRIGUES et al., 2017). Determinar a divergência genética entre as populações através de estudos sobre a dissimilaridade entre os genitores é essencial segundo Rodrigues et al. (2017).

A avaliação da divergência genética tem sido feita por meio de processos preditivos, a partir de medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamento (hierárquicos e de otimização), componentes principais e variáveis canônicas de métodos multivariados, podendo ser baseados em avaliações fenotípicas, marcadores bioquímicos e moleculares (GOVINDARAJ et al., 2015; ODA et al., 2015).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi analisar a divergência genética entre genótipos de soja em F<sub>4</sub> e RDF<sub>3</sub> através de caracteres fenotípicos e agrônômicos, através de diferentes métodos de caracterização da diversidade genética e indicar genótipos favoráveis para o programa de melhoramento genético de soja da UFU.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em condição de casa de vegetação, da Universidade Federal de Uberlândia, localizada na área experimental da Fazenda do Glória, Uberlândia-MG, cujas coordenadas geográficas são latitude 18° 56' 41,9''S, longitude 48° 12' 50,6''W e altitude de 885 m. O trabalho foi conduzido na safra 2020/21, entre o período de dezembro/2020 a abril/2021.

Foram selecionadas 32 progênies de soja em geração F<sub>4</sub> (Codificadas de UFU 1 a UFU 32) e 17 progênies RCF<sub>3</sub> (Codificadas de UFU 33 a UFU 49), originadas da hibridação entre BRS 7380RR e TMG 1179 RR e os retrocruzamentos desenvolvidas no Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, juntamente com os dois parentais mais a testemunha BMX Desafio RR. Na Tabela 1, são apresentadas as principais características dos parentais BRS 7380 RR e TMG 1179 RR desenvolvidas pela Embrapa e pela Tropical Melhoramento Genético, respectivamente.

**Tabela 1** – Cultivares selecionadas para compor o bloco de cruzamentos e suas características.

<b>CULTIVAR</b>	<b>Instituição de origem</b>	<b>Cor de Flor</b>	<b>Tipo de Crescimento</b>	<b>Ciclo</b>
BRS 7380 RR	Embrapa Tropical	Branca	Indeterminado	Superprecoce
TMG 1179 RR	Melhoramento Genético	Roxa	Determinado	Semi precoce

Os vasos utilizados possuíam 3 dm<sup>3</sup> e foram preparados com 2/3 do volume total de solo e 1/3 de do volume total de matéria orgânica. Foi realizada adubação em semeadura e em cobertura, 35 dias após a semeadura. Na adubação de semeadura foram aplicados o equivalente a 20 kg de N ha<sup>-1</sup>, 120 kg de P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> ha<sup>-1</sup> e 80 kg de K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup> e na adubação de cobertura 50 kg K<sub>2</sub>O ha<sup>-1</sup>.

No dia 29/12/2020 foram semeadas 5 sementes por vaso em profundidade de 3 cm. Ao atingirem o estágio V<sub>1</sub> (FEHR; CAVINESS, 1977) foi feito o desbaste e mantido 2 plantas por vaso. A irrigação foi realizada 2 duas vezes ao dia, o controle das plantas daninhas foi feito manualmente com o desbaste, quando necessário e as pragas e doenças foram controladas com a aplicação conforme recomendação técnica da cultura (EMBRAPA, 2013).

Foram aplicados os inseticidas comerciais Espiromesifeno (240 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,4 L ha<sup>-1</sup>, Abamectina (72 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,25 L ha<sup>-1</sup> e Acetamiprido (200 g L<sup>-1</sup>) e Piriproxifem (100 g L<sup>-1</sup>) na dose de 0,15 L ha<sup>-1</sup>, de acordo com a necessidade.

Foram realizadas avaliações agronômicas nas plantas individualmente a fim de se identificar os genótipos mais promissores para prosseguir no processo de melhoramento. Realizaram-se as seguintes avaliações:

- Comprimento de Hipocótilo (CH): comprimento medido com auxílio de uma régua, onde determinou-se a distância entre a superfície do solo até o nó de inserção dos cotilédones no estágio  $V_2$ ;
- Comprimento de Epicótilo (CE): comprimento medido com auxílio de uma régua, onde determinou-se a distância entre o nó cotiledonar até o primeiro par de folhas, em  $V_3$ ;
- Comprimento do Pecíolo da Primeira Folha Trifoliolada (CP): com auxílio de uma régua determinou-se o tamanho da estrutura do pecíolo que prende o primeiro trifólio ao caule no estágio  $V_3$ ;
- Comprimento do Primeiro Internódio (CPI): com auxílio de uma régua determinou-se a distância entre o nó de inserção das folhas unifoliolada e o nó da inserção do primeiro trifólio no estágio  $V_3$ ;
- Altura de Planta no Florescimento (APF): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, no florescimento ( $R_1$ );
- Altura de Planta na Maturação (APM): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade ( $R_8$ );
- Altura da Inserção da Primeira Vagem (AIPV): Altura medida em centímetros, com auxílio de régua, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- Número de Nós no Florescimento (NNF): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento ( $R_1$ );
- Número de Nós na Maturação (NNM): Obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade ( $R_8$ );
- Número de Dias para o Florescimento (NDF): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência ( $V_E$ ) e a data em que 50% da parcela-se com pelo menos uma flor aberta na haste principal ( $R_1$ );
- Número de Dias para a Maturação (NDM): Compreendeu o número de dias entre a data de emergência ( $V_E$ ) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo ( $R_8$ );

- Número de Vagens com 1 Grão (NV1G): Obtida pela contagem do número de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens com 2 Grãos (NV2G): Obtida pela contagem do número de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens com 3 Grãos (NV3G): Obtida pela contagem do número de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
- Número de Vagens Totais (NVT): Obtida pela contagem do número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
- Produção de Grãos (PG): Após a colheita, a parcela útil foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida foi mensurada sua massa, em balança digital com quatro casas decimais.
- Número de Sementes por Vagem (NSV): após a colheita e contagem, foi feita a média de sementes dividindo a quantidade de sementes obtida, pela quantidade de vagens obtida.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (CRUZ, 2016). Para a estimativa de divergência genética entre os genótipos utilizou-se a medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis de onde partiram os métodos aglomerativos e variáveis canônicas de estudo da divergência. A matriz de dissimilaridade genética foi obtida a partir da distância generalizada de Mahalanobis estimada para cada par de genótipos. Com base na equação a seguir:

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

Em que:

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

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

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

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

A partir da matriz de dissimilaridade realizou-se o agrupamento dos genótipos em dendrogramas baseados em quatro métodos hierárquicos: ligação simples (vizinho mais próximo), ligação completa (vizinho mais distante), ligação média entre grupo (UPGMA) e método de WARD.

Em seguida procedeu-se o agrupamento pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962). Foi estabelecido o primeiro grupo, composto pelos genótipos cujas medidas de

dissimilaridade eram menores, então a inclusão de outros genótipos ao grupo foi determinada pela equação:

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

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

Em que:

n: número de genótipos do grupo original;

$\theta$ : nível máximo permitido pré-estabelecido da medida da dissimilaridade.

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

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

Na sequência, a fim de avaliar o padrão de agrupamento em um plano cartesiano, foram realizadas as análises de variáveis canônicas e dispersão dos genótipos em gráfico tridimensional. Utilizaram-se nessa análise as matrizes de variância e covariância fenotípicas e residuais entre os caracteres (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). A análise da contribuição relativa de cada caráter para a diversidade genética foi estimada pelo critério de Singh (1981).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância detectou-se efeitos significativos pelo teste F, para todos as características avaliadas, com exceção dos caracteres altura da inserção da primeira vagem, número de nós na haste principal na maturidade e número total de vagens (Tabela 2), evidenciando a existência de variabilidade genética entre os genótipos, indispensável para o sucesso dos programas de melhoramento genético da soja.

**Tabela 2** – Teste F, coeficiente de variação (CV) e herdabilidade de 52 genótipos de soja para caracteres de fase vegetativa e reprodutiva.

Caracteres	Teste F	CV (%)	h <sup>2</sup> (%)
Comprimento do hipocótilo	3,17**	17,69	68,53
Comprimento do epicótilo	3,70**	15,90	72,95
Comprimento do primeiro internódio	2,43**	17,38	58,92
Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada	2,46**	19,86	59,35
Número de dias para o florescimento	4,62**	5,32	78,36
Número de dias para a maturidade	2,28**	4,25	56,13
Altura da planta no florescimento	1,51*	30,37	33,96
Altura de plantas na maturidade	2,11**	23,90	52,61
Altura de inserção da primeira vagem	1,13 <sup>ns</sup>	31,53	11,26
Número de nós na haste principal no florescimento	2,96**	14,23	66,26
Número de nós na haste principal na maturidade	1,01 <sup>ns</sup>	15,77	1,03
Número de vagens com um grão	1,76**	44,26	43,40
Número de vagens com dois grãos	2,22**	45,84	54,85
Número de vagens com três grãos	1,49*	51,48	32,75
Número total de vagens	1,23 <sup>ns</sup>	36,15	19,30
Produtividade de grãos	1,79**	27,77	43,97
Número de sementes por vagem	2,27**	9,71	56,05

\*\* e \* significativo pelo teste F a 1 e 5% respectivamente; <sup>ns</sup>: não significativo. Fonte: Autor.

O coeficiente de variação (CV%), variou entre 4,25% para o número de dias para a maturidade a 51,48% para o número de vagens com três grãos. Corroborando com os resultados obtidos por Leite et al. (2016), onde encontraram valores altos de CV para componentes de produção, uma vez que são altamente influenciados pelo ambiente, pois são de natureza quantitativa e governados por muitos genes (LEITE et al., 2015).

Um dos parâmetros mais importantes para o melhoramento genético que identifica qual a porcentagem da variabilidade fenotípica causada pelos efeitos genotípicos é a herdabilidade (h<sup>2</sup>), uma vez que exclui os efeitos ambientais, permitindo maior acurácia na seleção de indivíduos. São classificadas como estimativas de h<sup>2</sup> de alta magnitude, aquelas maiores ou iguais a 70% (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). As estimativas obtidas nesse estudo

oscilaram de baixas a altas, oscilando de 1,03% a 78,36% respectivamente para número de nós na haste principal na maturidade e número de dias para o florescimento (Tabela 2). Os componentes de produção e produção de grãos tiveram estimativas medianas.

As médias dos genótipos foram agrupados pelo teste Scott Knott (Tabela 3), permitindo permite avaliar o potencial de cada um quanto aos seus caracteres. Em relação aos caracteres da fase vegetativa notou-se a constituição de dois grupos, sendo que o comprimento do hipocótilo oscilou de 1,46 a 3,63 cm. Alves et al. (2019) também notaram variabilidade genética para comprimento do hipocótilo em soja, destacando esse caráter como uma possibilidade de ampliação de descritores em soja.

**Tabela 2** – Média de caracteres da fase vegetativa e reprodutiva em 52 genótipos de soja.

Genótipos	CH	CE	CP	CPI	NDF	NDM	APF	APM	NNF	NNM	AIPV	NV1G	NV2G	NV3G	NVT	PROD	NSV
1	2,56 b	3,51 b	5,38 a	1,83 b	50,50 b	109,63 b	34,94 a	40,00 b	9,50 a	11,75 a	16,84 a	3,75 a	20,50 a	16,50 b	40,75 a	12,41 a	2,30 b
2	2,33 b	3,49 b	6,60 a	1,88 a	49,50 a	103,50 a	40,58 a	53,25 a	11,88 a	14,75 a	27,50 a	4,00 a	20,50 a	23,25 a	48,25 a	14,14 a	2,39 a
3	2,60 b	2,79 b	4,70 b	2,11 a	54,25 b	108,50 b	52,25 a	62,00 a	10,75 a	13,63 a	20,31 a	3,00 a	6,75 b	20,75 a	31,00 a	9,22 b	2,55 a
4	2,16 b	2,98 b	5,31 a	1,54 b	54,25 b	107,50 b	39,50 a	50,63 a	10,63 a	13,13 a	18,75 a	2,50 a	10,00 b	22,00 a	34,75 a	11,08 b	2,56 a
5	3,28 a	4,51 a	4,36 b	1,73 b	49,00 a	103,38 a	26,63 a	35,44 b	7,25 b	11,50 a	11,46 a	3,75 a	10,25 b	16,25 b	30,25 a	8,59 b	2,50 a
6	2,66 b	4,25 a	4,50 b	1,68 b	53,75 b	107,38 b	30,08 a	44,00 b	8,13 b	12,38 a	17,88 a	1,75 a	8,00 b	12,50 b	22,25 a	7,05 b	2,44 a
7	2,23 b	4,38 a	5,46 a	1,68 b	54,00 b	99,88 a	33,05 a	38,19 b	8,38 b	13,50 a	15,33 a	3,25 a	19,50 a	23,50 a	46,25 a	9,77 b	2,45 a
8	3,40 a	4,43 a	5,85 a	1,51 b	46,63 a	107,75 b	29,34 a	33,06 b	8,13 b	11,13 a	13,20 a	4,50 a	28,25 a	16,25 b	49,00 a	14,64 a	2,22 b
9	2,89 a	4,05 a	6,00 a	1,63 b	45,50 a	102,38 a	28,39 a	46,25 b	7,38 b	12,25 a	13,48 a	1,50 a	13,00 b	23,75 a	38,50 a	12,17 a	2,57 a
10	2,35 a	3,54 b	4,84 b	1,93 a	51,00 b	108,00 b	46,06 a	56,29 a	11,13 a	13,88 a	19,88 a	3,50 a	15,00 b	33,25 a	51,75 a	15,35 a	2,56 a
11	2,94 b	3,83 b	4,60 b	1,35 b	55,50 b	108,13 b	25,44 a	38,50 b	8,13 b	10,63 a	14,19 a	1,50 a	8,50 b	15,50 b	26,25 a	7,40 b	2,49 a
12	2,98 a	3,79 b	6,98 a	1,74 b	53,38 b	107,75 b	44,69 a	58,88 a	10,88 a	14,63 a	17,90 a	2,00 a	12,25 b	30,00 a	45,50 a	12,79 a	2,55 a
13	3,63 a	4,29 a	4,79 b	1,83 a	47,38 a	105,25 b	37,25 a	48,63 a	8,25 b	12,50 a	16,13 a	2,50 a	7,25 b	17,75 b	27,75 a	10,34 b	2,51 a
14	2,54 b	3,39 b	4,20 b	1,48 b	52,75 b	113,38 b	34,88 a	46,19 b	10,25 a	13,50 a	16,25 a	0,50 a	9,75 b	29,25 a	40,25 a	13,25 a	2,66 a
15	2,55 b	3,51 b	4,34 b	1,94 a	49,38 a	105,88 b	28,84 a	35,63 b	8,75 b	11,88 a	15,10 a	1,50 a	11,25 b	12,75 b	25,50 a	9,83 b	2,44 a
16	2,88 a	3,86 b	6,86 a	2,30 a	53,38 b	107,50 b	34,25 a	36,06 b	9,00 b	11,50 a	12,80 a	9,50 a	17,25 a	13,00 b	39,75 a	9,45 b	2,07 b
17	2,85 a	4,48 a	5,83 a	1,96 a	45,13 a	101,75 a	28,19 a	37,13 b	7,25 b	12,00 a	13,99 a	4,25 a	14,75 b	13,00 b	32,00 a	8,04 b	2,28 b

**Continuação Tabela 3...**

18	2,78 a	4,03 a	5,45 a	1,91 a	49,75 a	113,00 b	30,06 a	38,75 b	8,75 b	11,00 a	18,31 a	4,75 a	9,25 b	10,25 b	24,25 a	7,94 b	2,23 b
19	2,46 b	3,15 b	3,61 b	1,35 b	52,38 b	108,25 b	39,81 a	54,19 a	9,25 b	12,38 a	16,25 a	1,25 a	10,25 b	17,00 b	28,75 a	8,85 b	2,55 a
20	2,86 a	4,83 a	5,93 a	2,33 a	48,75 a	107,25 b	28,34 a	54,19 a	9,13 b	12,25 a	15,29 a	9,50 a	15,50 a	17,50 b	42,50 a	13,83 a	2,23 b
21	2,49 b	4,24 a	6,51 a	1,99 a	54,38 b	108,50 b	43,25 a	47,25 b	10,25 a	13,13 a	19,49 a	5,75 a	23,00 a	17,50 b	46,25 a	12,09 a	2,25 b
22	3,41 a	5,08 a	5,54 a	2,28 a	50,00 a	108,25 b	34,26 a	53,69 a	8,50 b	11,38 a	19,25 a	2,50 a	12,75 b	9,25 b	24,50 a	10,05 b	2,31 b
23	2,73 b	4,54 a	5,00 b	2,25 a	49,25 a	104,38	34,63 a	46,13 b	9,00 b	13,13 a	14,41 a	1,75 a	9,50 b	20,50 a	31,75 a	10,95 b	2,61 a
24	3,08 a	3,23 b	6,08 a	1,93 a	51,50 b	107,38 b	45,06 a	56,00 a	10,50 a	13,13 a	18,54 a	1,25 a	8,25 b	23,25 a	33,00 a	12,44 a	2,68 a
25	3,19 a	5,45 a	5,18 b	2,14 a	53,63 b	99,88 a	38,88 a	41,06 b	9,13 b	11,75 a	16,56 a	6,50 a	22,00 a	11,00 b	39,50 a	11,01 b	2,17 b
26	2,56 b	3,91 b	4,83 b	2,01 a	52,50 b	109,63 b	41,69 a	54,25 a	10,25 a	12,75 a	16,69 a	2,75 a	13,25 b	30,00 a	46,00 a	10,96 b	2,60 a
27	2,23 b	3,88 b	4,89 b	1,68 b	52,00 b	111,00 b	38,70 a	43,56 b	9,63 a	12,50 a	14,49 a	4,00 a	15,75 a	15,00 b	35,25 a	10,80 b	2,28 b
28	2,48 b	3,48 b	6,48 a	2,18 a	52,25 b	104,13 a	42,16 a	49,81 a	11,13 a	13,63 a	16,63 a	3,25 a	16,50 a	25,50 a	45,50 a	13,55 a	2,46 a
29	3,45 a	4,90 a	5,86 a	1,80 b	54,13 b	111,88 b	42,96 a	57,38 a	9,25 b	11,75 a	19,40 a	2,00 a	10,00 b	17,25 b	29,50 a	10,15 b	2,56 a
30	3,24 a	3,60 b	4,80 b	1,55 b	54,25 b	107,50 b	36,69 a	54,31 a	8,75 b	13,25 a	18,71 a	3,00 a	8,75 b	24,00 a	35,75 a	9,54 b	2,63 a
31	1,46 b	2,49 b	4,60 b	1,89 a	44,50 a	108,25 b	26,06 a	44,75 b	8,25 b	12,63 a	11,63 a	5,75 a	26,00 a	20,00 a	51,75 a	16,89 a	2,28 b
32	2,23 b	3,38 b	4,78 b	1,93 a	46,50 a	101,00 a	31,29 a	49,31 a	11,00 a	13,13 a	17,20 a	5,25 a	16,25 a	23,75 a	45,25 a	11,85 a	2,41 a
33	2,55 b	3,31 b	3,95 b	1,65 b	52,88 b	107,50 b	35,69 a	47,69 b	10,00 a	12,75 a	15,44 a	1,50 a	13,75 b	22,75 a	38,25 a	10,13 b	2,56 a
34	2,75 b	4,36 a	5,09 b	1,73 b	53,13 b	97,63 a	39,51 a	41,19 b	9,00 b	11,75 a	17,10 a	3,50 a	27,00 a	14,25 b	44,75 a	10,31 b	2,25 b
35	2,44 b	4,00 a	5,91 a	1,61 b	52,50 b	108,38 b	41,25 a	47,00 b	9,88 a	11,75 a	16,88 a	3,00 a	16,75 a	22,25 a	42,25 a	11,84 a	2,44 a
36	1,86 b	3,65 b	4,83 b	1,99 a	51,00 b	106,13 b	30,31 a	34,50 b	9,50 a	12,25 a	12,63 a	3,25 a	21,50 a	18,75 b	43,50 a	13,21 a	2,34 b
37	2,54 b	4,20 a	5,86 a	2,26 a	48,00 a	105,63 b	31,55 a	49,50 a	8,25 b	13,13 a	20,13 a	3,00 a	15,50 a	17,75 b	36,50 a	12,12 a	2,37 a
38	3,15 a	3,85 b	4,40 b	1,55 b	52,50 b	99,13 a	36,88 a	40,81 b	9,50 a	11,00 a	15,61 a	3,00 a	18,50 a	11,50 b	33,25 a	9,50 b	2,22 b
39	2,31 b	3,78 b	4,09 b	1,71 b	46,88 a	101,75 a	29,19 a	40,19 b	8,13 b	11,88 a	14,31 a	7,50 a	19,75 a	7,50 b	35,50 a	11,38 b	1,98 b
40	2,35 b	3,40 b	4,33 b	1,35 b	53,00 b	107,63 b	31,29 a	54,19 a	9,00 b	10,50 a	13,13 a	3,75 a	19,00 a	13,50 b	36,25 a	8,80 b	2,28 b
41	2,26 b	3,16 b	5,63 a	1,96 a	54,25 b	106,00 b	39,31 a	67,25 a	10,00 a	13,88 a	19,80 a	6,50 a	14,50 b	21,00 a	42,75 a	13,38 a	2,21 b
42	2,66 b	4,48 a	4,76 b	1,99 a	53,38 b	110,50 b	36,06 a	40,00 b	9,50 a	12,88 a	16,13 a	5,00 a	16,25 a	20,25 a	42,00 a	10,93 b	2,28 b
43	2,31 b	3,51 b	3,89 b	1,90 a	49,38 a	102,25 a	26,11 a	41,00 b	8,63 b	11,75 a	13,49 a	7,50 a	16,25 a	11,50 b	35,25 a	8,70 b	2,13 b
44	2,44 b	3,75 b	4,79 b	1,69 b	53,00 b	106,75 b	51,88 a	61,50 a	10,88 a	13,50 a	17,23 a	3,50 a	14,00 b	24,50 a	42,50 a	13,30 a	2,46 a

**Continuação Tabela 3...**

45	2,63 b	3,93 b	5,58 a	1,73 b	53,00 b	104,00 a	35,81 a	46,81 b	8,88 b	11,50 a	17,21 a	2,75 a	16,25 a	14,75 b	33,75 a	9,22 b	2,46 a
46	2,50 b	3,01 b	4,45 b	1,78 b	50,75 b	105,75 b	37,19 a	51,38 a	9,00 b	12,38 a	16,53 a	0,50 a	15,75 a	23,00 a	39,75 a	10,64 b	2,53 a
47	2,64 b	3,83 b	5,51 a	1,71 b	50,88 b	107,75 b	34,63 a	42,44 b	9,50 a	12,38 a	15,64 a	7,00 a	17,75 a	24,00 a	48,75 a	10,78 b	2,32 b
48	3,16 a	4,18 a	6,56 a	1,61 b	49,38 a	106,75 b	32,06 a	41,75 b	9,38 a	11,00 a	15,78 a	10,75 a	11,50 b	23,25 a	48,00 a	12,39 a	2,08 b
49	2,81 a	3,54 b	5,16 b	1,90 a	53,25 b	111,88 b	42,13 a	54,25 a	10,88 a	14,00 a	15,84 a	2,50 a	10,50 b	25,75 a	39,00 a	12,98 a	2,60 a
BRS 7380RR	3,04 a	4,53 a	4,49 b	2,13 a	49,00 a	103,38 a	29,75 a	42,94 b	8,00 b	12,38 a	15,69 a	11,25 a	14,50 b	22,00 a	48,00 a	10,57 b	2,21 b
TMG 1179RR	2,36 b	3,85 b	4,56 b	1,73 b	54,00 b	106,75 b	35,81 a	39,13 b	9,50 a	12,13 a	14,86 a	6,25 a	12,00 b	17,25 b	35,50 a	10,63 b	2,29 b
BMX Desafio RR	3,19 a	4,49 a	5,33 a	2,00 a	44,00 a	104,25 a	21,94 a	35,09 b	6,75 b	12,00 a	13,56 a	4,00 a	18,25 a	8,00 b	30,50 a	10,81 b	2,07 b

CH: comprimento do hipocótilo; CE: Comprimento do epicótilo; CP: Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada; CPI: Comprimento do primeiro internódio; NDF: Número de dias para o florescimento; APF: Altura da planta no florescimento; APM: Altura de planta na maturação; AIPV: Altura da inserção da primeira vagem; NNF: Número de nós no florescimento; NNM: Número de nós na maturação; NV1G: Número de vagens com 1 grão; NV2G: Número de vagens com 2 grãos; NV3G: Número de vagens com 3 grãos; NVT: Número de vagens total; PROD: Produtividade de grãos; NSV: Número de sementes por vagem.

Em relação ao comprimento do epicótilo, as médias variaram de 2,49 cm a 5,45 cm, cujos genótipos constituíram dois grupos, corroborando com estudos de Gontijo et al. (2021) que também constataram variabilidade genética para comprimento de epicótilo em pesquisas envolvendo cultivares de soja.

O comprimento do pecíolo também tem sido destacado por pesquisadores de soja, como um possível descritor capaz de diferenciar genótipos de soja (MATSUO et al., 2012). Neste estudo, as médias dos genótipos variaram entre 3,61 e 6,98 cm (Tabela 3). O comprimento do primeiro internódio variou de 1,35 a 2,33 cm (Tabela 3).

Quanto maior o tempo necessário para completar seu ciclo, maior é a exposição do genótipo aos fatores bióticos e abióticos do ambiente. Assim, cultivares precoces, tendem a ter uma menor exposição ao ataque de pragas e doenças, mantendo maior produtividade de grãos (ROCHA et al., 2015). Observou-se a formação de três grupos para o número de dias para o florescimento (NDF), cujas médias oscilaram de 44,0 a 55,5 dias. Na atualidade há uma demanda maior por cultivares de ciclo precoce, para escapar de doenças de final de ciclo, como também o cultivo de milho safrinha (TEIXEIRA et al., 2017). Para o número de dias para a maturação (NDM) formaram-se dois grupos de 97,63 a 113,38 dias.

Avaliando a 37 genótipos de soja em no município de Uberlândia, Minas Gerais, no ano de 2016, Teixeira et al. (2017) relataram a oscilação de 101 a 121 dias para a maturação, corroborando com os resultados obtidos.

Considerado a principal característica de interesse dos programas de melhoramento genético da soja, a produtividade de grãos (PROD) alocou os genótipos em dois grupos, variando 7,05 a 16,89 para os genótipos UFU 6 e UFU 31, respectivamente e de acordo com a Tabela 3, 25 genótipos obtiveram resultados superiores à testemunha. Genótipos com menores produtividade de grãos apresentaram também menor número de vagens total (NVT) e menor número de sementes por vagem (NSV). As principais características agrônômicas da soja são classificadas como quantitativas, sendo assim a seleção de progênes superiores torna-se um desafio. Uma grande amplitude entre a produtividade de grãos foi observada por outros autores (LEITE et al., 2016; TEIXEIRA et al., 2017; VAL et al., 2017)

A contribuição relativa (SJ) de cada um dos 15 caracteres de fase vegetativa e reprodutiva para a divergência genética entre os 52 genótipos de soja, conforme proposto por Singh (1981) pode ser observada na Tabela 4.

**Tabela 4** – Contribuição relativa de caracteres fase vegetativa e reprodutiva em 52 genótipos de soja, conforme critério de Singh (S.j.) (1981).

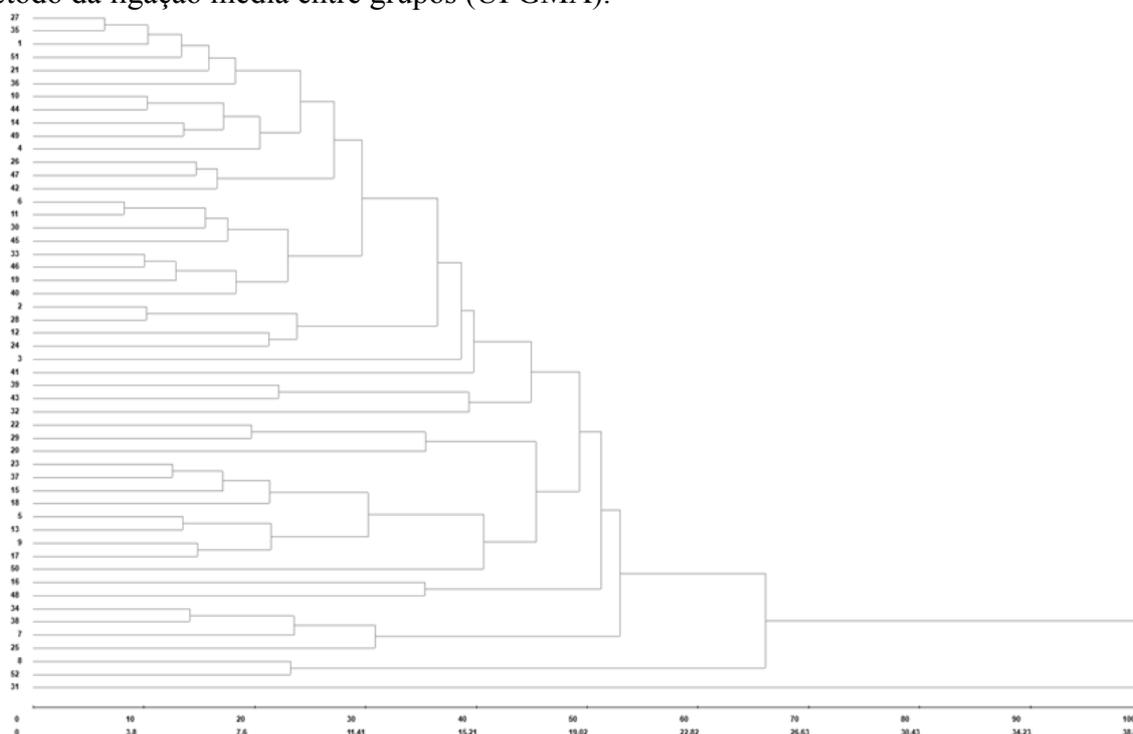
Caracteres	SJ	Valor (%)
Comprimento do hipocótilo	2275,16	9,63
Comprimento do epicótilo	2093,24	8,86
Comprimento do primeiro internódio	1781,93	7,54
Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada	1706,07	7,22
Número de dias para o florescimento	3107,24	13,16
Número de dias para a maturidade	1575,34	6,67
Altura da planta no florescimento	80,87	0,34
Altura de plantas na maturidade	1462,45	6,19
Número de nós na haste principal no florescimento	2627,70	11,12
Número de vagens com um grão	611,23	2,59
Número de vagens com dois grãos	950,23	4,02
Número de vagens com três grãos	812,04	3,43
Produção de grãos	2528,01	10,70
Número de sementes por vagem	2005,03	8,49

A característica relacionada ao ciclo de cada genótipo destacou-se por contribuir com a maior divergência entre as linhagens, uma vez que o número de dias para o florescimento teve a maior porção de contribuição (13,16%), seguida do número de nós na haste principal no florescimento (11,12%) e a produtividade de grãos (10,70%), devendo ser priorizadas nos programas de melhoramento genético para a escolha de progenitores. Enquanto os caracteres

que menos contribuíram foram o número de vagens com três grãos (3,34%), número de vagens com um grão (2,59%) e a altura de plantas no florescimento (0,34%). Almeida et al. (2011); Rigon et al. (2015); Pierdoná (2018) e Oliveira et al. (2020) em seus estudos, também encontraram que os caracteres relacionados ao ciclo dos genótipos foram os que mais contribuíram para a divergência genética, com valores superiores aos obtidos no presente estudo.

Na Figura 1 pode ser observado o dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 52 genótipos de soja pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA), com base na análise de agrupamento dos genótipos, elaborado considerando todos os caracteres avaliados.

**Figura 1** – Dendrograma representativos da dissimilaridade genética entre 52 genótipos de soja pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA).



CCC: 0,71\*\*; \*\* significativos a 1% de probabilidade pelo teste t. Fonte: O autor (2021).

Para análise a diversidade genética empregou-se diferentes metodologias multivariadas, das quais o dendrograma obtido pelo método da ligação média intragrupo mostrou-se adequada para análise a dissimilaridade genética, o coeficiente de correlação cofenética (CCC) foi de 0,71 e significativo pelo teste t. Valores do coeficiente de correlação cofenética  $\geq 0,70$ , são considerados satisfatórios (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Pela análise visual do dendrograma e estabelecendo um corte onde se verificou alta mudança de nível (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012), que foi em torno de 45% da dissimilaridade, constatou-se a formação de oito grupos, dos quais UFUS 31 não se agrupou com nenhum outro genótipo (Figura 1).

Outra metodologia que tem sido amplamente utilizada em estudos de diversidade genética é agrupamento de Tocher, o qual permite a constituição de grupos sem a sobreposição de genótipos. Na Tabela 5, estão distribuídos dos 52 genótipos deste estudo, que resultou em oito grupos. Constatou-se que além do genótipo UFU 31, os genótipos UFU 32 e UFU 39 também constituíram grupos individuais.

**Tabela 5** – Agrupamento de otimização de Tocher entre 52 genótipos de soja, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis obtida por caracteres agronômicos e da fase vegetativa.

Grupos	Genótipos
I	UFU 27; UFU 35; UFU 1; TMG 1179RR; UFU 21; UFU 45; UFU 47; UFU 42; UFU 33; UFU 44; UFU 46; UFU 6; UFU 15; UFU 18; UFU 49; UFU 10; UFU 4; UFU 14; UFU 12; UFU 28; UFU 26; UFU 19; UFU 30; UFU 43; UFU 40; UFU 11; UFU 36; UFU 23; UFU 37; UFU 24; UFU 3; UFU 38; UFU 41 e UFU 2.
II	UFU 5; UFU 13; UFU 17; UFU 9; BMX Desafio RR e UFU 8.
III	UFU 7; UFU 34 e UFU 25.
IV	UFU 22; UFU 29 e UFU 20.
V	UFU 16; UFU 48 e BRS 7380RR.
VI	UFU 32.
VII	UFU 39.
VIII	UFU 31.

O grupo I foi composto por 61,5% dos genótipos do ensaio, um total de trinta e quatro cultivares semelhantes, indicando que possíveis cruzamentos deste genótipo entre si, diminuem a obtenção de indivíduos superiores. O grupo II apresentou seis cultivares semelhantes, o grupo III apresentou três cultivares semelhantes, o grupo IV apresentou três cultivares semelhantes, o grupo V apresentou três cultivares semelhantes, o grupo VI apresentou apenas o genótipo 32, o grupo VII apresentou apenas o genótipo 39, o grupo VIII apresentou apenas o genótipo UFU 31.

Entre os métodos hierárquicos de otimização, o de Tocher é o mais utilizado, no qual a separação dos grupos leva em consideração a média da medida de dissimilaridade dentro de cada grupo, sendo está menor dentro do grupo do que entre os grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Genótipos pertencentes ao mesmo grupo, possuem menores distâncias entre si de modo que sua escolha não é interessante, uma vez que possuem variabilidade restrita dos parentais nas gerações segregantes. A escolha dos progenitores deve considerar o potencial bem como a magnitude de suas dissimilaridades, visto que tais fatores são a base das novas combinações híbridas e da formação de grupos distintos. Assim, parentais divergentes e de elevado desempenho médio, formarão as melhores combinações híbridas (OLIVEIRA et al., 2019).

Os genótipos considerados mais promissores para futuros cruzamentos artificiais, são aqueles que possuem indicativos de serem os mais dissimilares quantos aos outros, reunidos em grupos mais distantes. Entretanto, além da dissimilaridade, os genótipos devem possuir elevada variabilidade e média para os caracteres que estejam sendo melhorados (OLIVEIRA et al., 2020).

Os genótipos que podem proporcionar os maiores efeitos heteróticos em relação aos demais, após hibridações são o UFU 31, UFU 32 e o UFU 39. A conjunta utilização dos métodos Tocher e UPGMA, complementam os dados e melhor diferenciam os grupos formados, além de impedir interpretações errôneas dentro de um subgrupo (RAMALHO et al., 2016).

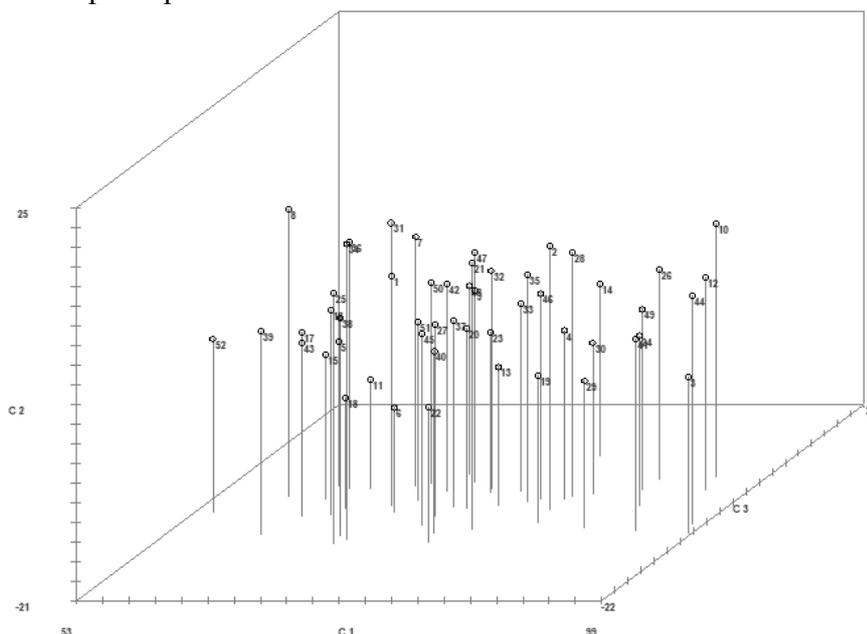
Os três primeiros componentes principais concentraram 80,73% da variabilidade disponível (Tabela 6), possibilitando a dispersão dos genótipos em um gráfico tridimensional para a interpretação dos genótipos quando considerados os 17 caracteres avaliados conforme Figura 2.

**Tabela 6** – Estimativas dos autovalores dos componentes principais para o estudo de diversidade genética entre 52 genótipos de soja.

Componentes Principais	Raiz (%)	(%) Acumulada
1	56,22	56,22
2	13,60	69,82
3	10,91	80,73
4	8,63	89,36
5	4,69	94,06
6	2,57	96,62
7	2,26	98,88
8	0,46	99,35
9	0,33	99,68
10	0,19	99,86
11	0,08	99,95
12	0,03	99,98
13	0,01	99,99
14	0,001	100,00

Para análise através da dispersão gráfica no espaço tridimensional (Figura 2), é possível observar a distribuição dos oito grupos, onde os indivíduos similares foram alocados em grupos semelhantes, enquanto os indivíduos mais divergentes em grupos distintos indicando a divergência entre os 52 genótipos de soja.

**Figura 1** – Dispersão gráfica de 52 genótipos de soja, em relação aos três primeiros componentes principais.



CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2; CP3: componente principal 3; Pontos de 1 a 49: progênies de soja; Pontos 51 a 52 BRS 7380 RR, TMG 1179 RR. Fonte: O autor (2021).

Observando a formação dos grupos é possível identificar a concordância com os agrupamentos anteriores onde os grupos formados nas análises de agrupamento utilizando o método hierárquico (UPGMA) (Figura 1), e a distribuição de grupos de comportamento similares pelo método Tocher (Tabela 5).

Os genótipos avaliados, apesar de agrupados em oito diferentes grupos, apresentaram variabilidade genética, sendo assim, o intercruzamento de indivíduos de grupos distintos pode fornecer populações segregantes promissoras para o programa de melhoramento genético.

Ao analisar o dendrograma (Figura 1) e agrupamento de Tocher (Tabela 5), e componentes principais constatou-se semelhança no padrão de distribuição dos genótipos, permitindo inferir sobre quais genótipos são mais similares e divergentes, podendo ser útil na indicação de novas combinações que envolvem especialmente as progênies e a cultivar BMX Desafio RR. Considerando o desempenho médio de cada genótipo (Tabela 3), cujas progênies superiores concomitantemente, em relação ao número de vagens de três grão e produção de

grãos é possível indicar as combinações promissoras BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 e BMX Desafio RR x UFU 25.

#### **4 CONCLUSÕES**

As progênies F<sub>4</sub> e RCF<sub>3</sub> derivadas do cruzamento BRS 7380RR x TMG 1179 RR e a cultivar BMX Desafio RR apresentaram divergência genética entre si pelos métodos da ligação média intragrupo, agrupamento de Tocher e componentes principais.

Os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética foi o número de dias para o florescimento, o número de nós na haste principal no florescimento, a produção de grãos e o comprimento do hipocótilo, cujas estimativas pelo critério de Singh (S.j.) (1981) superou 9%.

Pela diversidade genética determinada com caracteres da fase vegetativa e agronômicos, considerando os genótipos precoces e ainda com elevado número de vagens de três grãos e produção de grão foi possível indicar as combinações: BMX Desafio RR x UFU 10, BMX Desafio RR x UFU 14, BMX Desafio RR x UFU 49 e BMX Desafio RR x UFU 25.

## REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFF.RRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.
- ALVES, G. F.; NOGUEIRA, J. P. G. MACHADO JUNIOR, R.; FERREIRA, S. C.; NASCIMENTO, M.; MATSUO E. Stability of the hypocotyl length of soybean cultivars using neural networks and traditional methods. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 49, n. 3. p. 1-7. 2019.
- COMPANIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO-CONAB. **Boletim da safra de grãos: 12º levantamento: safra 2020/2021**. Brasília, DF: CONAB, 2021.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2014. p. 668, v. 3.
- CRUZ, C. D. Genes Software-extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil em 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013. 266p.
- FEHR, W.R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology. 1977. 11 p. (Special Report, 80).
- GONTIJO, W. D. R.; SOUSA, P. H. S.; MATSUO, E.; RESENDE, J. C.; BARROS, P. H. F. C.; BOMTEMPO, G. L. Epicotyl length in seedlings of soybean cultivars subjected to reduced inter-row spacing. **Agronomy Science and Biotechnology**, [s.l.], n.132, v.7, p. 1-7, 2021
- GOVINDARAJ, M.; VETRIVENTHAN, M.; SRINIVASAN, M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives. **Genetics research international**, Londres, v. 2015, 2015.
- HOLTZ, V.; GRELLMANN, D. H.; AZEVEDO, R. O.; KOESTER, B. E. G.; JARDIM, C. C. S.; MASSOLA, M. P.; REIS, R. D. G. E. Perdas na colheita mecanizada de soja utilizando diferentes mecanismos na plataforma de corte. **PUBVET**, Nova Xavantina, MT. v.13, n.2, p.1- 6, 2019.
- LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.
- LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F<sub>8</sub> de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, 2016.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.42, n.2, p. 189-196, 2012.

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, É.; CRUZ, C. D.; DE BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, [s.l.], v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015.

OLIVEIRA, C. S.; PEIXOTO, J. V. M.; MOMESSO, M. P.; PEREIRA, L. M.; PERES, H. G.; MACIEL, G. M. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. **Ciência, Tecnologia & Ambiente**, [s.l.], v. 9, 2019.

OLIVEIRA, L. M. C.; SOUSA, J. M. A.; CHAVES, E. D. N.; CARNEIRO, T. B.; OLIVEIRA, A. T.; SILVA, L. C. Diversidade genética em linhagens de soja. In: JORNADA DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA E EXTENSÃO, 11, 2020, Palmas. **Anais [...]**. Palmas: IFTO, 2020. p. 1-8.

PEREIRA, G.; NASCIMENTO, N. Cenário das Exportações Brasileiras de Soja: uma análise do mercado chinês. **Caderno Científico da Escola de Negócios**, [s.l.], v. 3, n. 1, 2017.

PIERDONÁ, Flaviani Gabriela. **Estratégias de seleção e divergência genética em linhagens e estudo de gerações em soja**. 2018. 133 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2018.

RAMALHO, A. B.; ROSSI, A. A. B.; DARDENGO, J. F. E.; ZORTÉA, K. É. M.; TIAGO, A. V.; MARTINS, K. C. Diversidade genética entre genótipos de *Bertholletia excelsa* por meio de marcadores moleculares ISSR. **Floresta**, [s.l.], v. 46, n. 2, p. 207- 214, 2016.

RAO, R. R. Relations between Weak and Uniform Convergence of Measures with Applications. **Annals of Mathematical Statistics**, [s.l.], p.659 - 680, 1962.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, 2015.

ROCHA, F.; VIEIRA, C. C.; FERREIRA, M. C.; OLIVEIRA, K. C. Selection of soybean lines exhibiting resistance to stink bug complex in distinct environments. **Food and Energy Security**, [s.l.], v.4, n. 2, p.133-143, 2015.

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

SINGH, Daljit. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, [s.l.], v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in response to sowing date in the lower latitude Brazilian Savannah Highlands. **The Journal of Agricultural Science**, [s.l.], v. 153, n. 6, p. 1059-1068, 2014.

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

TODESCHINI, Matheus Henrique. **Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agronômicos**. 2018. 49 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Patos, 2018.

VAL, B. H. P.; SILVA, F. M.; BIZARI, E. H.; LEITE, W. S.; GROLI, E. L.; MATOS PEREIRA, E.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MAURO, A. O. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. **African Journal of Biotechnology**, [s.l.], v. 16, n. 8, p. 328-336, 2017.