

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

GIULYANA ISABELE SILVA TAVARES

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA

Uberlândia - MG

2023

GIULYANA ISABELE SILVA TAVARES

DIVERSIDADE GENÉTICA E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA

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

Área de concentração: Produção Vegetal

Orientador: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Coorientadora: Profa Dra Ana Paula Oliveira Nogueira

Uberlândia - MG

2023

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

T231d Tavares, Giulyana Isabele Silva, 1995-
2023 Diversidade genética e seleção de genótipos de soja [recurso eletrônico] / Giulyana Isabele Silva Tavares. - 2023.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientadora: 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.2023.8079>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

I. Agronomia. I. Hamawaki, Osvaldo Toshiyuki, 1954-, (Orient.). II. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Coorient.). III. Universidade Federal de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU: 631

André Carlos Francisco
Bibliotecário - CRB-6/3408



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.ppgagro.iciag.ufu.br - posagro@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 007/2023, PPGAGRO				
Data:	Vinte e nove de maio de dois mil e vinte e três	Hora de início:	08:30	Hora de encerramento:	11:30
Matrícula do Discente:	12112AGR005				
Nome do Discente:	Giulyana Isabele Silva Tavares				
Título do Trabalho:	Diversidade genética e seleção de genótipos de soja				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se na Sala 1BCG 222, Campus Glória, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Fernando Cezar Juliatti - UFU; Rogério de Melo Costa Pinto - UFU; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador(a) do(a) candidato(a). O examinador externo Alcinei Místico Azevedo da Universidade Federal de Minas Gerais (UFMG) participou de forma remota, via plataforma de webconferência (Microsoft Teams). Iniciando os trabalhos o(a) presidente da mesa, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença do público, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

A seguir o senhor(a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos(as) 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):

Aprovado(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 **Oswaldo Toshiyuki Hamawaki, Usuário Externo**, em 06/06/2023, às 10:14, 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 **Rogério de Melo Costa Pinto, Professor(a) do Magistério Superior**, em 06/06/2023, às 14:43, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Usuário Externo**, em 08/06/2023, às 06:09, 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 **Alcinei Místico Azevedo, Usuário Externo**, em 08/06/2023, às 09:15, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **4525791** e o código CRC **E0A2D8AE**.

Dedico aos meus pais, Girlene e
Marcelo por todo apoio e incentivo
a alcançar os meus objetivos.

AGRADECIMENTOS

À Deus por ter me dado o dom da vida, família e amigos.

À minha mãe por todo amor e compreensão, que sempre esteve ao meu lado em todos os momentos com apoio, carinho e incentivo.

Ao meu pai por todo amor, compreensão, conselhos, conhecimento, apoio e incentivo em toda a minha trajetória.

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

À minha coorientadora Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira pelos conselhos, dedicação, paciência, suporte e todos ensinamentos transmitidos.

Aos meus colegas do Programa de Melhoramento Genético da Soja Arthur Rezende, Carolina Silva, Josef Gastl Filho, Michelle Santos e Matheus Braga por todo apoio e auxílio no decorrer do curso.

Aos estagiários e bolsistas do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, pela parceria e auxílio nas atividades experimentais.

Aos meus amigos, Cindy Freitas, Karolline Andrades, Marina Neves e Mateus Diniz por toda força, incentivo e apoio incondicional.

A todos que de alguma forma contribuíram de forma direta ou indireta ao longo da minha jornada na pós-graduação.

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

Aos funcionários da Fazenda Experimental Capim Branco-UFU pelo apoio durante a instalação e condução dos experimentos, em especial ao técnico Eurípedes Borges.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), à Universidade Federal de Uberlândia (UFU) e ao Instituto de Ciências Agrárias (ICIAG) pela disponibilização do curso de pós-graduação e pela bolsa de estudos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

“Dificuldades preparam pessoas comuns para destinos extraordinários.”

C. S. Lewis

RESUMO

Durante o desenvolvimento de novos genótipos de soja, são realizadas diferentes etapas com finalidades distintas, tais como seleção de genitores para hibridação artificial e avaliação e seleção de progênies superiores em gerações avançadas. Esta dissertação está subdividida em 3 capítulos, sendo que no capítulo 1 aborda os aspectos econômicos, botânicos, diversidade genética e melhoramento da soja. O segundo capítulo teve como objetivo avaliar a divergência genética entre genótipos de soja, utilizando medidas de dissimilaridade para que estes genótipos sejam utilizados dentro Programa de Melhoramento Genético da UFU como potenciais genitores. A pesquisa foi conduzida em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja. Foram avaliadas 25 progênies os quais são constituídos por populações segregantes $F_{4:5}$, $RC_{F_{3:4}}$, $RC_{F_{4:5}}$. Por meio de análises univariadas pode-se concluir que os descritores: epicótilo (EPI), comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (PECTRI), comprimento da raque da primeira folha trifoliolada (RAQ), altura da planta no florescimento (APF) e número de dias de florescimento (NDF) são uteis para a caracterização e diferenciação de cultivares de soja e formação de grupos de genótipos superiores a partir dos agrupamentos de Tocher e UPGMA. O terceiro capítulo teve como objetivo estimar parâmetros genéticos em $RC_{F_{4:5}}$ de soja e selecionar as progênies superiores para caracteres agronômicos. Foram avaliados 68 genótipos e 16 caracteres agronômicos. Os índices de seleção proporcionaram os maiores ganhos genéticos para os dois índices analisados estavam relacionados a caracteres ligados a produção (PROD), número de vagens total (NVT) e peso de grão por planta (PGP).

Palavras chaves: melhoramento genético; potencial produtivo; seleção de genótipos; ganho genético.

ABSTRACT

During the development of new soybean genotypes, different stages are performed with different perspectives, such as selection of parents for artificial hybridization and evaluation and selection of superior progenies in advanced generations. This dissertation is subdivided into 3 chapters, with chapter 1 addressing the economic, botanical, genetic diversity and breeding aspects of soybean. The second chapter aimed to evaluate the genetic divergence between soybean genotypes, using dissimilarity measures so that these genotypes are used within the UFU Genetic Improvement Program as potential genitors. The research was conducted under field conditions in the experimental area of the Soybean Genetic Improvement Program. Were evaluated 25 progenies, which are constituted by segregating populations $F_{4:5}$, $RC_{F3:4}$, $RC_{F4:5}$. Through univariate analysis, it can be concluded that the descriptors: epicotyl (EPI), petiole length of the first trifoliolate leaf (PECTRI), rachis length of the first trifoliolate leaf (RAQ), plant height at flowering (APF) and number days of flowering (NDF) are useful for the characterization and differentiation of soybean cultivars, and formation of superior genotype groups from the Tocher and UPGMA clusters. The third chapter aimed to estimate genetic parameters in soybean $RC_{F4:5}$ and to select superior progenies for agronomic traits. Sixty-eight genotypes and 16 agronomic characters were evaluated. The selection indices provided the highest genetic gains for the two indices analyzed, they were related to traits linked to production (PROD), total number of pods (TNP) and grain weight per plant (GWP).

Key words: genetic improvement; productive potential; genotype selection; genetic gain.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Quadro 1 -	Progênes avaliadas e origem.....	40
Figura 1 -	Dendograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade entre 25 cultivares de soja, cultivadas na primeira época (Junho), obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D2). Uberlândia MG, 2022.....	53
Figura 2 -	Dendograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade entre 25 cultivares de soja, cultivadas na segunda época (Novembro), obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D2). Uberlândia - MG, 2022.....	54
Figura 3 -	Gráfico de dispersão variáveis canônicas de 25 genótipos de soja, da primeira época (Junho), cultivadas em Uberlândia – MG.....	56
Figura 4 -	Gráfico de dispersão variáveis canônicas de 25 genótipos de soja, da segunda época (Novembro), cultivadas em Uberlândia – MG.....	57

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1 -	Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agronômicos da fase vegetativa e de florescimento em 25 cultivares de soja cultivadas em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.....	47
Tabela 2 -	Resumo da análise de variância conjunta de caracteres da fase vegetativa e do florescimento em 25 genótipos de soja em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.....	48
Tabela 3 -	Quadrados médio do genótipo, coeficiente de variação e parâmetros genéticos de caracteres agronômicos de 25 genótipos de soja, em duas épocas de 2022, em Uberlândia- MG.....	48
Tabela 4 -	Dissimilaridade entre 25 genótipos de soja, na primeira época (Junho), em relação a 9 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis.....	51
Tabela 5 -	Dissimilaridade entre 25 genótipos de soja, na segunda época (Novembro), em relação a 9 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis.....	51
Tabela 6 -	Agrupamento de otimização de Tocher entre 25 genótipos de soja, na primeira época (Junho), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.....	55
Tabela 7 -	Agrupamento de otimização de Tocher entre 25 genótipos de soja, na segunda época (Novembro), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.....	55
Tabela 8 -	Resumo da análise da variância conjunta quanto ao ciclo total e produtividade de grãos de 25 genótipos de soja avaliados em duas épocas (Junho e Novembro) de semeadura em Uberlândia, Minas Gerais.....	58
Tabela 9 -	Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres de Produtividade e Ciclo de 25 cultivares em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.....	59

Tabela 10 -	Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Wricke (1965) W_i (%) em relação ao número de genótipos para os caracteres de Produtividade e Ciclo de 25 cultivares em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.....	60
Tabela 11 -	Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja nas épocas de Junho e Novembro de 2022 em Uberlândia - MG, com base na metodologia de Annicchiarico (1992)	61

CAPÍTULO III

Tabela 1 -	Quadrado médio do genótipo (QMG), coeficiente de variação (CV), herdabilidade no sentido amplo (H^2) e razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e) de caracteres agronômicos de progênies RCF _{4.5} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.....	78
Tabela 2 -	Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agronômicos de progênies RCF _{4.5} de 4 populações segregantes de soja e suas testemunhas conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.....	81
Tabela 3 -	Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies RCF _{4.5} de 4 populações segregante de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.....	84
Tabela 4 -	Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice distância Genótipo-Ideótipo e índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies RCF _{4.5} de 4 populações segregantes RCF _{4.5} de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.....	85

SUMÁRIO

CAPÍTULO I	16
1. INTRODUÇÃO GERAL	16
2. REFERENCIAL TEÓRICO	18
2.1. Origem da soja	18
2.2. Importância econômica e produção da soja	19
2.3. Aspectos botânicos e morfológicos	20
2.4. Melhoramento genético da soja	22
2.6. Interação genótipo e ambiente e seleção de genitores em soja	25
REFERÊNCIAS	28
CAPÍTULO II	36
Diversidade genética em genótipos de soja na fase vegetativa e de florescimento	36
RESUMO	36
ABSTRACT	37
1. INTRODUÇÃO	38
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
2.1. Área e esquema experimental	40
2.2. Instalação e condução do experimento	40
2.3. Avaliações	42
2.4. Análises	43
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
REFERÊNCIAS	64
CAPÍTULO III	68
Estratégias de seleção de progênies de soja visando ciclo e produtividade de grãos ..	68
RESUMO	68
ABSTRACT	69
1. INTRODUÇÃO	70
2. MATERIAL E MÉTODOS	72
2.1. Área e esquema experimental	72
2.2. Instalação e condução do experimento	72
2.3. Avaliações	73

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	78
4. CONCLUSÕES	87
REFERÊNCIAS	88

CAPÍTULO I

1 INTRODUÇÃO GERAL

Devido à grande importância da soja no Brasil e no mundo, a cultura se tornou uma das principais commodities comercializadas no conjunto de atividades agrícolas, possuindo um dos maiores destaques no mercado mundial, no qual a sua cadeia produtiva abrange várias instituições sob perspectivas econômicas, sociais, ambientais e políticas (Kelh *et al.*, 2022; Loro *et al.*, 2021). Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB), a estimativa da produção em grãos de soja para a safra 2022/23 passou de 153,54 milhões de toneladas para 154,48 milhões, apresentando pequenos ajustes de área e produtividade comparado com a safra anterior (Conab, 2022).

O aumento da produtividade de grãos de soja está ligado ao sucesso do avanço de tecnologias de produção e o melhoramento genético, com a finalidade de manter a seleção de altos genótipos com alta produtividade (Bicalho *et al.*, 2019). Os programas de melhoramento genético para a cultura estão frequentemente desenvolvendo e registrando novas cultivares com grande potencial nutricional e produtivo (Kelh *et al.*, 2022). Assim, necessita-se da seleção de linhagens e a obtenção de cultivares com resistência genética a pragas e doenças, tolerância a fatores abióticos, e também alto potencial produtivo em conjunto com a ampla adaptação e estabilidade em diversas condições edafoclimáticas (Sediyama; Teixeira; Reis, 2016).

A diversidade genética de uma cultura pode ser medida através do conceito de base genética, o qual é definido como o número de ancestrais e sua contribuição genética relativa para um grupo específico, que pode ser estimado por meio de coeficiente médio de parentesco entre todos as cultivares e um ancestral (Wysmierski; Vello, 2013). A base genética brasileira, é considerada estreita, ou seja, possui poucos ancestrais (Santos *et al.*, 2016; Gwinner *et al.*, 2017; Silva *et al.*, 2021). Após análises foram encontrados 26 ancestrais nos quais os quatro principais contribuíram com 48,2% da base genética, comprovando assim que a base genética brasileira é estreita (Hiromoto; Vello, 1986; Wysmierski; Vello, 2013).

Considerando que essa base genética da soja é estreita, como citado anteriormente, torna-se necessário que os estudos de divergência genética sejam implementados em um programa de melhoramento, na fase inicial, para escolha de parentais para cruzamentos, ou seja, utilizar parentais que tenham características de

interesse e que sejam os mais divergentes possíveis, para que seja possível encontrar as melhores combinações alélicas.

Nas fases finais dos programas de melhoramento, a tipificação e diferenciação de cultivares que estão no mercado e que estão em fase de lançamento, são realizadas com base em descritores, e, portanto, quanto maior a quantidade de descritores melhor e ainda mais, no caso da soja, onde a base genética é estreita e os materiais são bastante similares.

Portanto, com base no exposto, estudos sobre a divergência genética de diferentes materiais e a possibilidade de expansão da quantidade de descritores é de suma importância para o melhoramento da soja. Além disto, como boa parte das características da soja são influenciadas pelo ambiente, também é importante estudos acerca da interação dos genótipos com os ambientes analisados.

No Brasil, a Lei nº. 9456, trata-se da proteção de cultivares, na qual para que uma cultivar seja protegida é necessário comprovar que ela é distinta, homogênea e estável. A diferenciação das cultivares é realizada por margem mínima de descritores, específica de cada espécie. Na cultura da soja, esta diferenciação é realizada por somente 37 descritores (Mapa, 2009). Dessa forma, novos descritores são necessários para poder discriminar melhor as cultivares, pois, o background genético da soja é estreito. A identificação de descritores morfológicos nos estádios vegetativos do desenvolvimento da planta é importante, uma vez que permite obter resultados rápidos e não é necessário esperar por plantas adultas (Santos *et al.*, 2017).

Descritores fenotípicos como comprimento de hipocótilo, epicótilo, coeficiente de largura da base da folha unifoliolada, comprimento da raque, e outros são considerados candidatos promissores para potenciais descritores adicionais da cultura da soja (Hanyu *et al.*, 2020), pois com eles, é possível diferenciar de forma mais eficiente cultivares e parentais em programas de melhoramento. Em vista disso, estudos relacionados à genótipos são importantes para consolidar e orientar as atividades de avaliação em diferentes estádios de desenvolvimento e épocas de avaliação da planta. Deste modo, os objetivos deste trabalho foram de analisar caracteres durante a fase vegetativa, produção e ciclo da planta na cultura da soja em duas épocas de avaliação, e seleção de progênies.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. Origem da soja

Considerada uma das culturas mais antigas, a soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é originária da China, sendo que, a região onde ocorreu a domesticação foi a região do Norte da China, logo depois se deslocando para a região da Manchúria e permanecendo por aproximadamente dois milênios apenas no Oriente, sendo introduzida no sul da China, Coréia, Japão e Sudoeste Asiático (Bezerra *et al.*, 2022; Wysmierski; Vello, 2013). A soja foi considerada por muito tempo um dos grãos sagrados, em conjunto com arroz, trigo, cevada e milho (Boneti, 1983), além de ser a base alimentar da população chinesa.

A introdução da soja fora do continente asiático ocorreu através de navegadores e missionários em latitudes similares ao centro de origem. O seu primeiro registro foi na Europa em 1773, no Jardim Botânico de Paris e na Inglaterra em 1790. Contudo, a soja era apenas utilizada como curiosidade botânica e não apresentava nenhuma importância comercial nesses locais supracitados (Wysmierski; Vello, 2013; Bezerra *et al.*, 2022; Hymowitz, 2004).

No século XIX, a soja tornou-se conhecida em países como Canadá, Filipinas, Egito e Cuba, sendo que no Canadá, foi introduzida em pequena escala como forrageira (Sedimaya *et al.*, 1985; Bezerra *et al.*, 2022). Nos Estados Unidos da América houve várias tentativas para introduzir a soja a partir de 1765, sendo que a mesma, adquiriu importância somente a partir de 1880 ao ser utilizada para o cultivo forrageiro. Após a introdução como forrageira, a soja começou a ser utilizada na produção de grãos, e em 1941 esta produção tornou-se maior que a área de forragem (Chung; Singh, 2008; Gazzoni, 2018).

O primeiro relato da cultura no Brasil foi em 1882 na Bahia, não obtendo bons resultados devido a cultivares introduzidas, originárias dos Estados Unidos, não apresentaram uma boa adaptabilidade à região que foram introduzidas (Cattelan *et al.*, 2018). Em 1908, tentaram novamente reintroduzir a cultura com variedades de soja do Japão para o estado de São Paulo (Wysmierski; Vello, 2013). Já em 1988, a soja foi introduzida no sul do país e com o sucesso da cultura na região passou-se a ter investimentos em programas de melhoramento e desta forma ocorreu uma expansão cultura para o do Brasil principalmente a partir de materiais genéticos mais adaptados para cada região brasileira (Bezerra *et al.*, 2022).

2.2. Importância econômica e produção da soja

O Produto Interno Bruto (PIB) do agronegócio brasileiro, calculado pelo Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada (CEPEA) da Esalq/USP, em parceria com a Confederação da Agricultura e Pecuária do Brasil (CNA), atingiu recordes consecutivos em 2020 e 2021. No entanto, em 2022, o PIB do setor apresentou uma queda ao longo dos três primeiros trimestres do ano, reduzindo 5,69% no setor agrícola. Estima-se que a participação do setor total em 2022 ficou por volta de 25%, exibindo uma queda de 2% do ano anterior, em consequência da alta dos custos com insumos para produção (CEPEA/ESALQ, 2022).

A soja (*G. max*) faz parte do conjunto de atividades agrícolas com maior destaque tanto no mercado mundial quanto nacional, apresentando crescimento contínuo devido a fatores de aspecto tecnológicos e mercadológicos. O potencial econômico dessa commodity está associado ao aumento da demanda de insumos, área plantada, produção e produtividade de grãos (Toloi *et al.*, 2021). Desta forma, a soja reúne 25% da participação na produção global de óleo vegetal, dois terços da proteína mundial e representa um ingrediente essencial na alimentação, adquirindo lugar de destaque como a leguminosa mais importante do mundo (Modgil *et al.*, 2021).

Na atualidade, os maiores produtores de soja do mundo são Brasil, Estados Unidos da América, Argentina, China e Índia. A produção nacional de soja da safra 2021/22 atingiu, segundo a Conab, 125,55 milhões de toneladas, sendo 48,98 milhões de toneladas destinadas ao esmagamento, apresentando um aumento de 6,6% em relação à safra passada, e 79,22 milhões de toneladas à exportação apresentando uma redução de 8% em relação à safra passada (CEPEA/ESALQ, 2022).

Com base nas informações apresentadas pelo *United State Department of Agriculture* (USDA), no terceiro trimestre de 2022, o Brasil exportou 12,2 milhões de toneladas de soja para a China, 11% a menos que no terceiro trimestre de 2021, de 13,7 milhões de toneladas. Nos primeiros 9 meses de 2022, os portos do sul de Santos, Rio Grande, Paranaguá e São Francisco do Sul ainda dominavam o comércio de soja para a China, respondendo por 69% das exportações de soja do Brasil para a China (Usda, 2022).

Devido à continuidade do uso de biodiesel ao diesel no primeiro trimestre de 2023 em aproximadamente 10%, a estimativa de esmagamento de soja em grãos passa de 51,43 milhões de toneladas para 50,68 milhões. Contudo para os demais meses de 2023 manteve-se a estimativa no uso de biodiesel em 12% (Conab, 2022).

2.3. Aspectos botânicos e morfológicos

Devido à importância econômica na atualidade, a espécie *G. max* (L.) de nome popular soja, é uma planta do grupo das *Eudicotiledôneas* pertencente à subclasse das *Fabideaes*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Papilionoideae*, tribo *Phaseoleae*, subtribo *Glycineae*, gênero *Glycine*, subgênero *Glycine Willd.* A ampla gama de espécies de gêneros semelhantes faz sua morfologia ser variável, porém, as características marcantes deste gênero podem ser descritas por plantas do tipo herbácea, ereta, autógamas, com ciclo anual. A taxonomia do gênero *Glycine* foi revisada várias vezes sendo bem definida, podendo ser classificadas como morfológicas, citogenéticas e por métodos moleculares. Atualmente o gênero possui dois subgêneros, o *Leptocyamus* e o *Glycine Willd* que é composto por 26 espécies entre plantas perenes e anuais onde a soja está inserida (Silva *et al.* 2022; Singh, 2017; Angiosperm Phylogeny Group *et al.* 2016).

A germinação da soja se dá quando a água entra em contato com toda a estrutura da semente, dando início ao crescimento e desenvolvimento celular, a raiz penetra no solo no sentido do geotropismo positivo do ápice ao mesmo tempo que o hipocótilo se eleva do solo, após o contato dos cotilédones com a luz, inicia-se o processo de fotossíntese. Na estrutura radicular, as raízes são axiais, sendo caracterizado como difuso devido baixo crescimento da raiz principal, a simbiose entre as raízes e as bactérias fixadoras de nitrogênio (*Bradyrhizobium*) possibilita para as plantas uma forma alternativa de assimilação de nitrato em troca de hidratos de carbono (Müller, 1981).

O caule de uma planta de soja é herbáceo, ereto a prostrado, com desenvolvimento a partir do eixo embrionário, suas ramificações dependem da constituição genética de cada cultivar, os internódios se desenvolvem em direção ao ápice da planta, tendo em cada internódio o desenvolvimento de um trifólio, as gemas laterais são formadas nas axilas dos internódios podendo ou não desenvolver ramificações a partir delas. Seu crescimento é ortótropo, podendo ser determinado, semideterminado ou indeterminado, sendo caracterizados com base na presença da inflorescência racemosa (Silva *et al.* 2022; Tejo; Fernandes; Buratto, 2019; Sedyama *et al.* 1985).

Durante o crescimento, suas folhas são distribuídas em três tipos, cotiledonares quando no estágio inicial, unifolioladas no primeiro internódio desenvolvendo de forma oposta e as trifolioladas nos demais internódios que são alternas e compostas por três trifólios, um terminal e dois laterais sendo observadas no caule principal e nas

ramificações, sua coloração pode ser de verde-claro a verde-escuro (Silva *et al.* 2022; Tejo; Fernandes; Buratto, 2019; Sedyama *et al.* 1985).

As flores se desenvolvem nos ramos axilares e terminais, nas cores branca ou roxa. Os órgãos reprodutivos podem ser encontrados em uma única flor, sendo as mesmas autógamias e sob influência da cleistogamia quando o óvulo é fecundado antes da abertura do botão floral, desta forma, os órgãos masculino e feminino estão dispostos e protegidos pela coroa e cálice. O fruto é um legume conhecido comumente por vagem, quando maduro tendo aproximadamente 2 a 7 cm de comprimento e 1 a 2 cm de largura, sua coloração varia entre cinza, amarelo-palha, preta, na vagem podem conter de uma a cinco sementes (Silva *et al.* 2022; Nogueira *et al.* 2009; Müller, 1981).

A soja *G. max* (L.) é uma cultura anual, com germinação epígea, ciclo entre 70 e 200 dias, altura da inserção da primeira vagem entre 10 cm a 20 cm do solo, seu hábito de crescimento é de ereto a prostrado, pubescente e ramificado, o tipo de crescimento pode ser determinado, semideterminado e indeterminado com resistência à deiscência das vagens (Silva *et al.* 2022; Tejo; Fernandes; Buratto, 2019; Sedyama *et al.* 1985).

Dentre os fatores importantes para o melhoramento da cultura, o fotoperíodo, ciclo e grupo de maturidade são caracteres com alto grau de relevância e impacto para a produção. O fotoperíodo determina o intervalo entre os estádios vegetativos e reprodutivos, sendo responsável pela indução floral, crescimento, maturação, altura da planta, peso de sementes, número de ramificações e outros fatores. O ponto principal da adaptabilidade da soja é em relação a quantidade de horas de luz, a qual pode ser menor ou maior que o necessário ocasionando a indução tardia ou precoce do florescimento, sendo que a quantidade mínima de horas de noite quando atingido é a grande responsável pelo florescimento (Silva *et al.* 2022; Barros; Sedyama, 2009).

A partir desde fato as plantas de soja são diferenciadas entre período juvenil curto e período juvenil longo que compreende o tempo entre a emergência de plântulas e o tempo necessário para que a planta esteja apta a receber o estímulo para a indução floral. No período juvenil curto, a planta inicia seu estímulo para a indução floral a partir das folhas unifolioladas, no período juvenil longo, o estímulo se inicia entre a 5ª e 7ª folha trifoliolada, ocasionando um tempo maior para o florescimento (Silva *et al.* 2022; Fehr; Caviness, 1977).

O ciclo compreende o número de dias que a planta levou a partir da emergência a plântula à maturação, e tal fato depende do ambiente localidade e época de semeadura, podendo ser classificadas como precoce, semiprecoce, médio, semitardio e tardio, tendo

essa variação relação a sensibilidade da planta ao fotoperíodo (Silva *et al.* 2022; Barros; Sedyama, 2009; Fehr; Caviness, 1977).

2.4. Melhoramento genético da soja

O melhoramento de plantas engloba os avanços científicos, as questões ambientais e sociais para alcançar produtos que trazem benefícios ambientais, como uma forma de aumentar a produção de alimentos a partir da adaptação da planta ao ambiente. Inicialmente com simples seleção de plantas com características superiores, e posteriormente a genética e a estatística foram envolvidas no melhoramento clássico de plantas (Niazian; Niedbała, 2020). Por isso, o melhoramento é uma atividade contínua que assegura cultivares produtivas em regiões diferentes, com o objetivo de aumentar a produtividade, precocidade, qualidade e quantidade de proteínas, óleos, resistência a fitopatógenos e pragas, tolerância a condições adversas, resistência a herbicidas, entre outros (Borém *et al.*, 2021; Silva *et al.*, 2018; Carneiro *et al.*, 2019).

Com base no avanço e desenvolvimento de novas cultivares o melhoramento da soja passa por alguns critérios, entre eles, o fato da espécie ser autógama, alguns procedimentos comuns são aplicados para o melhoramento em plantas tais como retrocruzamento, descendência de vagem única, criação de pedigree, e reprodução de população em massa, entre outros. Esses procedimentos englobam fazer cruzamentos ou híbridos por polinização manual, seguida de seleção, teste e, por fim, obter uma variedade superior de soja (Sleper; Shannon, 2003; Poehlman; Sleper, 1995). No final da década de 70, a cultura da soja possuía cinco milhões de hectares cultivados no Brasil. Atualmente, graças ao melhoramento de plantas, o cultivo da soja ocupa cerca de 34 milhões de hectares no País (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021)

Na década de 70, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e no Centro Nacional de Pesquisa de Soja, começou-se as pesquisas que possibilitaram o cultivo de soja em diferentes regiões brasileiras, a partir do desenvolvimento de populações entre cruzamentos de cultivares americanas com período juvenil longo, utilizadas como genitores nos cruzamentos para geração de populações segregantes com diferentes grupos de maturidade (Miyasaka *et al.*, 1970, Almeida; Kiihl, 1998, Almeida *et al.*, 1999).

Os investimentos públicos e privados possibilitaram os programas de melhoramento desenvolver cultivares que ajudaram na expansão da soja para as regiões Centro-Oeste, Norte e Nordeste alcançando através do desenvolvimento de cultivares com período juvenil longo, o seu estabelecimento nessas latitudes e época de semeadura.

Além de possibilitar a expansão territorial, os programas desenvolveram cultivares que associam melhor produtividade, resistências e precocidade. (Nogueira; Sedyama; Gomes, 2015). Os genótipos precoces comparados aos tardios encontram-se menos tempo no campo, assim, estão menos sujeitos a ocorrência de doenças e pragas (Alves de Andrade *et al.*, 2020).

Em programas de melhoramento uma etapa de grande relevância é a escolha dos potenciais genitores, sendo crucial para a busca do incremento da variabilidade genética visando à maximização da heterose e das combinações gênicas desejadas (Martin; Pires; Vey, 2022; Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). Assim, o sucesso do programa de melhoramento é baseado na escolha eficiente dos genitores e na habilidade de identificar genótipos superiores e que possuam as características desejadas para que, no futuro, possam ser utilizados como genitores. A partir da escolha dos genitores, ocorre a realização da hibridação artificial e para obtenção de populações segregantes, que são submetidas a sucessivas gerações de autofecundação a fim de alcançar indivíduos homocigotos (Sedyama; Silva; Borém, 2015).

2.5. Parâmetros e diversidade genética em soja

As estimativas de parâmetros genéticos são de extrema importância para programas de melhoramento, uma vez que orientam a tomada de decisão para seleção de genótipos superiores, ao permitir conhecer a estrutura genética de uma população tanto nas fases iniciais e avançadas de um programa de melhoramento (Hamawaki *et al.*, 2012; Matsuo *et al.*, 2012; Cruz, 2005; Falconer; Mackay, 1996; Koots *et al.*, 1994).

É importante, conhecer a natureza e consequências genéticas da manipulação dos efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres fornecendo assim, uma base para avaliação dos programas de melhoramento. A partir da interação dos efeitos genéticos e do ambiente tem-se a variabilidade fenotípica, que possibilita a predição de ganhos de seleção, assim, ajudando na definição de estratégia de um programa de melhoramento. (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Ramalho *et al.*, 2012). A soja é uma planta autógama, sendo possível por meio das populações segregantes estimar os parâmetros genéticos como a herdabilidade (Baldissera *et al.*, 2014).

A herdabilidade (H^2) é um parâmetro genético importante para os programas de melhoramento genético visto que se refere a confiabilidade do valor fenotípico como

indicador do valor genotípico (Falconer; Mackay, 1996; Ramalho *et al.*, 2012). A seleção nas gerações iniciais é eficiente quando se tem um H^2 elevado, ao contrário de caracteres com um H^2 restrito onde a seleção é mais eficiente em gerações avançadas (Jandong; Uguru; Okechukwu, 2020; Fehr, 1987). A H^2 no sentido amplo pode ser definida como a razão da variância genotípica (σ^2_g) pela fenotípica (σ^2_p), e no sentido restrito a H^2 pode ser definida como a razão da variância aditiva (σ^2_A) pela fenotípica (σ^2_p).

A herdabilidade pode variar conforme as características agrônômicas, e os fatores que afetam esta variação são: característica, método de estimação, diversidade na população, nível de endogamia da população, tamanho da amostra avaliada, número e tipo de ambiente considerados, unidade experimental considerada, precisão na condução do experimento e coleta de dados (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

No melhoramento genético um fator importante para que se obtenha o sucesso de qualquer caráter é necessário ele seja herdável e esteja presente em uma população que apresente variação genética e assim realizar a seleção do caráter desejado, pois leva em consideração o fator genético, o ambiente e interação desses fatores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). O componente de variância é uma medida das fontes de variação não controláveis denominado erro experimental ou variância de ambiente. A variância fenotípica (s^2_F) é igual a soma das variâncias genotípica (s^2_G), ambiental (s^2_E) e da interação genótipos x ambientes ($s^2_{G \times E}$) (Ramalho *et al.*, 2012).

O estudo de diversidade genética possibilita a compreensão da variabilidade genética das populações, sendo este estudo realizado por meio do acompanhamento em bancos de germoplasma, recursos genéticos vegetais, dados de conservação, entre outros fatores, os quais tem por objetivo esclarecer as relações genéticas, ou variabilidade total, e distribuição entre os genótipos (Oliveira Junior *et al.*, 2014; Rotili *et al.*, 2015; Júnior *et al.*, 2015). Portanto, em função da base estreita da soja no Brasil esses estudos são importantes para a seleção de genitores, conservação e gerenciamento de recursos genéticos (Bizari *et al.*, 2014).

A fim de melhorar a eficiência dos programas de melhoramentos o uso de genitores divergentes resulta em uma maior variabilidade da população segregante, e consequentemente aumenta a probabilidade de rearranjar os alelos em novas combinações favoráveis (Cox *et al.*, 1985; Nogueira, 2011; Bizari *et al.*, 2014). A hibridação em autógamias, em sua maioria, são cruzamentos entre dois genitores (biparentais). Assim, uma grande dificuldade neste modelo de cruzamento é a variação genética limitada e baixa capacidade de recombinação (Rigon *et al.*, 2012). Por isso, os estudos de

diversidade levam em consideração características agronômicas, morfológicas e moleculares para a seleção de potenciais futuros genitores (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

2.6. Interação genótipo e ambiente e seleção de genitores em soja

O ambiente é constituído de todos os fatores que afetam o desenvolvimento da planta, como condições edafoclimáticas, constituição química e física do solo, patógenos, pragas, entre outros fatores, sendo que os mesmos afetam o desenvolvimento das plantas (genótipos) (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). Portanto, as respostas dos genótipos em relação à variação dos ambientes podem ser consideradas previsíveis ou imprevisíveis, assim, mostrando que a interação genótipo x ambiente (GA) é o comportamento diferenciado dos genótipos em resposta às variações ambientais, onde o valor do fenótipo é estipulado pela constituição genética e contribuição do ambiente. (Cruz *et al.*, 2014; Chaves, 2001; Allard; Bradshaw, 1964).

Um ambiente, pode ser definido por local, épocas de semeadura, safras ou qualquer condição diferente de plantio, que venha a afetar o comportamento dos genótipos que estão sendo avaliados. A época de semeadura afeta o crescimento e desenvolvimento das plantas, pois as mesmas são afetadas por fatores como fotoperíodo, temperatura, radiação solar, dentre outros fatores que variam conforme a época de plantio. Portanto, considerar a época de plantio como ambiente, pode ser uma boa estratégia para a seleção de genótipos superiores e mais adaptados.

Ao iniciar um programa de melhoramento deve-se definir se o objetivo é desenvolver cultivares produtivas em um amplo espectro de ambientes ou de um cultivar altamente adaptada a ambientes específicos (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021), e desta forma o estudo da interação genótipo ambiente (GxA) é essencial para a seleção de indivíduos superiores (Duarte; Vencovsky, 1999).

Caso o programa tenha em vista produzir cultivares para o espectro amplo, a interação desejada de GxA deverá ser pequena, ao contrário das adaptadas para ambientes específicos onde a interação deverá ser alta (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). A ocorrência da interação genótipo ambiente, pode ser de diferentes formas. A interação GxA pode ser simples, na qual não ocorre mudança na classificação dos genótipos em diferentes ambientes avaliados, ou seja, os melhores genótipos em um ambiente também são em outro (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014), ou a interação pode ser complexa na qual

há mudança de ordenamento em diferentes ambientes avaliados (Chaves, 2001). Com base, na avaliação da interação genótipo ambiente, pode-se estudar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

Esta estabilidade fenotípica refere-se à capacidade relativa dos genótipos a adaptar-se às mudanças climáticas em um determinado local, sendo assim um conceito relevante para as empresas, públicas e privadas, que possuem programas de melhoramento (Ramalho *et al.* 2012).

Com o propósito de avaliar o desempenho nos ambientes escolhidos e quantificar a adaptabilidade e estabilidade das cultivares, são necessárias análises univariadas e/ou multivariadas (Bhartiya *et al.* 2017). O método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA), fundamenta-se da classificação dos genitores em grupos, com base na homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos (Kloster *et al.*, 2011).

A estimação do efeito da interação genótipo ambiente (GxA) pode ser realizada de três formas diferentes: a primeira é identificar genótipos específicos para cada ambiente; a segunda é realizar pesquisas de zoneamento e subdividir o ambiente em sub-regiões homogêneas; e a terceira é identificar cultivares com mais estabilidade em diferentes ambientes (Carneiro, 2019; Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

Uma seleção baseada em um ou poucos caracteres, muitas das vezes não é interessante, uma vez que ao fim dessa seleção, as populações podem apresentar poucos caracteres de interesse selecionados (Vasconcelos *et al.*, 2010). Com isso, a adoção do índice de seleção é uma alternativa viável uma vez que é possível através de seu uso a seleção conjunta e eficaz de vários caracteres (Rosado *et al.*, 2012; Cruz, 2013). Os índices de seleção visam a obtenção da melhor predição de ganhos e a eficiência no processo de seleção para desenvolvimento de cultivares que reúnam vários atributos de interesse econômico (Cruz *et al.*, 2012; Teixeira *et al.*, 2017). Vários são os índices de seleção utilizados em programas de melhoramento, e dentre eles podemos citar alguns bastante utilizados em programas de melhoramento, os quais são o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), índice da distância genótipo-ideótipo (Cruz, 2013), etc.

O índice de soma de classificação ou soma de postos foi desenvolvido por Mulamba e Mock (1978) baseado na soma de “ranks”. Tem como objetivo classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem que mais favoreça ao melhoramento, sendo, em seguida, somadas as ordens de “ranks” ou a classificação de cada genótipo, resultando no índice de seleção. O índice da distância genótipo-ideótipo

(Cruz, 2013) determina os valores ótimos para cada variável, bem como o intervalo de valores considerados adequados para o melhoramento, sendo que para cada variável são calculados a média, o máximo e o mínimo dos valores.

Desta forma, na identificação e seleção de genótipos superiores, parte-se do pressuposto que é preciso avaliar o desempenho da característica desejada e o grau de importância dessa característica para a escolha de um método de seleção (Castoldi *et al.*, 2011; Silva *et al.*, 2018; Martins *et al.*, 2001).

A seleção dos potenciais genitores em uma população com alta variabilidade genética é possível ser feita de forma direta, indivíduos com melhor fenótipo, ou pela seleção indireta a partir das correlações entre caracteres. Podem ser considerados potenciais genitores as cultivares em uso, as linhagens de elite, estoques genéticos (linhagens não possuem bom desempenho, mas são portadores de característica interesse), bancos de germoplasma, e cultivares em fases finais de desenvolvimento por programas de melhoramento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

REFERÊNCIAS

- ALLARD, R. W.; BRADSHAW, A. D. Implications of genotype-environmental interactions in applied plant breeding. **Crop Science**, v. 4, n. 5, p. 503-508, 1964. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1964.0011183X000400050021x>. Acesso em: jan. 2023
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: *QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. (Ed.). Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro*. Petrolina: Embrapa Semiárido, 1999. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/153831/recursos-geneticos-e-melhoramento-de-plantas-para-o-nordeste-brasileiro>. Acesso em: dez. 2022
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil: desafios e perspectivas. In: *GIL, M. S. C. (Ed.). Soja: Tecnologia da Produção*. Piracicaba: USPESALQ, 1998. p. 40-54.
- ALVES DE ANDRADE, C., RAMSDORF GOMES PATINNI, I., ANDREA PANTALEÃO, A., PEREIRA RIBEIRO TEODORO, L., NAUDI SILVA CAMPOS, C., PEREIRA DE SOUZA, J., PRADO, R. M., Eduardo Teodoro, P. (2020). Physiological response and earliness of soybean genotypes to soil base saturation conditions. **Journal of Agronomy and Crop Science**. DOI: 10.1111/jac.12439. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/jac.12439>. Acesso: jan. 2023
- ANGIOSPERM PHYLOGENY GROUP, CHASE, M. W., CHRISTENHUSZ, M. J., FAY, M. F., BYNG, J. W., JUDD, W. S., STEVENS, P. F. (2016). An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. **Botanical journal of the Linnean Society**. DOI: <https://doi.org/10.1111/boj.12385>. Disponível em: <https://academic.oup.com/botlinnean/article/181/1/1/2416499>. Acesso em: jan. 2023
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Genetics factors related with the inheritance in autogamous plant populations. **Journal of Agroveterinary Sciences**, Lages, SC, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20153092115>. Acesso: jan. 2023
- BARROS, H. B.; SEDIYAMA, T. (2009). **Luz, umidade e temperatura**. Tecnologias de produção e uso da soja. Londrina: Mecenas, 17-27.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M.. Importância Econômica: Origem da Soja. In: *SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; CÂMARA, G. SOJA: do plantio à colheita*. 2. ed. [S. l.]: Oficina de Textos, 2022. p. 6-20. ISBN 978-65-86235-67-8.
- BHARTIYA, A., ADITYA, J. P., SINGH, K., PURWAR, J. P.; AGARWAL, A. AMMI and GGE biplot analysis of multi environment yield trial of soybean in North Western Himalayan state Uttarakhand of India. **Legume Research: An International Journal**, v. 40, n. 2, 2017. DOI: 10.18805/lr.v0iOF.3548. Disponível em:

<https://arccjournals.com/journal/legume-research-an-international-journal/LR-3562>.
Acesso em: jan. 2023.

BICALHO, T.F., NOGUEIRA, A.P.O., HAMAWAKI, O.T., COSTA, S.C., MORAIS JÚNIOR, I.J. de ., SILVA, N.S., HAMAWAKI, R.L., HAMAWAKI, C.D.L., 2019. Adaptability and stability of soybean cultivars in four sowing seasons. **Bioscience Journal**, v. 35, n. 5, pp. 1450–1462. DOI: 10.14393/BJ-v35n5a2019-42351. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42351>. Acesso: jan. 2023.

BIZARI, E. H.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; VIANNA, V. F.; MEYER, A. S.; MAURO, A. O. Genetic diversity in early-maturing soybean genotypes based on biometric and molecular parameters. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, v. 12, p. 259-265, 2014. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20143310266>. Acesso em: jan. 2023

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R.. **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021. 384 p. ISBN 978-65-86235-35-7.

CARNEIRO, A. K. A. T.; PEREIRA, J. L. D. A. R.; ZAMBIAZZI, E. V.. Stability analysis of pure lines and a multiline of soybean in different locations. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.19, n.4, p.395– 401, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n4a56>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/qKg4sNjP6TzYYk9kCm8d7XS/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. Acompanhamento da safra brasileira grãos.

CATTELAN, A. J.; DALL’AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. **Oilseeds & fats Crops and Lipids**, [s.l.], v. 5, n. 1, D102, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1051/ocf/2017058>. Disponível em: https://www.ocf-journal.org/articles/ocf/full_html/2018/01/ocf170039/ocf170039.html. Acesso em: jan. 2023.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Org.). **Recursos Genéticos & Melhoramento de Plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 673-713.

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, p. 271-276, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/21251>. Acesso em: jan. 2023

CHUNG,G.; SINGH,R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v.27, n. 5, p.295-341, Sept. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1080/07352680802333904>. Disponível em:

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/07352680802333904>. Acesso em: jan. 2023

COX, T. S.; KIANG, Y. T.; GORMAN, M. B.; RODGERS, D. M. Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the soybean. **Crop Science**, v. 25, p. 529-532, 1985. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1985.0011183X002500030023x>. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1985.0011183X002500030023x>. Acesso em: jan. 2023.

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

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

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

DUARTE, J. B.; VENCOSKY, R. **Interação genótipos x ambientes: uma introdução à análise AMMI**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1999. 60 p. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/235941257_Interacao_genotipos_x_ambientes_Uma_introducao_a_analise_AMMI.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4. ed. New York: Longman, 1996. 464 p

FEHR, W. R. Principles of cultivar development - theory and technique. **New York, USA: Macmillan Publishing Company**, 1987. 536 p.

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

GAZZONI, D. L. A soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas. **Ciência e Cultura**, São Paulo, v. 70, n. 3, p. 16-18, Julho 2018. DOI: <http://dx.doi.org/10.21800/2317-66602018000300005>. Disponível em: http://cienciaecultura.bvs.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0009-67252018000300005&lng=pt&tlng=pt. Acesso em: jan. 2023

GWINNER, R.; SETOTAW, T. A.; PASQUAL, M., SANTOS, J. B. D.; ZUFFO, A. M.; ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T. Genetic diversity in Brazilian soybean germplasm. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 17, n. 4, p. 373-381, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n4a56>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/Cv9SwcLRX4DqHSpb7fy3zPk/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P.O.; SANTOS JÚNIOR, C.D.; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Piauí, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: jan. 2023

HANYU, J.; COSTA, S.; CECON, P.; MATSUO, É. Genetic parameters estimate and characters analysis in phenotypic phase of soybean during two evaluation periods. **Agronomy Science and Biotechnology**, [sl], v. 6, p. 1-12, 2020. DOI: <https://doi.org/10.33158/ASB.r104.v6.2020>. Disponível em: <https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/104>. Acesso em: jan. 2023

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. Genetics base of brazilian soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética= Brazilian Journal of Genetics**, v. 9, n. 2, p. 295-306, 1986.

HYMOWITZ, T. **Speciation and cytogenetics**. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). Soybeans: improvement, production and uses. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004. chap. 4, p. 97-136. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronmonogr16.3ed.c4>. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2134/agronmonogr16.3ed.c4>. Acesso em: jan. 2023.

JANDONG, E. A.; UGURU, M. I.; OKECHUKWU, E. C. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for agronomic and yield traits in soybean (*Glycine max* L.). **Afr J Biotechnol**, v. 19, n. 4, p. 201-206, 2020. DOI: [10.5897/AJB2019.16910](https://doi.org/10.5897/AJB2019.16910). Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJB/article-abstract/78BE16163465>. Acesso em: jan. 2023.

JUNIOR, J.A.F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; MAURO, A. O. D. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/BG9pVhnycqmnSJXSHwWcB7G/?lang=pt#>. Acesso em: jan. 2023.

KEHL, K.; CARVALHO, I. R.; SACON, D.; RIZZARDI, M. A.; LANGORO, N. C.; LORO, M. V.; MOURA, N. B.; LAUNTENCHLEGER, F. Strategic positioning of soybean based on the agronomic ideotype and on fixed and mixed multivariate models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 57, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02702>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/Vd9Hvt7DrwsdWPGCXgXN9vy/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023

KLOSTER, G.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVA, C.R.; NEVES, L.G.; PAIVA, SOBRINHO. S.; LUZ, P.B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 6, p. 452-459, 2011. DOI: [10.5039/agraria.v6i3a1140](https://doi.org/10.5039/agraria.v6i3a1140). Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v6i3a1140>. Acesso em: jan. 2023.

KOOTS, KR; GIBSON, JP; SMITH, C. Analyses of published genetic parameter estimates for beef production traits: 1. Heritability. **Anim. Breed. Abstr.**, v.62, p.309-

338, 1994 Disponível: https://www.researchgate.net/profile/John-Gibson-17/publication/255484662_Analyses_of_published_genetic_parameter_estimates_for_beef_production_traits_I_Heritability/links/60ed32570859317dbddb406e/Analyses-of-published-genetic-parameter-estimates-for-beef-production-traits-I-Heritability.pdf. Acesso em: jan. 2023

LORO, M. V., CARVALHO, I. R., SILVA, J. A. G., MOURA, N. B., HUTRA, D. J., LAUTENCHLEGER, F. Artificial Intelligence and Multiple Models Applied To Phytosanitary and Nutritional Aspects That Interfer in the Physiological Potential of Soybean Seeds. *Brazilian Journal of Agriculture - Revista de Agricultura*, 96(1), 324–338, 2021. DOI: <https://doi.org/10.37856/bja.v96i1.4258>. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/351057441_ARTIFICIAL_INTELLIGENCE_AND_MULTIPLE_MODELS_APPLIED_TO_PHYTOSANITARY_AND_NUTRITIONAL_ASPECTS_THAT_INTERFER_IN_THE_PHYSIOLOGICAL_POTENTIAL_OF_SOYBEAN_SEEDS. Acesso em: jan. 2023.

MARTIN, T. N.; PIRES, J. L. F.; VEY, R. T. **Tecnologias aplicadas para o manejo rentável da cultura da soja**. Santa Maria: Editora GR, 2022. ISBN 978-65-89469-57-5.

MARTINS, I. S.; MARTINS, R. C. C.; CORREIA, H. S. Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção; **Floresta e ambiente**, v. 8, n 1, p 36 – 43, jan /dez 2001.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. C. T.; CADORE, L. R. Estimativas de parâmetros genéticos, do tamanho ótimo da amostra e conversão de dados quantitativos em multicategóricos para genótipos de soja. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 34, n. 3, p. 265-273, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v34i3.14015>. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/14015>. Acesso: jan. 2023.

MODGIL, RAJNI; TANWAR, BEENU; GOYAL, ANKIT; KUMAR, VIKAS. **Soybean (Glycine max): Production**. In: TANWAR, Beenu; GOYAL, Ankit (ed.). *Oilseeds: Health Attributes and Food Applications*. [s. l.]: Springer, 2021. cap. 1, p. 2-46. ISBN 978-981-15-4194-0. *E-book*. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-981-15-4194-0>. Acesso em: jan. 2023.

BRASIL. Ministério da Agricultura e Pecuária. **Soja (*Glycine max* (L) Merrill)**. Brasília, DF, 2009. Disponível em: <<https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protacao-de-cultivar/agricolas>>. Acesso em: maio 2023.

MIYASAKA, S.; GUIMARAES, G.; KIIHL, R. A. S.; LOVADINE, L. A. C.; DEMATTE, J. D. Variedades de soja indiferentes ao fotoperiodismo e tolerantes a baixas temperaturas. **Bragantia**, Campinas, v. 29, n. 15, p. 169-174, 1970. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87051970000100015>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/gbX4R4QzmqDCPpFLQ63fyJm/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023

Müller, L. Taxonomia e morfologia. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. **A soja no Brasil**. 1 ed. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981. p. 65-104.

NIAZIAN, M.; NIEDBAŁA, G. Machine learning for plant breeding and biotechnology. *Agriculture*, [s.l.] v. 10, n. 10, p. 436, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture10100436>. Disponível em: [https://www.mdpi.com/2077-0472/10/10/436#:~:text=Machine%20learning%20techniques%2C%20along%20with,\(metabolomic%20and%20genomic\)%20data](https://www.mdpi.com/2077-0472/10/10/436#:~:text=Machine%20learning%20techniques%2C%20along%20with,(metabolomic%20and%20genomic)%20data). Acesso em: jan. 2023.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 7-16, 2009.

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.

OLIVEIRA JUNIOR, I.; VELLO, N.A.; VIEIRA, P. D. M. J.; WYMINERSKY, P.T. Diallel among soybean genotypes with high oil content and resistance to sudden death syndrome. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, [s.l.], v. 57, n. 2, p. 178-186, 2014. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1516-89132014000200004>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/babt/a/ncK37C7k4WGSN6DRctFgzb/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023

POEHLMAN, J.M.; SLEPER, D.A. **Breeding field crops**. 4th ed. Ames, IA: Iowa State University Press, 1995.

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

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F. D.; ROSA, G. M. D.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/dWnFQRznYbhv4MtMgN3C75G/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S., CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/KmpTGhgpXVNFL7nZn3LgGct/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023.

ROTI, E. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; PIMENTA, R. S.; DE CARVALHO, E. V. Importância das características morfológicas e agronômicas no estudo da biodiversidade genética em milho. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, [s.l.], v. 10, n. 5, p. 10, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.18378/rvads.v10i5.3671>. Disponível em:

<https://www.gvaa.com.br/revista/index.php/RVADS/article/view/3671>. Acesso em: jan. 2023

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P. R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênes f2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. **Nucleus**, v. 15, n. 1, p. 61-70, 2018. Disponível em: <http://www.nucleus.feituverava.com.br/index.php/nucleus/article/view/2169/2550>. Acesso em: fev. 2023

SANTOS, J. V. M.; VALLIYODAN, B.; JOSHI, T.; KHAN, S. M.; LIU, Y.; WANG, J.; ABDELNOOR, R. V. Evaluation of genetic variation among Brazilian soybean cultivars through genome resequencing. **BMC Genomics**, [s.l.], v. 17, n. 1, p. 110, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12864-016-2431-x>. Disponível em: <https://bmcgenomics.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12864-016-2431-x>. Acesso em: jan. 2023.

SALIN, D. Brazil Soybean Transportation. November 2022. U.S. Department of Agriculture, Agricultural Marketing Service (USDA). Web.

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

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G. M.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da soja: parte I**. Viçosa, MG: UFV, Imp. Univ., 1985.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. **Melhoramento da soja**. In: *Produtividade da soja*. Viçosa: Editora UFV, 2016.

SILVA, F. M. DA; PEREIRA, E. DE M.; VAL, B. H. P.; PERECIN, D.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Strategies to select soybean segregating populations with the goal of improving agronomic traits. **Acta Scientiarum Agronomy**, [s.l.], v. 40, n. 1, p. e39324, 2018. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.39324>. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/39324>. Acesso em: jan. 2023.

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

SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; CÂMARA, G. **Soja: do plantio à colheita**. Oficina de Textos. 2022.

SINGH, R. J. Botany and cytogenetics of soybean. In: *The soybean genome*. Springer, Cham. 2017. p. 11-40.

SLEPER, D. A.; SHANNON, J. Grover. **Role of public and private soybean breeding programs in the development of soybean varieties using biotechnology**. *AgBioForum*, v. 06, 2003. Disponível em: <https://mospace.umsystem.edu/xmlui/handle/10355/236>. Acesso em: jan. 2023

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, p. 01-13, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039842>. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/articles/year2017/vol16-4/pdf/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: jan. 2023.

TEJO, D. P.; FERNANDES, C. H. D. S.; BURATTO, J. S. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. **Rev Cient Eletr FAEF**, [s.l.], p. 1-9. 2019. Disponível em: http://faef.revista.inf.br/imagens_arquivos/arquivos_destaque/hw9EU5Lusw7rZZH_2019-6-19-14-11-1.pdf. Acesso em: jan. 2023

TOLOI, M.N.V.; BONILLA, S.H.; TOLOI, R.C.; SILVA, H.R.O.; NÄÄS, I.D.A. Development Indicators and Soybean Production in Brazil. **Agriculture**, [s.l.], 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture11111164>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/11/11/1164>. Acesso em: jan. 2023.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; RASSINI, J. B.; FREITAS, A. R. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 57 p. 205-210, 2010. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2010000200011>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/q4bXdKhvKv8BMnRrZ6JR6Nj/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A.. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and molecular Biology**, [s.l.], v. 36, p. 547-555, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/gmb/a/tYhyLGQzFRbX9tYP4MqbNgB/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023.

CAPÍTULO II

Diversidade genética em genótipos de soja na fase vegetativa e de florescimento

RESUMO

A hibridação artificial em soja é o principal método de melhoramento, portanto, é necessário constantemente selecionar genitores para constituir bloco de cruzamentos. Entre as metodologias para identificação de genitores divergentes estão as análises de dissimilaridade e agrupamento baseado em caracteres fenotípicos e/ou moleculares. Nesse contexto, objetivou-se nesta pesquisa avaliar as divergências genética entre genótipos de soja a partir de caracteres da fase vegetativa avaliados em duas épocas de semeadura; e avaliar e identificar genótipos promissores quanto ao ciclo e produtividade de grãos. A pesquisa foi conduzida em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU). O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados composto por 25 genótipos, os quais são constituídos blocos casualizados composto por 25 genótipos selecionados em populações F_4 , RC_{F3} , RC_{F4} . As testemunhas utilizadas foram BRS 7380RR, UFUS 6901, TMG 1179 RR, UFUS 7910. Os dados foram submetidos à análise de variância, os agrupamentos pelo teste Scott-Knott, medida de dissimilaridade de Mahalanobis, método de agrupamento hierárquico de Ligação Média entre Grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean - UPGMA*), método de agrupamento de otimização de Tocher, contribuição relativa de caracteres na dissimilaridade dos genótipos através da Metodologia de SINGH, análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva pelos métodos de Wricke e de Annichiarico. Verificou-se a existência de interação complexa de alta magnitude para produtividade e de baixa magnitude para número de dias de florescimento, ocorrência de genótipos com média-alta estabilidade, porém com baixas estimativas de produtividade, onde genótipos precoces apresentaram menor estabilidade, os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA apresentaram a mesma quantidade de grupos. Contudo, o método de dispersão gráfica por meio de variáveis canônicas resultou em menores quantidades de grupos.

Palavras chaves: potenciais genitores, adaptabilidade, estabilidade, produtividade, precocidade.

ABSTRACT

Artificial hybridization in soybeans is the main method of improvement, therefore, it is necessary to constantly select parents to form a block of crossings. Among the methodologies for identifying divergent parents are dissimilarity analyzes and grouping based on phenotypic and/or molecular characters. In this context, the objective of this research was to evaluate the genetic divergence between soybean genotypes based on vegetative phase traits evaluated in two dates; and evaluate and identify promising genotypes in terms of cycle and grain yield. The research was conducted under field conditions in the experimental area of the Soybean Genetic Improvement Program at the Federal University of Uberlândia (UFU). The experiment was conducted in a randomized block design composed of 25 genotypes, which are constituted by randomized blocks composed of 25 genotypes selected in populations F₄, RC_{F3}, RC_{F4}. The controls used were BRS 7380RR, UFUS 6901, TMG 1179 RR, UFUS 7910. Data were subjected to analysis of variance, groupings by the Scott-Knott test, Mahalanobis dissimilarity measure, hierarchical grouping method of Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), Tocher's optimization grouping method, relative contribution of traits to genotype dissimilarity using the SINGH methodology, analysis of adaptability and yield stability using Wricke's and Annichiaricco's methods. It was verified the existence of a complex interaction of high magnitude for productivity and of low magnitude for the number of days of flowering, occurrence of genotypes with medium-high stability, however with low productivity estimates, where early genotypes presented less stability, the methods of Tocher grouping and UPGMA presented the same number of groups. However, the graphical dispersion method using canonical variables resulted in smaller numbers of groups.

Keywords: potential parents, adaptability, stability, productivity, precocity.

1 INTRODUÇÃO

A escolha de genitores deve seguir dois critérios: ser feita com base em informações e procedimentos científicos, tendo em vista aumentar a obtenção de cultivares superiores, assim a seleção de genitores e de populações segregantes pode ser feita nas fases iniciais em programas de melhoramento (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). À medida que se vai avançando em programas de melhoramento, torna-se importante a seleção de genótipos superiores, com avaliação dos ganhos genéticos. Estes ganhos estão associados a escolha de genitores, estimativas de parâmetros genéticos, divergência entre os materiais genéticos e expressão gênica de caracteres em diferentes ambientes ou épocas de plantio, ou seja, a interação genótipo ambiente. Uma das maiores dificuldades encontradas pelos melhoristas, é a escolha de genitores. Portanto, o melhorista deve estar atento tanto para a seleção de genitores quanto a avaliação e predição do comportamento de populações segregantes (Valério *et al.*, 2009).

A obtenção de novas cultivares consiste em várias etapas, começando pela caracterização de germoplasma; estudo de variabilidade, planejamento dos blocos de cruzamento, métodos de melhoramento, seleção das plantas, valor de cultivo e uso (VCU) (Carmo *et al.*, 2019). Neste processo, a seleção de genitores é crucial para o sucesso do programa de melhoramento, pois a base genética da soja é estreita, na qual poucos ancestrais são responsáveis pela variabilidade (Dubey, 2019).

Entre as várias formas de escolher genitores potenciais se destacam as linhagens-elites que agregam vantagens comparativas ao programa de melhoramento visando o avanço do desenvolvimento de cultivares ao incluir as principais linhagens em fase final de avaliação como potenciais genitores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). Na seleção é sugerido observar um conjunto de caracteres ao invés de individuais (Val *et al.*, 2014), assim para a determinação de divergência genética através de análises multivariadas torna-se bastante propícia.

Na determinação da diversidade genética podem ser adotados caracteres fenotípicos e/ou moleculares, os quais conjuntamente podem levar à melhor compreensão da variabilidade genética disponível. Estudos de divergência genética com caracteres fenotípicos em soja tem sido frequentemente realizado, contudo, adotam predominantemente apenas caracteres agrônômicos, que requer a avaliação durante todo o ciclo da cultura. Por outro lado, caracteres da fase vegetativa tem sido identificados como descritores adicionais (Chaves *et al.* 2017; Matsuo *et al.* 2012; Alves *et al.* 2019; Machado *et al.* 2017), os quais podem ser úteis em estudos de dissimilaridade genética,

contribuindo para avaliação de genitores em curto período. Hanyu et al (2020) avaliaram 28 genótipos para duas características em duas épocas diferentes na fase vegetativa.

Diante disso, o objetivo deste capítulo avaliar a divergências genética entre genótipos de soja a partir de caracteres da fase vegetativa avaliados em duas épocas de semeadura; e avaliar e identificar genótipos promissores quanto ao ciclo e produtividade de grãos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Área e esquema experimental

A pesquisa foi conduzida em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), locada na Fazenda Experimental Capim Branco cujo georeferenciamento é 18° 52' de latitude S, 48° 20' de longitude W e 835 m de altitude, no município de Uberlândia (MG).

Avaliou-se 25 genótipos de soja, sendo 21 progênies (Quadro 1) selecionadas em 3 populações de soja e 4 cultivares (BRS 7380RR, UFUS 6901, TMG 1179 RR, UFUS 7910). Adotou-se o delineamento de blocos completos casualizados com 3 repetições. Cada unidade experimental foi constituída por uma linha de 5,0 m com plantas de soja, espaçadas em 0,5 m.

Quadro 1. Progênies avaliadas e origem.

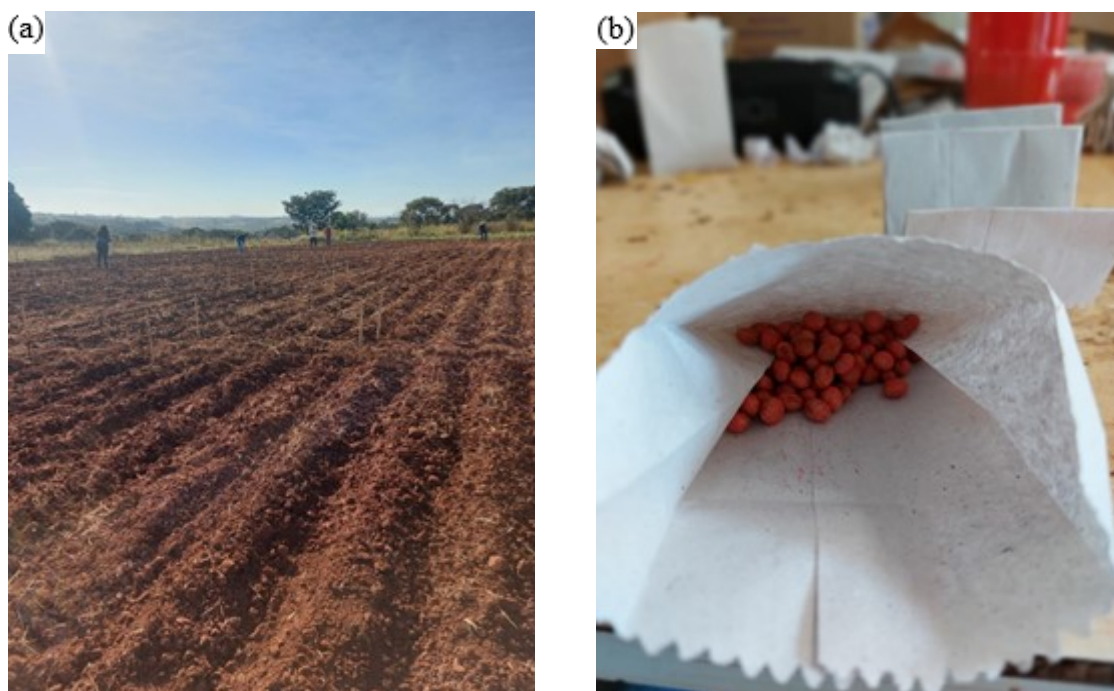
Número de progênies	Origem	Geração
4	TMG801 x BMX DESAFIARR	F ₄
1	TMG801 x BMX DESAFIARR	F ₄
2	UFUS6901 x TMG801	RC1P1F ₄
3	UFUS6901 x BRSGO7560	RC1P2F ₄
5	BRS7380RR x TMG1179RR	RC1P2F ₃
5	BRS7380RR x TMG1179RR	F ₄
1	TMG801 x BMX DESAFIARR	F ₄

2.2. Instalação e condução do experimento

A semeadura da primeira época ocorreu em 07 de junho de 2022 e da segunda época 09 de novembro de 2022, ambas a uma profundidade de aproximadamente 2,0 cm. A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com 5,0 cm de profundidade utilizando 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 08-28-16.

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

Figura 1: (a) Plantio, (b) Sementes tratadas acondicionadas em sacos de papel para o plantio.



Fonte: Autora.

Após a semeadura de ambos experimentos foram realizadas as aplicações dos herbicidas seletivos de pré-emergência composto por 960,0 g L⁻¹ de S-Metolacoloro e 46,2 g L⁻¹ de Nafta de Petróleo na dose de 1,0 L p.c. ha⁻¹.

Na primeira época foi realizada para controle de plantas daninhas a capina manual em 29 de agosto de 2022, e na segunda época, a capina manual foi realizada dia 5 de novembro de 2022.

Em relação ao controle fitossanitário, no primeiro experimento foi realizado em 15 e 30 de agosto de 2022, 09 de novembro de 2022, a aplicação de Bixafem + Protioconazol + Trifloxistrobina 0,45 L ha⁻¹, Lâmbida sialotrina + Tiametoxan 0,45 L ha⁻¹, óleo mineral 0,4 L ha⁻¹ com uma vazão de 200 L ha⁻¹. Em 15 de agosto de 2022 foi feita a aplicação de Fox Xpro 0,45 L ha⁻¹, Platium 0,45 L ha⁻¹, Iharol L ha⁻¹, com uma vazão de 200 L ha⁻¹.

Com a finalidade de complementação hídrica devido à falta de precipitação na época de ambos plantios, utilizou-se a irrigação com aspersor apresentando uma lâmina de água de 20 mm durante uma hora, três vezes por semana desde plantio.

2.3. Avaliações

Na primeira e segunda época foram avaliadas as seguintes características:

- I. Comprimento do hipocótilo – medido da superfície do solo até o nó cotiledonar, no estágio vegetativo V2.
- II. Comprimento do epicótilo – medido a partir do nó cotiledonar até os nós das folhas unifolioladas, no estágio vegetativo V3.
- III. Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada – medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção da folha unifoliolada, no estágio vegetativo V2.
- IV. Caracterização da folha unifoliolada – realizada em análise métrica e visual, nas duas folhas unifolioladas de cada planta, no estágio vegetativo V2. Mediram-se o maior comprimento da inserção do folíolo até o ápice. Com base nesses dados, foram calculados os coeficientes da largura da base (CLB) pela seguinte fórmula:

$$CLB = \frac{Largura}{Comprimento}$$

- V. Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada – medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção dos dois folíolos laterais da folha trifoliolada, no estágio vegetativo V3.
- VI. Comprimento da raque do folíolo central da primeira folha trifoliolada – medido a partir da junção dos dois folíolos laterais até a inserção do folíolo terminal, no estágio vegetativo V3.
- VII. Cor da flor – observou-se a cor das flores de cada cultivar, que foi classificada como branca ou roxa.
- VIII. Altura da planta no florescimento (R1) – A altura da planta foi obtida pela distância, em cm, do nível do solo até a extremidade apical da planta.
- IX. Número de nós na haste principal no florescimento (R1) – contou-se o número de nós a partir dos nós das folhas unifolioladas até o último nó visível da haste principal.
- X. Número de dias do florescimento (VE – R1) – calculado a partir da data de emergência a data de florescimento.

Para definição dos estádios vegetativos e reprodutivos das plantas, foi utilizada a escala de Fehr e Caviness (1977).

2.4. Análises

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres realizaram-se análises de variância conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter no genótipo “i”, na repetição “j”;

μ : média geral do caráter;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

ε_{ij} : erro experimental associado ao genótipo “i” no bloco “j”.

Em seguida estimou-se o coeficiente de determinação genotípico H^2 conforme a fórmula:

$$H^2 = \frac{\hat{\sigma}_g}{\frac{QM_{genótipo}}{r}}$$

$$\hat{\sigma}_g = \frac{QM_{genótipo} - QM_{erro}}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

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

$QM_{genótipo}$: quadrado médio dos genótipos;

QM_{erro} : quadrado médio do erro;

r : número de repetições.

Foram realizadas as análises de variância de forma individual em cada safra e também de forma conjunta, onde verificou-se a ocorrência da interação genótipo por ambiente.

Já na análise de variância conjuntas, considerando os dois ambientes (safras) o modelo matemático é:

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_{j(k)} + a_k + (ga)_{ik} + e_{ij(k)},$$

Em que:

Y_{ij} : valor observado da característica estudada, no tratamento i ($i=1, 2, \dots, I$) e no bloco (ou repetição) j ($j=1, 2, \dots, J$) no ambiente (safra) k ;

μ : média geral (de todas as observações) do experimento;

g_i : efeito do genótipo i ;

b_j : efeito do bloco j ;

a_k : efeito do ambiente (safra) k ;

$(ga)_{ik}$: efeito da interação genótipo por ambiente (safra);

e_{ij} : é o erro associado à observação y_{ij} .

Em todas as fontes de variação das análises de variância, no teste F, foi utilizado um nível nominal de significância de 0,05. Quando a fonte de variação genótipo mostrou-se significativa, ou seja, procedeu-se o agrupamento dos genótipos por meio do teste Scott-Knott ao nível nominal de 5% de significância.

Para a estimativa de divergência genética entre os genótipos, foi utilizada a medida de dissimilaridade generalizada de Mahalanobis, estimada para cada par de genótipos, conforme a equação:

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

Em que:

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

ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

A partir das distâncias generalizada de Mahalanobis, obteve-se o dendograma pelo método de agrupamento hierárquico de Ligação Média entre Grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* - UPGMA).

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (Rao, 1962).

Foi determinado a análise de adaptabilidade e estabilidade produtiva pelos métodos Wricke (1965) e Annichiaricco (1992), conforme os seguintes estimadores:

Wricke (1965):

$$\omega_i = r \sum GA^2_{ij} = r \sum (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y} \dots)^2$$

Em que:

r : número de repetições

Y_{ij} : média do genótipo i no ambiente j ;

\bar{Y}_i : média do genótipo i ;

\bar{Y}_j : média do genótipo j ;

$\bar{Y} \dots$: média geral.

Annichiaricco (1992):

$$W_i = \bar{Y}_i - Z_{(1-\alpha)}(\sigma_i)$$

Em que:

W_i : índice de confiança do genótipo;

\bar{Y}_i : média relativa do genótipo i nos ambientes classificados (%);

$Z_{(1-\alpha)}$: valor na distribuição normal ($\alpha = 0,75$);

σ_i : desvio padrão relativo do genótipo i nos ambientes classificados.

As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico GENES (Cruz, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observa-se a formação de diferentes grupos pelo teste de agrupamento Scott-Knott a 5% de significância para os caracteres avaliados apresentados na Tabela 1.

Os caracteres CLB, HIP, NNO e NDF constituem o mesmo grupo de genótipos para a primeira e segunda épocas. Com relação ao EPI, os genótipos UFU 114, UFU 130, UFU 26, UFU 111, UFU 74, UFUS 7910, BRS 7380RR apresentaram um desempenho menor na segunda época, quando comparado com a primeira.

O RAQ apresentou um menor desempenho na primeira época para as progênies UFU 68, UFU 62 e UFU 74. Ainda falando em termos de primeira época e em relação a PECUNI, a progênie UFU 114 apresentou um melhor desempenho quando comparado com a segunda época. Porém, as progênies UFU 74 e UFU 113 apresentaram o menor desempenho na 1ª Época.

Para a variável PECTRI, apenas as progênies UFU 40, UFU 127, UFU 131, UFU, 11, UFU 75 e UFUS 7010 fizeram parte do grupo de maior média em ambas das épocas, indicando assim uma melhor estabilidade desses materiais. As progênies UFU 130, UFU 111, UFU 73, UFU 74, UFU 40, UFU 93, UFU 11, UFU 47, UFU 61, UFU 75 e a testemunha BRS 7380RR, para o caráter APF apresentaram médias inferiores na segunda época.

Em relação aos genótipos não houve uma diferença significativa considerando a primeira época para os seguintes caracteres: RAQ, PECUNI, PECTRI e NNO. Já na segunda época o mesmo comportamento aconteceu para as variáveis: CLB, HIP, NNO e NDF.

Os genótipos UFU 124, UFU 62, UFU 130, UFU 111, UFU 73, UFU 74, UFU 40, UFU 93, UFU 61, UFU 75 e as testemunhas UFUS 7910, BRS 7380RR apresentaram APF superior aos outros genótipos estudados para a primeira época. Contudo, para a segunda na época, na mesma variável, apenas o genótipo UFU 62 demonstrou ser superior aos outros genótipos.

Em relação a NDF, os genótipos na segunda não apresentaram diferença significativa, contudo na primeira época, ocorreu diferença significativa, sendo que as menores médias são as desejadas, pois assim o ciclo será menor e, conseqüentemente, serão genótipos precoces.

Tabela 1. Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agronômicos da fase vegetativa e de florescimento em 25 cultivares de soja cultivadas em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.

Genótipo	CLB		HIP		EPI		RAQ		PECUNI		PECTRI		APF		NNO		NDF	
	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época	1ª Época	2ª Época
UFU 68	0,84Ac	0,95Aa	2,48Ab	2,65Aa	4,10Ac	3,27Ab	0,56Ba	0,77Ab	1,09Aa	0,84Ab	4,23Ba	6,23Ab	30,97Ab	33,47Ac	7,67Aa	9,00Aa	59,67Ad	39,33Aa
UFU 78	0,98Ab	0,97Aa	2,87Ab	2,78Aa	4,43Ab	3,83Aa	0,57Aa	0,66Ab	0,99Aa	0,95Ab	4,23Ba	7,57Aa	38,90Ab	37,07Ab	7,40Aa	8,33Aa	59,33Ad	41,67Aa
UFU 124	1,13Aa	0,93Aa	2,56Ab	2,56Aa	4,51Ab	4,43Aa	0,43Aa	0,51Ac	0,84Aa	0,75Ab	4,10Ba	5,89Ab	45,19Aa	42,90Ab	9,07Aa	8,67Aa	72,67Aa	43,67Aa
UFU 62	0,90Ab	0,87Aa	2,49Ab	2,32Aa	4,71Ab	4,03Aa	0,34Ba	0,69Ab	0,98Aa	0,69Ab	3,33Ba	6,06Ab	47,74Aa	53,67Aa	8,67Aa	9,00Aa	66,67Ab	44,67Aa
UFU 114	0,97Ab	0,89Aa	2,86Ab	2,75Aa	4,99Ab	3,81Ba	0,55Aa	0,43Ac	1,28Aa	0,94Bb	4,31Ba	5,59Ac	37,10Ab	33,60Ac	7,27Aa	8,00Aa	64,67Ab	43,33Aa
UFU 130	0,85Ac	0,83Aa	2,64Ab	2,67Aa	4,36Ab	3,12Bb	0,48Aa	0,38Ac	0,85Aa	0,80Ab	4,97Ba	6,22Ab	41,91Aa	32,90Bc	7,53Aa	9,33Aa	65,00Ab	42,00Aa
UFU 26	0,79Ac	0,90Aa	2,64Ab	2,71Aa	4,41Ab	2,90Bb	0,56Aa	0,51Ac	1,03Aa	0,84Ab	4,47Ba	6,25Ab	33,95Ab	28,83Ac	7,00Aa	8,00Aa	65,00Ab	43,33Aa
UFU 111	0,75Ac	0,84Aa	2,86Ab	2,72Aa	4,16Ac	3,24Bb	0,45Aa	0,45Ac	0,95Aa	0,75Ab	3,75Ba	5,19Ac	39,83Aa	29,67Bc	6,93Aa	7,67Aa	66,33Ab	45,33Aa
UFU 73	0,87Ac	0,87Aa	2,53Ab	2,45Aa	4,06Ac	3,83Aa	0,53Aa	0,67Ab	0,93Aa	0,78Ab	4,27Ba	5,59Ac	44,60Aa	29,27Bc	7,53Aa	7,67Aa	70,00Aa	44,00Aa
UFU 74	0,95Ab	0,91Aa	2,97Ab	2,67Aa	5,55Aa	3,89Ba	0,46Ba	1,01Ac	1,06Ba	0,92Ab	4,38Ba	6,87Aa	40,93Aa	30,97Bc	7,67Aa	8,00Aa	58,00Ad	44,67Aa
UFU 40	0,92Ab	0,93Aa	2,31Ab	2,35Aa	3,39Ac	3,54Aa	0,75Aa	0,68Ab	1,01Aa	1,36Aa	5,11Aa	5,32Ac	43,83Aa	28,33Bc	8,60Aa	9,00Aa	59,67Ad	41,33Aa
UFU 93	0,91Ab	0,96Aa	2,63Ab	2,65Aa	4,75Ab	3,95Aa	0,53Aa	0,57Ac	0,91Aa	0,84Ab	4,47Ba	5,69Ac	49,64Aa	24,87Bd	8,60Aa	8,67Aa	69,00Aa	42,00Aa
UFU 127	0,76Ac	0,88Aa	2,70Ab	2,72Aa	4,04Ac	3,35Ab	0,59Aa	0,47Ac	1,09Aa	0,97Ab	4,93Aa	5,75Ac	36,67Ab	32,47Ac	7,93Aa	8,67Aa	59,67Ad	43,33Aa
UFU 131	0,90Ab	0,89Aa	2,85Ab	2,74Aa	3,96Ac	3,15Ab	0,67Aa	0,51Ac	0,97Aa	0,76Ab	4,58Aa	5,13Ac	32,87Ab	24,73Ad	7,67Aa	9,33Aa	63,33Ac	38,67Aa
UFU 11	0,83Ac	0,88Aa	2,66Ab	2,47Aa	3,64Ac	3,10Ab	0,64Aa	0,57Ac	0,99Aa	0,73Ab	4,73Aa	5,46Ac	34,93Ab	18,83Bd	6,67Aa	7,33Aa	65,00Ab	41,67Aa
UFU 16	0,85Ac	0,90Aa	2,87Ab	2,39Aa	4,60Ab	3,93Aa	0,57Aa	0,56Ac	0,97Aa	0,89Ab	4,29Ba	5,61Ac	35,27Ab	35,03Ac	7,53Aa	7,33Aa	62,67Ac	44,33Aa
UFU 47	0,86Ac	0,80Aa	2,61Ab	2,41Aa	3,66Ac	3,09Ab	0,62Aa	0,63Ab	0,95Aa	0,76Ab	5,03Ba	6,17Ab	33,77Ab	24,40Bd	8,13Aa	8,33Aa	61,00Ac	40,00Aa
UFU 61	0,70Ac	0,80Aa	2,66Ab	2,37Aa	3,49Ac	3,35Ab	0,47Aa	0,60Ac	0,91Aa	0,83Ab	4,13Ba	5,90Ab	43,63Aa	29,77Bc	8,73Aa	9,00Aa	67,67Ab	43,67Aa
UFU 75	0,83Ac	0,88Aa	2,74Ab	2,52Aa	4,59Ab	3,91Aa	0,57Aa	0,73Ab	0,91Aa	0,88Ab	4,20Aa	5,01Ac	50,57Aa	34,50Bc	8,67Aa	8,33Aa	71,33Aa	42,67Aa
UFU 113	0,80Ac	0,86Aa	2,69Ab	2,48Aa	4,41Ab	2,91Bb	0,66Aa	0,72Ab	1,13Aa	0,91Ab	4,26Ba	7,07Aa	32,11Ab	31,70Ac	8,13Aa	8,67Aa	62,00Ac	41,00Aa
UFU 14	0,80Ac	0,80Aa	2,86Ab	2,52Aa	4,76Ab	3,78Ba	0,65Aa	0,57Ac	0,92Ba	1,26Aa	4,79Ba	7,95Aa	36,73Ab	30,43Ac	8,40Aa	9,00Aa	62,67Ac	41,33Aa
UFUS 7910	0,90Ab	0,87Aa	2,88Ab	2,38Aa	6,17Aa	3,67Ba	0,57Aa	0,69Ab	1,03Aa	0,77Ab	5,27Ba	6,42Ab	44,33Aa	39,27Ab	7,73Aa	9,33Aa	60,00Ad	42,33Aa
BRS 7380RR	0,90Ab	0,93Aa	2,83Ab	2,35Aa	3,99Ac	3,00Bb	0,55Aa	0,68Ab	0,87Aa	0,77Ab	3,99Ba	6,32Ab	41,40Aa	31,83Bc	7,27Aa	8,33Aa	66,00Ab	44,00Aa
UFUS 7010	0,86Ac	0,88Aa	4,57Aa	2,59Ba	4,51Ab	3,91Aa	0,55Aa	0,60Ac	0,96Aa	0,91Ab	4,53Aa	5,29Ac	34,83Ab	36,97Ab	8,67Aa	9,00Aa	58,67Ad	42,00Aa
TMG 1179RR	0,93Ab	0,88Aa	2,72Ab	2,77Aa	4,49Ab	4,02Aa	0,46Aa	0,60Ac	0,98Aa	0,82Ab	4,13Ba	5,45Ac	30,40Ab	29,10Ac	8,87Aa	9,67Aa	56,33Ad	43,33Aa

*Médias seguidas pelas mesmas letras maiúscula na horizontal (1ª Época x 2ª Época) constituem grupo estatisticamente homogêneo; médias seguidas pelas mesmas letras minúscula na vertical (Genótipos) constituem grupo estatisticamente homogêneo.

Foi observado a existência de variabilidade genética para as características de comprimento do epicótilo, comprimento da raque da primeira folha trifoliolada, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada, altura da planta no florescimento e número de dias do florescimento no nível nominal de significância de 0,01 pelo teste de F (Tabela 1) e a 0,05 para EPI.

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta de caracteres da fase vegetativa e do florescimento em 25 genótipos de soja em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.

FV	GL	QUADRADO MÉDIO								
		CLB	HIP	EPI	RAQ	PECUNI	PECTRI	APF	NNO	NDF
G	24	0,02**	0,31 ^{ns}	1,191**	0,03**	0,058*	1,212**	162,34**	2,103*	39,39**
A	1	0,006 ^{ns}	1,80 ^{ns}	25,74**	0,13**	0,49*	93,64**	1891,3**	14,10*	16769,30**
GxA	24	0,008 ^{ns}	0,24 ^{ns}	0,47*	0,03**	0,03 ^{ns}	1,03**	77,81**	0,51 ^{ns}	21,12**
Erro	96	0,008	0,50	0,26	0,01	0,03	0,33	26,928	1,148	6,39

FV: fontes de variação; GL: graus de liberdade; CLB: Coeficiente da largura da base da folha unifoliolada; HIP: Comprimento de hipocótilo; EPI: Comprimento de epicótilo; RAQ: Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada; PECUNI: Comprimento pecíolo da folha unifoliolada; PECTRI: Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada; APF: Altura de planta no florescimento; NNO: Número de nós na haste principal no florescimento; NDF: Número de dias do florescimento. ** e *: significativo ao nível de 1% e 5% respectivamente pelo teste F.

Observou-se a existência de variabilidade genética para comprimento do epicótilo, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada, comprimento da raque da primeira folha trifoliolada, altura da planta no florescimento, e número de nós na haste principal no florescimento, tanto para primeira época quanto para a segunda época, ao nível de 1% e 5%, pelo teste de F (Tabela 3). Desta forma, verifica-se a possibilidade dessas características entrarem como novos descritores da soja.

A proporção da variabilidade fenotípica que é atribuída a causas genéticas são informações obtidas a partir do parâmetro genético de coeficiente de determinação genotípico (H^2) (Ramalho *et al.*, 2012).

Tabela 3. Quadrado médio do genótipo, coeficiente de variação e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos de 25 genótipos de soja, em duas épocas de 2022, em Uberlândia- MG.

Caracteres	1ª época			2ª época		
	QMG	CV (%)	H ² (%)	QMG	CV (%)	H ² (%)
HIP	0,49 ^{ns}	26,72	0,00	0,072 ^{ns}	9,43	18,55
EPI	1,12 ^{**}	13,36	69,32	0,54 ^{**}	12,18	65,37
PECUNI	0,03 ^{ns}	15,23	18,21	0,70 ^{ns}	23,84	38,95
PECTRI	0,59 ^{**}	11,68	54,58	1,66 ^{**}	10,48	76,23
RAQ	0,02 ^{**}	16,42	65,78	0,052 ^{**}	23,45	60,00
CLB	0,23 ^{**}	12,66	46,52	0,006 ^{ns}	7,13	36,56
APF	102,67 [*]	15,98	61,63	137,49 ^{**}	11,81	89,48
NNO	1,38 ^{ns}	15,80	0,00	1,24 ^{ns}	9,97	41,71
NDF	56,91 ^{**}	4,80	83,57	9,61 ^{**}	4,35	60,14

HIP: Comprimento de hipocótilo; EPI: Comprimento de epicótilo; PECUNI: Comprimento pecíolo da folha unifoliolada; PECTRI: Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada; RAQ: Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada; CLB: Coeficiente da largura da base da folha unifoliolada; APF: Altura de planta no florescimento; NNO: Número de nós na haste principal no florescimento; NDF: Número de dias do florescimento. QMG: quadrado médio do genótipo; H²: herdabilidade; CV: coeficiente de variação; ns: não significativo; ** e *: significativo ao nível de 1% e 5% respectivamente pelo teste F, para o QMG (Quadrado médio do genótipo).

Interações significativas de genótipo x ambiente têm sido frequentemente relatadas na literatura para produção características durante a fase vegetativa e florescimento (Nogueira *et al.* 2008; Chaves *et al.* 2017; Hanyu *et al.* 2020; Matsuo *et al.* 2012; Alves *et al.* 2019; Machado *et al.* 2017). A existência de interação GxA está associada a dois fatores. O primeiro, denominado simples, é a diferença entre os genótipos, e o segundo, chamado complexo, consiste na ausência de correlação entre os genótipos. A interação é considerada de natureza simples quando a decomposição GxA excede 50% (Cruz *et al.* 2012).

Hanyul *et al.* (2020) obtiveram resultados similares em relação ao comprimento do hipocótilo não apresentando significância em V2, e o comprimento do epicótilo apresentando em significância a 5% pelo teste de F no estágio V3. Chaves *et al.* (2017) para as características comprimento de epicótilo, comprimento da raque da primeira folha trifoliolada e comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada apresentaram resultados semelhantes.

Os coeficientes de variação (CV) de todas as variáveis foram de baixa magnitude, sendo encontrado CV inferiores a 16,5%, exceto para o comprimento do hipocótilo na primeira época,

e comprimento da raque do folíolo terminal da 1ª folha trifoliolada e comprimento do pecíolo da folha unifoliolada da segunda época, para a qual os CV foram elevados, os quais foram respectivamente 26,71%, 23,45% e 23,84% (Tabela 3).

Contudo, Chaves et al. (2017), encontraram o menor valor para a medida de comprimento do hipocótilo. Esta variação que pode ser justificada por alguma influência do ambiente, visto que na primeira época as temperaturas médias apresentaram menores magnitudes, podendo influenciar diretamente na fisiologia da planta, e conseqüente no comprimento do hipocótilo.

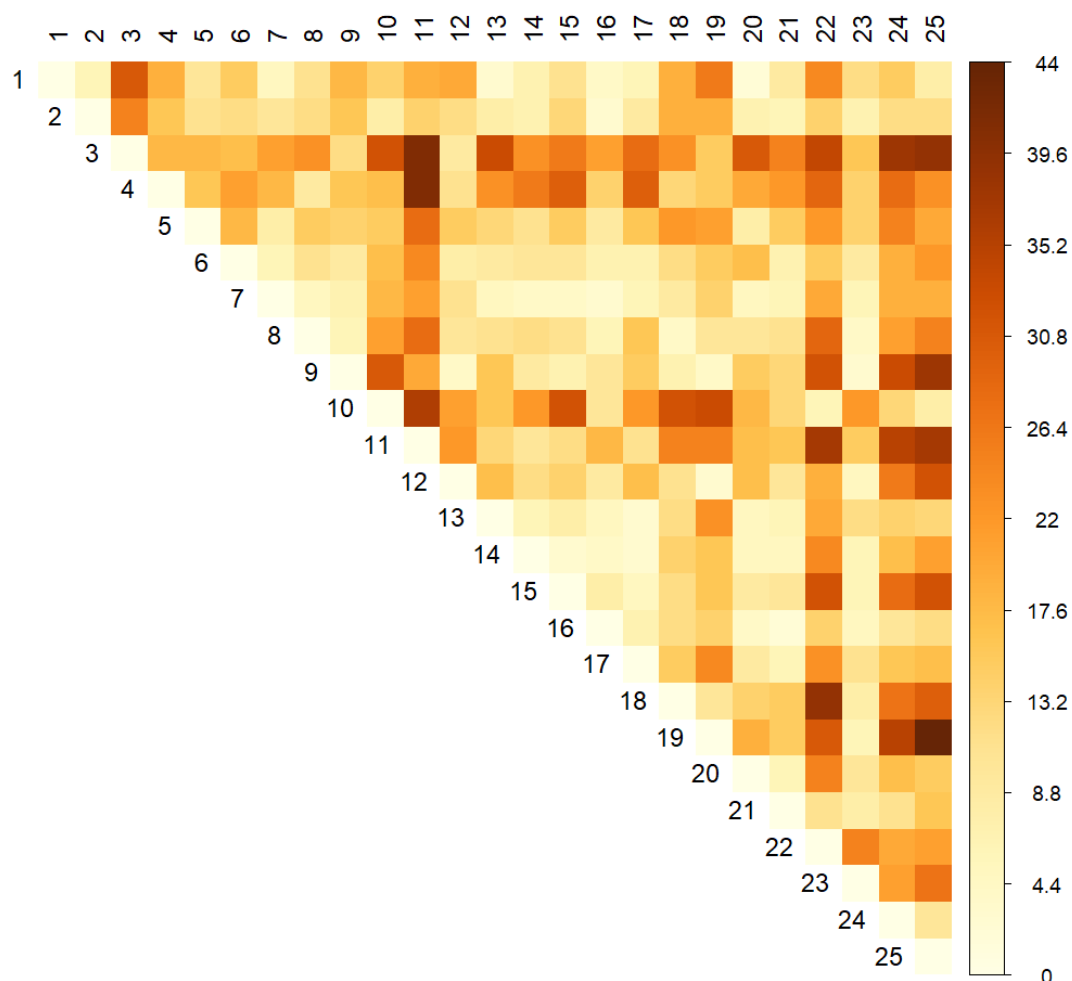
Segundo a Tabela 3, o H^2 apresentou valores alta magnitudes, sendo na primeira época o valor de 83,57% para a característica número de dias de florescimento e para a segunda época os valores maiores ou iguais a 70% foram apresentados pela comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada com valor de 76,23% e altura da planta no florescimento com o valor de 89,48%, tanto o número de dias no florescimento quanto altura da planta no florescimento apresentaram o outro valor do coeficiente de determinação genotípico um valor médio-alto, respectivamente 60,14% e 61,63%.

O comprimento do hipocótilo apresentou na primeira época o valor de 69,32% e na segunda época um valor de 65,37%, portanto manteve o seu coeficiente de determinação genotípico médio-alto. O comprimento da raque da primeira folha trifoliolada na primeira época apresentou a magnitude de 65,78% e na segunda época de 60%, assim como o EP manteve-se médio-alto.

Hanyul et al. (2020), Silva et al. (2019), Machado et al. (2017) e Teixeira (2017) obtiveram resultados do coeficiente de determinação genotípico de magnitudes maior que 70%. Contudo, Nogueira (2008) observou o coeficiente de determinação genotípico nos subestádios de floração variando entre 48,78% e 74,76% e Chaves et al. (2017) relataram o coeficiente de determinação genotípico do pecíolo da primeira folha unifoliolada em 62,09%. Vasconcelos et al. (2012) apontaram que variações observadas podem se atribuir aproximadamente metade para a origem genética e a outra metade para desvios experimentais.

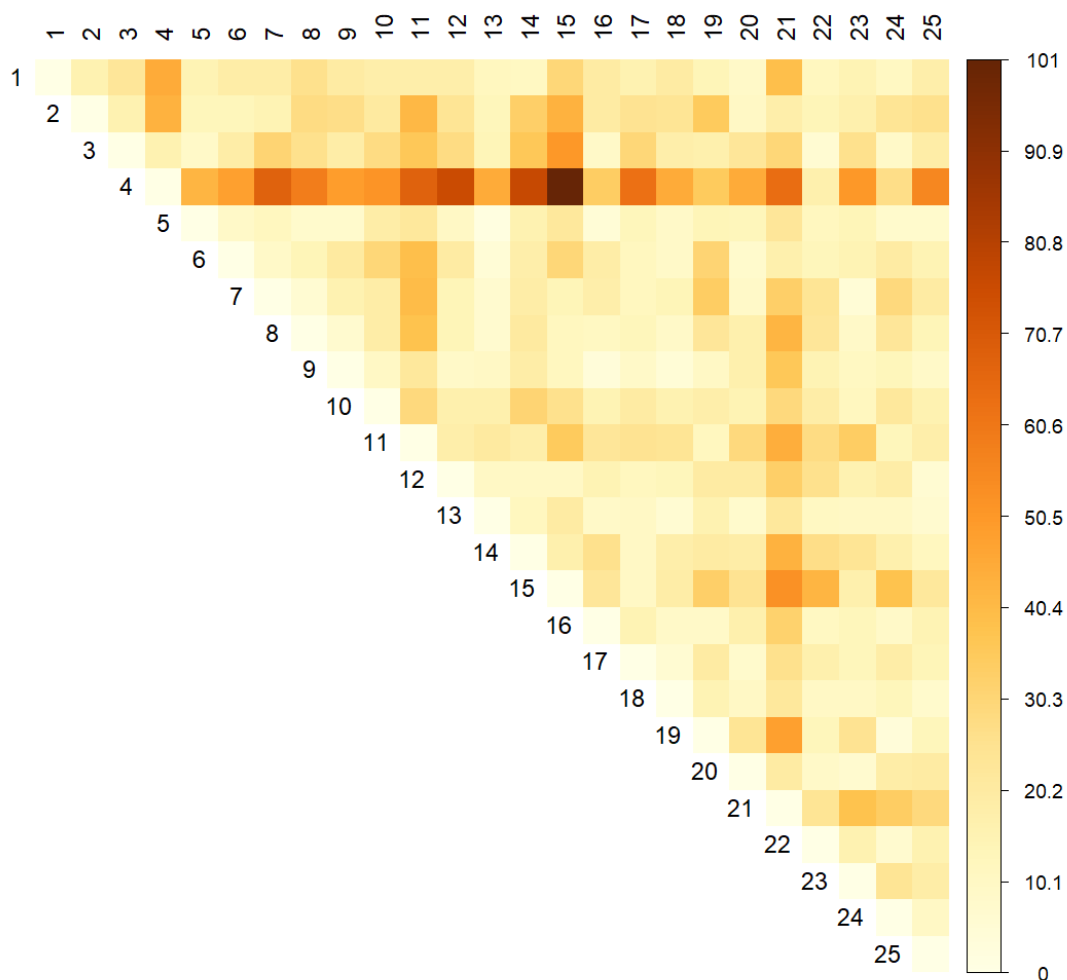
Além da estimação dos parâmetros genéticos, um ponto importante a ser considerado em um programa de melhoramento é a divergência genética presente entre os materiais avaliados. Esta divergência pode ser estimada a partir de medidas de dissimilaridade. Nas Tabelas 4 e 5 são apresentadas as medidas de dissimilaridade com base em 9 caracteres e na distância generalizada de Mahalanobis na primeira e segunda época, respectivamente.

Tabela 4. Dissimilaridade entre 25 genótipos de soja, na primeira época (junho), em relação a 9 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis.



(1) UFU 68, (2) UFU 78, (3) UFU 124, (4) UFU 62, (5) UFU 114, (6) UFU 130, (7) UFU 26, (8) UFU 111, (9) UFU73, (10) UFU 74, (11) UFU 40, (12) UFU 93, (13) UFU 127, (14) UFU 131, (15) UFU 11, (16) UFU 16, (17) UFU 47, (18) UFU 61, (19) UFU 75, (20) UFU 113, (21) UFU 14, (22) UFUS 7910, (23) BRS 7380RR, (24) UFUS 7010, (25) TMG 1179RR.

Tabela 5. Dissimilaridade entre 25 genótipos de soja, na segunda época (Novembro), em relação a 9 caracteres, com base na distância generalizada de Mahalanobis.



(1) UFU 68, (2) UFU 78, (3) UFU 124, (4) UFU 62, (5) UFU 114, (6) UFU 130, (7) UFU 26, (8) UFU 111, (9) UFU73, (10) UFU 74, (11) UFU 40, (12) UFU 93, (13) UFU 127, (14) UFU 131, (15) UFU 11, (16) UFU 16, (17) UFU 47, (18) UFU 61, (19) UFU 75, (20) UFU 113, (21) UFU 14, (22) UFUS 7910, (23) BRS 7380RR, (24) UFUS 7010, (25) TMG 1179RR.

As medidas de dissimilaridade genética estimada pela distância generalizada de Mahalanobis (D_2), com base nos 25 genótipos apresentaram amplitudes da distância na primeira época de plantio (Tabela 4), foram a máxima de 44 entre o acesso 19 (UFU 75) e 25 (TMG 1179RR), e a mínima de 3 entre o acesso 2 (UFU 78) e 16 (UFU 16). Diante disso, do ponto de vista genético, UFU 75 e TMG 1179RR são os mais divergentes e UFU 78 e UFU 16 os mais similares. Já a segunda época (Tabela 5), a amplitude de distância máxima foi de 101 entre acesso 4 (UFU 62) e 15 (UFU 11) e a mínima 2 entre o acesso 5 (UFU 114) e 13 (UFU 127). Sendo assim, UFU 62 e UFU 11 são mais divergentes que o UFU 75 e TMG 1179RR, e UFU 114 e UFU 127 são mais similares que UFU 78 e UFU 16.

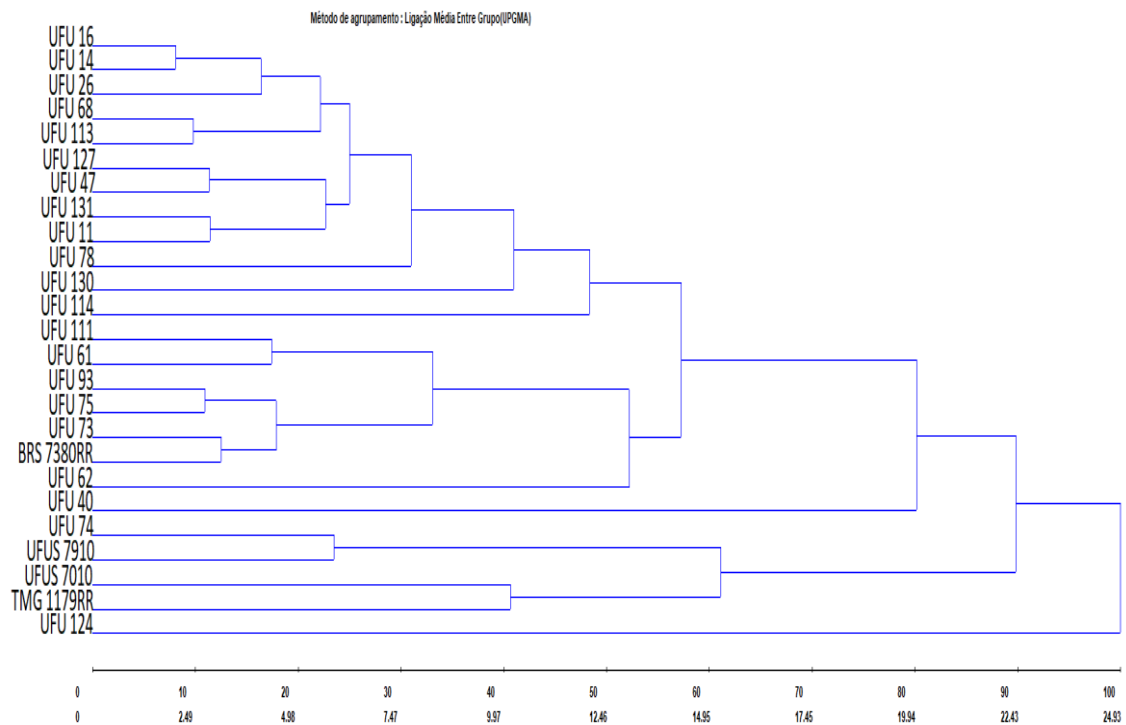


Figura 1 - Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade entre 25 cultivares de soja, cultivadas na primeira época (Junho), obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Uberlândia MG, 2022.

O método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) utiliza a média das distâncias entre cada par de genótipos para formar cada grupo. Os genótipos podem ser considerados mais promissores devido entre grupos apresentarem maior distância, conseqüentemente dando indícios de serem dissimilares. Porém, essas cultivares precisam manter médias elevadas e variabilidade para os caracteres que são os focos no melhoramento procurado.

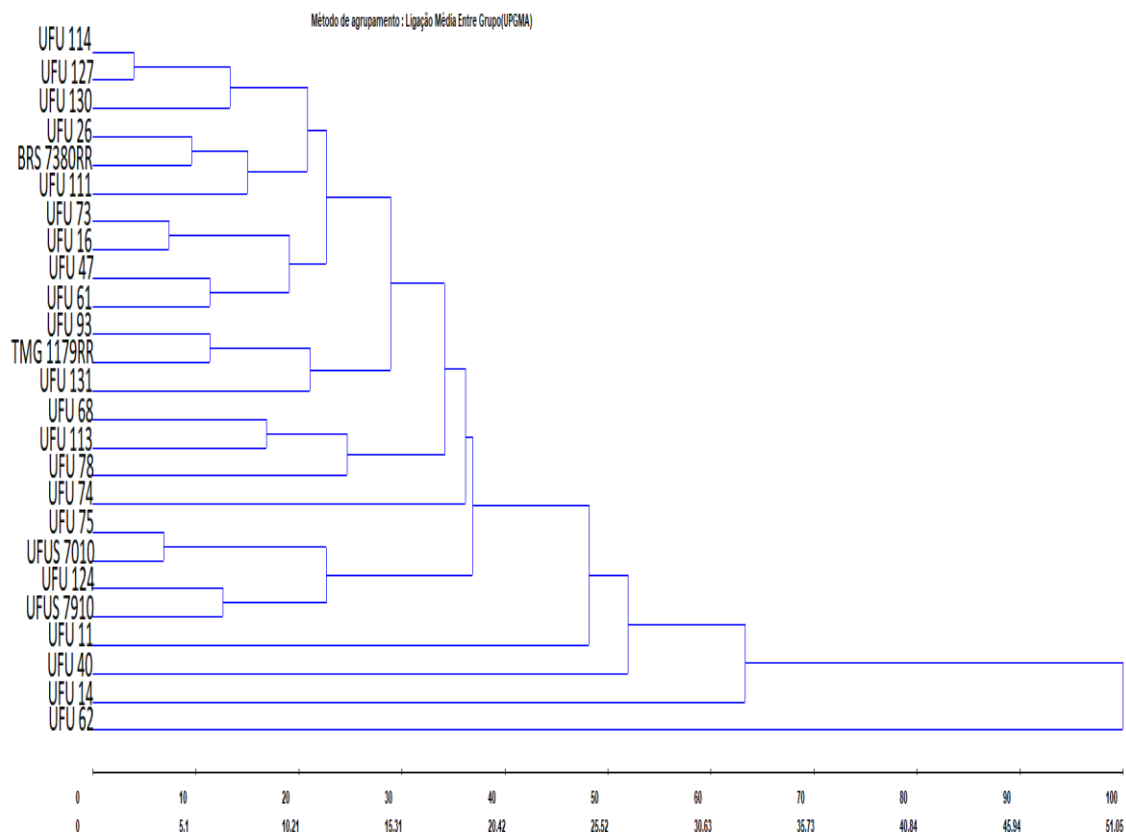


Figura 2 - Dendrograma ilustrativo do padrão de dissimilaridade entre 25 cultivares de soja, cultivadas na segunda época (Novembro), obtido pelo método UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2). Uberlândia - MG, 2022.

Segundo Hamawaki et al. (2012) em grandes escalas este método apresenta vantagens se relacionado a outros métodos hierárquicos, por isso, é adotado em grandes escalas no melhoramento de plantas. Machado et al. (2017) e Francisco et al. (2016) também utilizaram o método de agrupamento UPGMA. A delimitação do ponto de corte para análise dos métodos de agrupamento hierárquico foi estabelecida no ponto em que acontecem as maiores mudanças de níveis no dendrograma, assim como apontado por Cruz; Regazzi e Carneiro (2012).

Utilizando este método de delimitação, para análise dos dendrograma apresentados nas Figuras 1 e 2, adotou-se, respectivamente, 42% e 35% como valor do ponto de corte. A partir desse corte observou-se a formação de grupos. A primeira época apresentou 8 grupos e a segunda época apresentou 7 grupos.

A partir do agrupamento de otimização de Tocher entre os 25 genótipos estudados, obteve-se 8 grupos para a primeira época (Tabela 6), onde o primeiro grupo apresentou a maior quantidade de genótipos e os últimos grupos apresentaram a apenas um. Na segunda época (Tabela 7) constitui-se de 7 grupos, os quais ocorreu o mesmo fator, o qual o primeiro grupo

apresentou a maior quantidade de genótipos enquanto os últimos grupos apresentaram apenas um genótipo.

Tabela 6. Agrupamento de otimização de Tocher entre 25 genótipos de soja, na primeira época (Junho), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Matrizes
I	UFU 16, UFU 14, UFU 26, UFU 131, UFU 113, UFU 127, UFU 68, UFU 47, UFU 78, UFU 11, BRS 7380RR, UFU 111, UFU 130.
II	UFU 93, UFU 75, UFU 73, UFU 61.
III	UFU 74, UFUS 7910.
IV	UFUS 7010, TMG 1179 RR
V	UFUS 114
VI	UFU 62
VII	UFU 40
VIII	UFU 124

Tabela 7. Agrupamento de otimização de Tocher entre 25 genótipos de soja, na segunda época (Novembro), utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Matrizes
I	UFU 114, UFU 127, UFU 130, UFU 61, UFU 111, UFU 26, BRS 7380RR, UFU 113, UFU 47, UFU 73, UFU 16, TMG 1179RR, UFU 93, UFUS 7910, UFUS 7010, UFU 68
II	UFU 40, UFU 75
III	UFU 78, UFU 124
IV	UFU 131, UFU 11
V	UFU 74
VI	UFU 14
VII	UFU 62

Cantelli et al. (2016) a partir do estudo de diversidade genética em linhagens de soja, observaram que em todos os métodos de agrupamento, no primeiro grupo se reuniram a maior parte das linhagens todos. Machado et al. (2017), Peluzio et al. (2014), Oliveira et al. (2019),

também apresentaram no primeiro grupo a maior parte dos genótipos analisados, resultados semelhantes como o ocorrido nesse estudo.

Em ambas das épocas as matrizes UFU 16, UFU 26, UFU 113, UFU 127, UFU 68, UFU 47, BRS 7380RR, UFU 111 e UFU 130 foram alocadas no grupo um, a matriz UFU 75 também foi alocada no grupo dois em ambas das épocas, porém os demais grupos se defeririam. Os métodos UPGMA e Tocher obtiveram os mesmos resultados em relação à quantidade de grupos. Oliveira et al. (2019) e Zambiazzi et al. (2017) relataram a semelhança na formação de grupos a partir dos métodos de UPGMA com base na distância generalizada de Mahalanobis, e agrupamento de otimização de Tocher, colaborando com os resultados semelhantes obtidos nesse estudo.

Nas Figuras 3 e 4, são apresentadas as formações de grupos, baseados em variáveis canônicas, para as épocas de plantio de Junho e de Novembro, respectivamente.

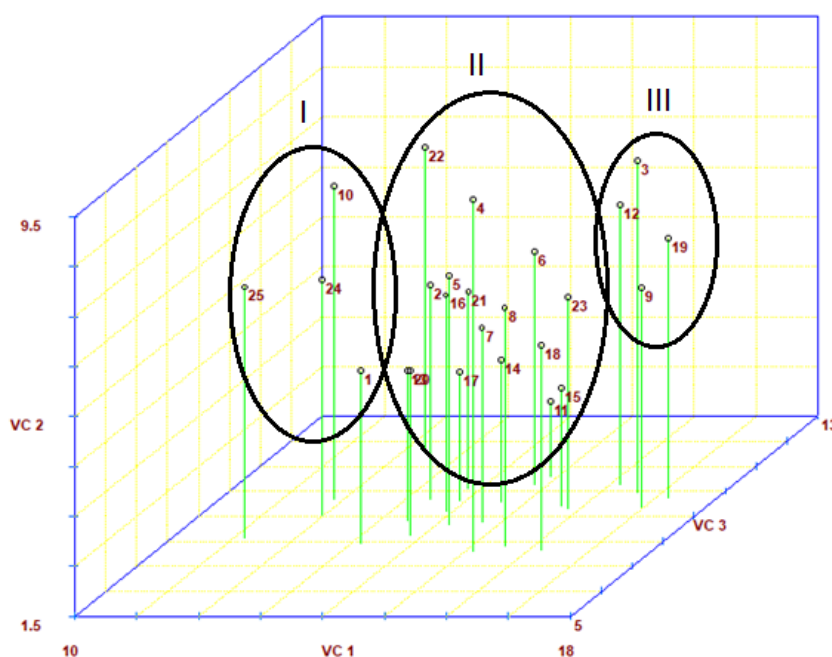


Figura 3. Gráfico de dispersão variáveis canônicas de 25 genótipos de soja, da primeira época (Junho), cultivadas em Uberlândia – MG. (1) UFU 68, (2) UFU 78, (3) UFU 124, (4) UFU 62, (5) UFU 114, (6) UFU 130, (7) UFU 26, (8) UFU 111, (9) UFU73, (10) UFU 74, (11) UFU 40, (12) UFU 93, (13) UFU 127, (14) UFU 131, (15) UFU 11, (16) UFU 16, (17) UFU 47, (18) UFU 61, (19) UFU 75, (20) UFU 113, (21) UFU 14, (22) UFUS 7910, (23) BRS 7380RR, (24) UFUS 7010, (25) TMG 1179RR.

Ao observar as variáveis canônicas na primeira época (Figura 3) é possível obter 3 grupos distintos, onde o genótipo 19 estaria mais distante geneticamente do genótipo 10,

tornando estes possíveis genitores. Dentre os 3 grupos a partir do corte realizado, primeiro e terceiro grupo apresentam quatro genótipos, segundo grupo, e maior grupo, com dezesseis os genótipos.

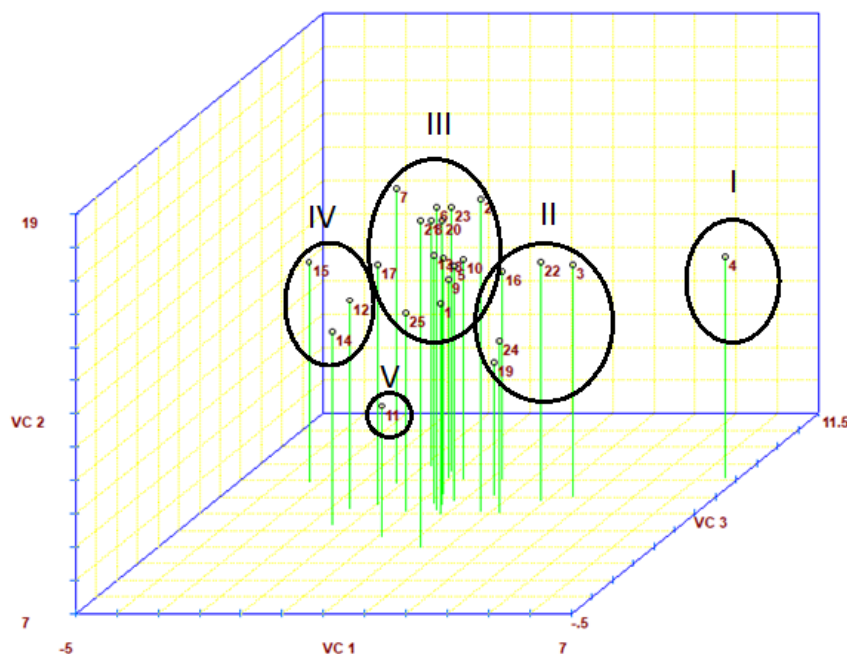


Figura 4. Gráfico de dispersão variáveis canônicas de 25 genótipos de soja, da segunda época (Novembro), cultivadas em Uberlândia – MG. (1) UFU 68, (2) UFU 78, (3) UFU 124, (4) UFU 62, (5) UFU 114, (6) UFU 130, (7) UFU 26, (8) UFU 111, (9) UFU73, (10) UFU 74, (11) UFU 40, (12) UFU 93, (13) UFU 127, (14) UFU 131, (15) UFU 11, (16) UFU 16, (17) UFU 47, (18) UFU 61, (19) UFU 75, (20) UFU 113, (21) UFU 14, (22) UFUS 7910, (23) BRS 7380RR, (24) UFUS 7010, (25) TMG 1179RR.

Ao observar as variáveis canônicas na segunda época (Figura 4) é possível obter 5 grupos distintos, onde o genótipo 4 estaria mais distante geneticamente do genótipo 15, tornando estes possíveis genitores. Dentre os 5 grupos a partir do corte realizado, primeiro e quinto grupo apresentam apenas um genótipo, segundo grupo com cinco genótipos, e terceiro grupo com onze genótipos, e por fim, o quarto com três genótipos.

Além dos agrupamentos serem importantes para seleções de futuros genitores e características em um programa de melhoramento, também é importante analisar a relação de genótipos com o ambiente. Como a produtividade e o ciclo são muito afetados pelas condições ambientais é de suma importância analisar as interações e estimativas dessas variáveis a adaptabilidade (Tabela 8).

Tabela 8. Resumo da análise da variância conjunta quanto ao ciclo total e produtividade de grãos de 25 genótipos de soja avaliados em duas épocas (Junho e Novembro) de semeadura em Uberlândia, Minas Gerais

FV	GL	QM	
		PROD	Ciclo
G	24	269465,82**	735,13**
A	1	5717,74 ^{ns}	1441,50*
GxA	24	177195,85*	87,61**
Erro	96	100457,99	8,41

FV: fontes de variação; GL: grau de liberdade; QM: quadrado média; PROD: produtividade. ** e *: significativo ao nível de 1% e 5% respectivamente pelo teste F, para o QM (Quadrado médio).

Observou-se a existência de variabilidade genética para as características de ciclo no nível de $P \leq 0,01$ pelo teste de F (Tabela 8) e a nível de $P \leq 0,05$ para PROD. Sendo que PROD não apresentou significância para fonte de variação ambiente.

Além de obter um alto potencial produtivo, é importante ressaltar que programas de melhoramento de soja buscam a obtenção de genótipos que reúnam características favoráveis (Zambiazzi *et al.*, 2017).

Segundo Cruz e Regazzi (2001), análises de adaptabilidade e estabilidade são estratégias que acatam a identificação de combinações genóticas de comportamento previsível e respostas as variações ambientais. Sedyama (2015) define que a adaptabilidade de uma variedade está associada à sua capacidade de assimilar as variações do ambiente. Portanto, a interação assume um papel crucial na manifestação fenotípica, sendo assim de suma importância na indicação de cultivares de programas de melhoramento genético (Meotti *et al.*, 2012; Colombari Filho *et al.*, 2013).

Em função da interação ter dado significativa entre genótipos e ambientes, tanto para Produtividade quanto Ciclo (Tabela 8), estudou-se o comportamento das médias das cultivares dentro das épocas e das épocas dentro das cultivares.

Os resultados encontrados das medias e com as respectivas letras, relacionadas ao agrupamento de médias por meio do teste de Scott-Knott ao nível de significância de 0,05 estão representados na Tabela 9.

Verificou-se que ocorreram diferenças significativas para genótipos dentro de cada época de avaliação (ambientes) tanto para Produtividade quanto Ciclo. Quando analisada a Produtividade e verificada se ocorreram diferenças significativas entre os ambientes dentro de cada genótipo, somente os genótipos UFU 124, UFU 74, UFU 93 apresentaram diferença significativa com maiores produções na segunda época.

Tabela 9. Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres de Produtividade e Ciclo de 25 cultivares em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.

Genótipos	Produtividade (g/m ²)		Ciclo (dias)	
	Junho 2022	Novembro 2022	Época 1	Época 2
UFU 68	433,77 Ab	246,67 Ab	104,00 Bd	112,67 Ad
UFU 78	371,80 Ab	316,33 Ab	102,00 Bd	113,33 Ad
UFU 124	599,33 Bb	1245,67 Aa	140,67 Aa	135,33 Bb
UFU 62	1041,23 Aa	766,33 Ab	140,00 Aa	134,00 Bb
UFU 114	457,20 Ab	920,33 Ab	134,33 Ab	136,33 Ab
UFU 130	840,27 Aa	663,67 Ab	128,33 Ac	132,33 Ab
UFU 26	737,50 Ab	811,33 Ab	134,33 Ab	125,00 Bc
UFU 111	671,67 Ab	805,00 Ab	133,67 Ab	132,00 Ab
UFU 73	919,50 Aa	810,00 Ab	138,67 Aa	140,33 Aa
UFU 74	289,67 Bb	833,00 Ab	104,00 Ad	101,33 Ae
UFU 40	598,77 Ab	461,33 Ab	106,33 Ad	102,00 Ae
UFU 93	715,17 Bb	1483,33 Aa	137,67 Aa	132,00 Bb
UFU 127	1129,57 Aa	902,00 Ab	136,33 Aa	127,67 Bc
UFU 131	713,33 Ab	722,33 Ab	138,00 Aa	125,00 Bc
UFU 11	728,57 Ab	673,33 Ab	134,33 Ab	129,67 Ac
UFU 16	845,47 Aa	728,67 Ab	139,33 Aa	135,00 Ab
UFU 47	610,57 Ab	258,00 Ab	135,33 Ab	127,00 Bc
UFU 61	1197,90 Aa	719,00 Ab	138,67 Aa	128,33 Bc
UFU 75	1189,57 Aa	556,00 Bb	140,33 Aa	127,67 Bc
UFU 113	637,63 Ab	616,67 Ab	142,67 Aa	125,67 Bc
UFU 14	574,93 Ab	772,00 Ab	137,67 Aa	122,67 Bc
UFUS 7910	325,60 Ab	407,33 Ab	125,00 Ac	113,33 Bd
BRS 7380RR	1042,40 Aa	807,00 Ab	142,00 Aa	123,33 Bc
UFUS 7010	708,17 Ab	718,67 Ab	141,33 Aa	125,67 Bc
TMG 1179RR	737,07 Ab	1181,33 Aa	143,00 Aa	135,33 Bb

*Média seguidas pelas mesmas letras maiúscula na horizontal e minúscula na vertical constituem grupo estatisticamente homogêneo de acordo com o teste Scott-Knott ao nível de 5% de significância.

O genótipo UFU 75 foi o único que apresentou diferença significativa entre as épocas e com maior produtividade na época 1. Quando se avaliou o comportamento dos genótipos dentro da época 1, verificou-se que os genótipos UFU 62, UFU 127, UFU 61, UFU 75 E BRS 7380RR estiveram presentes no grupo dos mais produtivos na época 1 e já na época 2, estiveram no grupo dos menos produtivos. Este comportamento é explicado pelo fato da porcentagem da interação complexa presente para Produtividade é de 88,25%, sendo bastante elevada.

Para o Ciclo a interação genótipo ambiente foi do tipo simples, visto que a porcentagem da interação complexa apresentou apenas 36,86%. Este resultado é confirmado por alguns

materiais como UFU 74 e UFU 40 serem mais precoces tanto na primeira época quanto segunda. Uma pequena variação de troca de comportamento ocorreu mais entre as tardias e semi-tardias, em relação as duas épocas.

As análises de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos para produtividade e ciclo foram realizadas pelos métodos da ecovalência (Wricke, 1965) apresentados na Tabela 10 e índice de confiança (Annicchiaricho, 1992) na Tabela 11.

Tabela 10. Estimativa de adaptabilidade e estabilidade pelo método de Wricke (1965) W_i (%) em relação ao número de genótipos para os caracteres de Produtividade e Ciclo de 25 cultivares em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.

Genótipos	Produtividade (g/m^2)	Ciclo (dias)
	W_i %	W_i %
UFU 68	1,40	15,77
UFU 78	0,16	21,93
UFU 124	14,18	0,05
UFU 62	2,91	0,00
UFU 114	7,17	4,80
UFU 130	1,26	7,42
UFU 26	0,13	0,70
UFU 111	0,52	1,47
UFU 73	0,52	4,41
UFU 74	9,94	0,89
UFU 40	0,79	0,25
UFU 93	20,15	0,02
UFU 127	2,03	0,43
UFU 131	0,00	3,30
UFU 11	0,16	0,17
UFU 16	0,59	0,25
UFU 47	4,70	0,32
UFU 61	8,51	1,22
UFU 75	14,72	2,98
UFU 113	0,04	8,32
UFU 14	1,20	5,52
UFUS 7910	0,17	2,13
BRS 7380RR	2,16	11,09
UFUS 7010	0,00	6,39
TMG 1179RR	6,58	0,15

Os genótipos que apresentaram baixo W_i (%), considerando os grupos de maior produtividade e menor produtividade, estiveram sempre presentes no grupo de menor produtividade. Os genótipos UFU 68, UFU 78, UFU 130, UFU 26, UFU 111, UFU 73, UFU 40, UFU 131, UFU 11 e UFU 113, apesar de fazerem parte do grupo de menor produtividade,

foram os mais estáveis. Portanto, a seleção deve ser realizada com base em cada época e não de forma geral, visto que os genótipos de maior produtividade, tiveram comportamento diferenciado em relação as épocas.

Desta forma, os genótipos com estabilidade mediana baixa apresentaram estimativas de produtividade mais altas, ou seja, resultados semelhantes aos de Prado et al (2001). Estes resultados são explicados por Pacheco et al (2005), pois consideram que, materiais mais estáveis, geralmente apresentam menores produtividades e vice-versa em processos de seleção.

Com relação ao ciclo, evidencia-se que dentre os genótipos mais precoces, UFU 74 e UFU 40 foram as que apresentaram menores estimativas de W_i em termos percentuais, ou seja, apresentam-se como os mais estáveis em relação as duas épocas. Já os genótipos UFU 68 e UFU 78, apesar de estarem classificados também como mais precoces foram menos estáveis, em função das maiores magnitudes de W_i .

A maioria dos genótipos de ciclo tardio, não variaram muito em relação as estimativas de W_i , as quais apresentaram-se de baixa magnitude, sendo, portanto, mais estáveis.

Os parâmetros de estabilidade e adaptabilidade dos genótipos de soja referentes a duas épocas de acordo com o método de Annicchiarico (1992) são apresentados na Tabela 11. Na análise, só foi possível estimar os efeitos de forma geral, em função de se ter apenas dois ambientes (épocas) não foi possível estimar os efeitos de W_i para os ambientes favorável e desfavorável. Porisso, na Tabela 10 são apresentados apenas os resultados de forma geral, tanto para produtividade quanto para o ciclo.

Na produtividade, os genótipos que apresentaram estimativas de W_i maiores do que 100 foram UFU 124, UFU 62, UFU26, UFU73, UFU93, UFU 127, UFU 16, UFU 61, UFU 75, BRS 7380RR e TMG 1179RR e também apresentaram as maiores magnitudes em termos de produtividade. Portanto, estes materiais apresentam condições de melhores comportamentos nos ambientes analisados de forma geral. A primeira época, foi considerada desfavorável para produtividade e a segunda época foi considerada favorável.

Tabela 11. Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja nas épocas de Junho e Novembro de 2022 em Uberlândia - MG, com base na metodologia de Annicchiarico (1992).

Análise Geral				
Genótipo	Produtividade		Ciclo	
	Média	Wi	Média	Wi
UFU 68	340,21	41,56	108,33	82,14
UFU 78	344,06	45,49	107,66	21,5
UFU 124	922,5	109,17	138	106,94
UFU 62	903,78	116,15	137	106,26
UFU 114	688,76	82,03	135,33	103,85
UFU 130	751,96	97,99	130,33	99,72
UFU 26	774,41	104,32	129,66	100,16
UFU 111	738,33	97,75	132,83	102,44
UFU 73	864,75	115,11	139,5	107,11
UFU 74	561,33	62,37	102,66	79,37
UFU 40	530,05	68,73	104,16	80,76
UFU 93	1099,25	130,14	134,83	104,55
UFU 127	1015,78	132,65	132	102,09
UFU 131	717,83	98,13	131,5	101,01
UFU 11	700,95	94,17	132	102,23
UFU 16	787,06	104,32	137,16	106,15
UFU 47	434,28	50,1	131,16	101,49
UFU 61	958,45	118,33	133,5	103
UFU 75	872,78	102,64	134	103,02
UFU 113	627,15	84,99	134,16	102,46
UFU 14	673,46	87,13	130,16	99,65
UFUS 7910	366,46	48,1	119,16	91,56
BRS 7380RR	924,7	120,03	132,66	101,025
UFUS 7010	713,41	97,57	133,5	102,15
TMG 1179RR	959,2	119,67	139,16	107,87

Considerando o ciclo, os genótipos mais precoces, ou seja, com medias abaixo de 108,33 dias foram os que apresentaram as menores estimativas de Wi que variaram de 21,5 a 82,14. Todas os demais genótipos, ou seja, tardios ou semitardios, apresentaram estimativas de Wi próximas ou maiores do 100, indicando assim que estes materiais apresentam em termos gerais, comportamentos semelhantes em ambientes tanto favorável como desfavorável.

A definição dos ambientes favorável e desfavorável para o ciclo, apresentou-se de forma invertida em relação a produtividade, sendo que a primeira época e a segunda época, consideradas favorável e desfavorável, respectivamente.

4 CONCLUSÃO

A. Os descritores: epicótilo (EPI), comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (PECTRI), comprimento da raque da primeira folha trifoliolada (RAQ), altura da planta no florescimento (APF) e número de dias de florescimento (NDF) são uteis para a caracterização e diferenciação de cultivares de soja.

B. Verificou-se a existência de interação complexa de alta magnitude para produtividade e de baixa magnitude para número de dias de florescimento.

C. Pelos métodos Wricke (1965) e Annicchiarico (1992) identificou-se as progênies UFU 61 e UFU 75 com produtividade de grãos superiores e com alta estabilidade.

REFERÊNCIAS

- ALVES, G. F., NOGUEIRA, J. P. G., MACHADO, R., FERREIRA, S. D. C., NASCIMENTO, M., MATSUO, E. Stability of the hypocotyl length of soybean cultivars using neural networks and traditional methods. **Ciência Rural**, [s.l.], v. 49, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180300>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/8FTpby8kMz4JFGYLWQtFwS/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **J. Genet. e Breed**, [s.l.], v.46, p. 269-278, 1992. Disponível em: <https://www.researchgate.net/profile/Paolo-Annicchiarico/publication/292006732_Cultivar_adaptation_and_recommendation_from_alfalfa_trials_in_Northern_Italy/links/58382a1608aed5c614880f4c/Cultivar-adaptation-and-recommendation-from-alfalfa-trials-in-Northern-Italy.pdf>. Acesso: maio 2023
- CARMO, F. L. do; HANNA, S. A.; UCHÔA, S. B. B.; ANGELI, R.; BRUCH, Kelly Lissandra. Cultivares - O que são, como se apropriar, como consultar. In: SANTOS, Wagna Piler Carvalho dos (org.). **Conceitos e Aplicações de Propriedade Intelectual**. Salvador - Bahia: Fortec, 2019. v. II, p. 349-399. ISBN 978-85-67562-39-1.
- CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and molecular research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, 2016. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr.15048836>. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/year2016/vol15-4/pdf/gmr8836.pdf>. Acesso em: jan. 2023.
- CHAVES, M. V. A.; SILVA, N. S.; SILVA, R. H. O.; JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A.; HAMAWAKI, C. D. L. Genotype x environment interaction and stability of soybean cultivars for vegetative-stage characters. **Genetics and Molecular Research**, 16(3)1–10, 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039795>. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/articles/year2017/vol16-3/pdf/gmr-16-03-gmr.16039795.pdf>. Acesso em fev. 2023.
- COLOMBARI FILHO, J.M.; RESENDE, M.D.V.; MORAIS, O.P.; CASTRO, A. P.; GUIMARÃES, E.P.; PEREIRA, J.A.; UTUMI, M.M.; BRESEGHELLO, F. Uplandrice breeding in Brazil: a simultaneous genotypic evaluation of stability, adaptability and grain yield. **Euphytica**, Wageningen, v.192, p.117-129, 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10681-013-0922-2>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-013-0922-2>. Acesso em: fev. 2023.
- CRUZ, C. D. A informática no melhoramento genético. In: Nass, L. L.; Valois, A. C. C.; Melo, I. S. de; Valadares-Ingles, M.C. (eds). In: Recursos genéticos e melhoramento de Plantas. Rondonópolis, Fundação MT, 2001.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados, ao melhoramento genético. Editora UFV Viçosa, Ed. 4th ed. Viçosa. 2012.

DO NASCIMENTO, Â. M. P.; REIS, S. N.; CARVALHO, L. M. ASPECTOS LEGAIS DA PRODUÇÃO DE PLANTAS ORNAMENTAIS. **Cultivo e manejo da Rosa-do-Deserto**, p. 60, 2021. DOI: 10.35587/brj.ed.0000975. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/353514891_ASPECTOS_LEGAIS_DA_PRODUCAO_DE_PLANTAS_ORNAMENTAIS. Acesso: fev. 2023.

DUBEY, A.; KUMAR, A.; ABD_ALLAH E. F.; HASHEM A.; KHAN M. L. Growing more with less: Breeding and developing drought resilient soybean to improve food security. **Ecological Indicators**, Coimbra, v.105, p.425-437, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2018.03.003>. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S1470160X1830147X>. Acesso em: jan. 2023

FRANCISCO, C. D. S. S., TUNEO, S., AMILTON, F. D. S., ANDR, R. G. B., DANIELE, P. R., LUCAS, V. F., COSME, D. C. Identification of new descriptors for differentiation of soybean genotypes by Gower algorithm. **African Journal of Agricultural Research**, [s.l.], v. 11, n. 11, p. 961-966, 2016. DOI: <https://doi.org/10.5897/AJAR2015.10158>. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJAR/article-abstract/32C826957607>. Acesso em: jan. 2023.

HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 3, n. 2, p. 76–83, 2012. DOI: 10.14295/cs.v3i2.192. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: jan. 2023.

JUNIOR, J. A. F. Unêda-Trevisoli, S. H., Espíndola, S. M. C. G., Vianna, V. F., Mauro, A. O. D. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/BG9pVhnycqmnSJKSHwWcB7G/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023

MACHADO, B.; NOGUEIRA, A.; HAMAWAKI, O.; REZENDE, G.; JORGE, G.; SILVEIRA, I.; MEDEIROS, L.; HAMAWAKI, R.; HAMAWAKI, C. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 2, p. 111, 2017. DOI: 10.4238/gmr16029696. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-2/pdf/gmr-16-02-gmr.16029696.pdf>. Acesso: fev. 2023.

MATSUO, É., SEDIYAMA, T., CRUZ, C. D., OLIVEIRA, R. DE C. T., CADORE, L. R. Estimates of the genetic parameters, optimum sample size and conversion of quantitative data in multiple categories for soybean genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, [s.l.], p. 265–273, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v34i3.14015>. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/14015>. Acesso em: jan. 2023.

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. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2012000100003>. Disponível

em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/gKwh6tmK85qCnsPSQWDNv9n/?lang=pt>. Acesso: fev. 2023

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; LIMA, P.C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.2, p.217-224, 1999. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X1999000200010>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/c6ccQy9NVc6v5BL3q4NndyF/?lang=pt>. Acesso: jan. 2023

MULATO, B.M.; MÖLLE, M.; ZUCCHI, M. I.; QUECINI, V.; PINHEIRO, J. B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and ESTSSR markers. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.45, n.3, p.276-283, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010000300007>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/H9TYTFh5ppGZfmSmFmqxDXR/?lang=en>. Acesso em: jan. 2023.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; PEREIRA, D. G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural**, [s.l.], 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782008000900003>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/x9y9KBnL3KmQzg7wnWFQZHJ/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, É. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, [s.l.], 2012. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576/11096>. Acesso: fev. 2023.

PACHECO, R.M.; DUARTE, J.B.; VENCOVSKY, R.; PINHEIRO, J.B.; OLIVEIRA, A.B. Use of supplementary genotypes in AMMI analysis. **Theoretical and Applied Genetics**, [s.l.], v.110, p.812-818, 2005. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1822-6>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00122-004-1822-6>. Acesso em: fev. 2023.

PRADO, E. E. D.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. D. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.36, n.4; p.625-635, 2001. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000400005>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/NsvkvGtYLSzKBffxWws3d9s/?lang=pt>. Acesso em: jan. 2023.

PELUZIO, J. M.; LOPES, L. A.; DE 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. DOI: <http://dx.doi.org/10.4322/rca.2013.058>. Disponível em: <https://doi.editoracubo.com.br/10.4322/rca.2013.058>. Acesso em: jan. 2023.

SEDIYAMA, T. Origem e evolução. Melhoramento genético da soja. Londrina, Editora Mecenas, p. 352, 2015.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, [s.l.], v. 16, n. 3, p. 1-17, 2017. DOI: 10.4238/gmr16039750. Disponível em: <https://www.semanticscholar.org/paper/Genetic-parameters-and-selection-of-soybean-lines-Teixeira-Hamawaki/061dcda2aedd1f94d8b5a5f391d0ed0fcad8f3fa>. Acesso em: fev. 2023.

VAL, B. H. P.; JÚNIOR, J. A. F.; BIZARI, E. H.; DI MAURO, A. O.; TREVISOLI, S. H. U. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. *Ciência & Tecnologia*, [s.l.], v. 6, n. 1, 2014. Disponível em: <<https://citec.fatecjaboticabal.edu.br/index.php/citec/article/view/48>>. Acesso em: maio 2023.

VALÉRIO, I.P.; CARVALHO, F.I.F.; OLIVEIRA, A.C.; SOUZA, V.Q.; BENIN, G.; SCHMIDT, D.A.M.; RIBEIRO, G.; NORBERG, R.; LUCH, H. Combining ability of wheat genotypes in two models of diallel analyses. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v.9, p.100-107, 2009. DOI:10.12702/1984-7033.v09n02a01. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/26851746_Combining_ability_of_wheat_genotypes_in_two_models_of_diallel_analyses. Acesso em: jan. 2023.

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. (2012). Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, 2012. DOI: <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33n1p65>. Disponível em: <https://ojs.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/5448>. Acesso: jan. 2023.

WRICKE, G. Zur berechnung der okovalenz bei sommerweizen und hofer. *Pflanzenzuchturg*, Berlin, v.52, p.127-138, 1965.

ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T.; SALES, A. P.; BORGES, I. M. M.; GUILHERME, S. R.; ZUFFO, A. M.; CARVALHO, M. L. M. Genetic diversity in soybean genotypes using phenotypic characters and enzymatic markers. *Genetics and Molecular Research*, [s.l.], v. 16, n. 3, 2017. DOI: 10.4238/gmr16039770. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28973749/>. Acesso em: jan. 2023.

CAPÍTULO III

Estratégias de seleção de progênies de soja visando ciclo e produtividade de grãos

RESUMO

A identificação e estudo de caracteres de interesse podem ser feitos a partir das estimativas de parâmetros genéticos, os quais são úteis na seleção de genótipos, onde, em gerações iniciais permitem orientar o processo de seleção das progênies mais promissoras, e também, escolher genitores com maior probabilidade de gerar recombinantes com interações desejadas. Desta forma, para alcançar o sucesso desejado de um programa de melhoramento, os melhoristas utilizam índices de seleção, os quais permitem realizar seleção simultânea de um conjunto de características de importância agrônômica. Portanto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e definir estratégias de seleção em genótipos de soja em programa de melhoramento genético. A pesquisa foi conduzida em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU). O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados composto por 68 tratamentos, os quais eram constituídos por 4 populações segregantes RCF_{4.5} provenientes de retrocruzamentos simples, sendo elas: UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada TMG 801; UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada com UFUS 7010; UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com BRSG 7560, por fim, UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com UFUS 7010. As testemunhas utilizadas foram UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560. O experimento foi avaliado para os caracteres agrônômicos e componentes de produção nos estádios fenológicos R1, os dados foram submetidos à análise de variância, os agrupamentos pelo teste Scott-Knott, índice baseado em soma de “ranks”- MULAMBA & MOCK (1978), índice da distância genótipo-ideótipo. Pode-se concluir que os índices de seleção proporcionaram os maiores ganhos genéticos para os dois índices analisados, estavam relacionados a caracteres ligados a produção (PROD) número de vagens total (NVT) e peso de grão por planta (PGP), A seleção direta apresentou os maiores ganhos genéticos nos caracteres de interesse agrônômico para PROD, número de vagens de 2 e 3 grãos (NV2 e NV3), número total de vagens (NVT) e PGP. Já na seleção indireta em relação ao caráter PROD, todos os outros caracteres apresentaram ganho de seleção positivo, exceto número de dias de florescimento (NDF), Ciclo, número vagens de 0 grãos (NV0) e número de sementes por vagem (NSV).

Palavras chaves: parâmetros genéticos, genótipos, índices, interações, ganho de seleção.

ABSTRACT

The identification and study of characters of interest can be done from the beliefs of genetic parameters, which are useful in the selection of genotypes, where, in early generations, they can guide the selection process of the most promising progenies, and also to choose genitors with greater probability of generating recombinants with desired interactions. Thus, to achieve the desired success of a breeding program, breeders use selection indices, which allow simultaneous selection of a set of traits of agronomic importance. Therefore, the objective of this work is to estimate genetic parameters and define selection strategies in soybean genotypes in a genetic improvement program. The research was conducted under field conditions in the experimental area of the Soybean Genetic Improvement Program at the Federal University of Uberlândia (UFU). The experiment was conducted in a randomized block design consisting of 68 treatments, which consisted of 4 segregating RCF_{4:5} populations from simple backcrosses, namely: UFUS 7010 x TMG 801 backcrossed TMG 801; UFUS 7010 x TMG 801 backcrossed with UFUS 7010; UFUS 7010 x BRSGO 7560 backcrossed with BRSG 7560, finally, UFUS 7010 x BRSGO 7560 backcrossed with UFUS 7010. The controls used were UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560. The experiment was evaluated for agronomic traits and production components in the stages phenological R1, the data were submitted to analysis of variance, groupings by the Scott-Knott test, index based on sum of ranks - MULAMBA & MOCK (1978), genotype-ideotype distance index. It can be concluded that the selection indices provided the highest genetic gains for the two analyzed indices, were related to traits linked to production (PROD), total number of pods (TNP) and grain weight per plant (WGP). Direct showed the highest genetic gains in traits of agronomic interest for PROD, number of 2 and 3 grain pods (NP2 and NP3), total number of pods (TNP) and WGP. In the indirect selection in relation to the PROD character, all other characters showed positive selection gain, except number of days of flowering (NDF), Cycle, number of pods of 0 grains (NP0) and number of seeds per pod (NSP).

Keywords: genetic parameters, genotypes, indices, interactions, selection gain.

1 INTRODUÇÃO

A soja do ponto de vista econômico, tornou-se uma das commodities mais importantes, além de ter seu uso como principal fonte de óleo e proteína e para alimentação animal e humana (Hartman *et al.*, 2011). Em função desta importância, os programas de melhoramento de soja foram aumentando tanto em quantidade como em qualidade com uso de técnicas estatísticas e de melhoramento.

No início os programas de melhoramento da soja eram baseados principalmente na seleção repetida de sementes preferidas pelos agricultores da população cultivada, sendo que, a partir do início de 1900, a hibridização artificial foi utilizada para o desenvolvimento de populações segregantes (Zhang *et al.*, 2021).

Esta hibridização artificial, passou então a ser amplamente incorporada aos programas de melhoramento da soja, como forma de expansão da base genética, resultando assim em melhorias significativas em relação a adaptabilidade e produção da soja nos mais diferentes ambientes (Anderson *et al.*, 2019). Espera-se, portanto, que um novo genótipo, proveniente de um programa de melhoramento apresente uma boa adaptabilidade nas áreas de cultivo e concomitantemente ter de maneira simultânea um conjunto de características favoráveis que resulte em um aumento significativo da produtividade de grãos e atender às demandas do mercado, como por exemplo, teor de óleo (Vianna *et al.*, 2019).

Para que os novos genótipos tenham condições de atingir esta adaptabilidade, torna-se necessário a avaliação dos mesmos em vários ambientes (locais, épocas, safras, etc), pois desta forma é possível identificar os genótipos superiores e também obter melhores estimativas de parâmetros genéticos, fatores estes que auxiliam no processo de seleção e assim um maior sucesso do programa de melhoramento (Ashworth *et al.*, 2020).

Corroborando com os autores supracitados, Santos *et al.* (2019), consideram que a identificação e estudo de caracteres de interesse pode ser feito a partir das estimativas de parâmetros genéticos, os quais são úteis na seleção de genótipos, onde, em gerações iniciais permitem orientar o processo de seleção das progênes mais promissoras, e também, escolher genitores com maior probabilidade de gerar recombinantes com interações desejadas.

A seleção de genótipos em uma população com elevada variabilidade genética pode ser alcançada de forma direta, selecionando os indivíduos com melhor fenótipo, onde pode-se obter respostas positivas ou negativas a partir da relação das características com as outras (Cruz, 2013). A seleção também pode ser alcançada a partir da seleção indireta diante do conhecimento

das correlações entre as variáveis; ou por intermédio de índices de seleção, que estimam valores de ganho genético fundamentados na seleção simultânea de vários caracteres (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). A seleção indireta é fundamentada na correlação entre caracteres, porém deve-se tomar cuidado ao selecionar um caractere que se correlaciona negativamente com um e positivamente com outro para não provocar mudança indesejada nas características da descendência.

Devido à dificuldade de selecionar múltiplas características simultaneamente e à complexidade de inferências sobre o que se quer selecionar, o conhecimento da associação entre características é de grande importância no melhoramento e surgiu necessidade de realizar seleção de um conjunto de características (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Desta forma, para alcançar o sucesso desejado de um programa de melhoramento, os melhoristas utilizam índices de seleção, os quais permitem realizar seleção simultânea de um conjunto de características de importância agrônômica, como o índice de soma da “*ranks*” de Mulamba e Mock (1978) o qual consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem favorável, e o índice de distância do genótipo ideal que permite valores ótimos para cada variável, onde para cada valor são calculados a média, máximo e o mínimo (Silva *et al.*, 2021; Cruz *et al.*, 2017, Teixeira *et al.*, 2017).

Desta forma, a aplicação de índices de seleção, estimação de parâmetros genéticos e outras técnicas de melhoramento resultará em um direcionamento ao melhorista para que o mesmo aumente os ganhos relacionados a caracteres de interesse, incurtindo assim em uma maximização da eficiência de um programa de melhoramento. Portanto, o objetivo deste trabalho é estimar parâmetros genéticos e definir estratégias de seleção em genótipos de soja em programa de melhoramento genético.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Área e esquema experimental

A pesquisa foi conduzida em condições de campo na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), locada na Fazenda Experimental Capim Branco cujo georeferenciamento é 18° 52' de latitude S, 48° 20' de longitude W e 835 m de altitude, no município de Uberlândia (MG).

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados composto por 68 tratamentos, os quais eram constituídos por 4 populações segregantes RCF4:5 provenientes de retrocruzamentos simples, sendo elas: UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada TMG 801; UFUS 7010 x TMG 801 retrocruzada com UFUS 7010; UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com BRSG 7560, por fim, UFUS 7010 x BRSGO 7560 retrocruzada com UFUS 7010. As testemunhas utilizadas foram UFUS 7010, TMG 801, BRSGO 7560. Cada tratamento teve 2 repetições. Cada parcela experimental foi composta por uma linha de 5,0 m de comprimento, espaçada das demais por 0,5 m, com densidade de semeadura de 20 sementes por metro linear.

2.2. Instalação e condução do experimento

O solo da área experimental foi previamente preparado pelo sistema convencional, no qual as operações realizadas foram uma subsolagem do solo, uma aração, duas gradagens e uma nivelção. Posteriormente, foi realizada a abertura das linhas com semeadora, com posterior balizamento da área experimental. A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com, aproximadamente, 5,0 cm de profundidade, empregando-se 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 08-28-16.

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

japonicum, utilizando o inoculante turfoso Bioma Brady Turfoso, contendo as cepas SEMIA 5079 e SEMIA 5080 com a concentração de 5×10^9 células viáveis g^{-1} .

A semeadura das sementes ocorre em 07 de outubro de 2021, a uma profundidade aproximada de 2,0 cm. A distribuição das sementes ocorreu no esquema de parcelas de progênies com parcelas dos genitores intercalados. A cada 20 parcelas de progênies RCF4:5 foi colocada uma parcela do genitor.

Após a semeadura foi realizado o controle de plantas daninhas com a aplicações de herbicidas seletivos de pré-emergência composto por $960,0 \text{ g L}^{-1}$ de S-Metolacoloro e $46,2 \text{ g L}^{-1}$ de Nafta de Petróleo na dose de $1,0 \text{ L p.c. ha}^{-1}$. O controle seguiu por meio de campinas manuais

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

2.3. Avaliações

O experimento foi avaliado para os caracteres agrônômicos e componentes de produção nos estádios fenológicos R1 (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal) e R8 (95% das vagens na cor do genótipo) de acordo com a classificação de Fehr e Caviness (1977). Para todos os caracteres, com exceção da produção de grãos por parcela foram amostradas as 5 plantas fenotipicamente superiores. Foram avaliados os seguintes caracteres:

- I. Número de Dias para o Florescimento (NDF): corresponde o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com pelo menos uma flor aberta na haste principal (R1);
- II. Altura da planta no florescimento (APF): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma régua milimetrada no estágio fenológico R1, o resultado final foi expresso em cm planta;

- III. Número de nós no florescimento (NNF): contagem manual do número de nós na haste principal no estágio fenológico R1, resultado final foi expresso em nós planta;
- IV. Ciclo: corresponde o número de dias entre a data de emergência (VE) e a data em que 50% da parcela encontrava-se com 95% das vagens na cor prevista para o genótipo (R8);
- V. Produção de grãos por parcela (PROD): peso total de grãos de soja produzidos por parcela, expresso em gramas.
- VI. Altura da Planta na Maturidade (APM): altura medida em centímetros, com auxílio de régua, na haste principal do solo até o último nó visível, na maturidade (R8);
- VII. Número de Nós Totais na Maturidade (NNTM): obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);
- VIII. Número de nós ramificados na maturidade (NNRM): número total de nós com ramificações da haste principal no estágio fenológico R8, resultado final foi expresso em nós planta;
- IX. Número de Nós Produtivos na Maturidade (NNPM): obtida pela contagem de todos os nós que apresentavam ramificações da haste principal (R8);
- X. Número de vagens com 1 grão (NV1): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens por planta;
- XI. Número de vagens com 2 grãos (NV2): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens por planta;
- XII. Número de vagens com 3 grãos (NV3): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens por planta;
- XIII. Número de vagens com 3 grãos (NV0): número total de vagens com zero grãos, na planta, posterior a colheita, resultado final foi expresso em vagens por planta;
- XIV. Número de Vagens Totais (NVT): obtida pela contagem do número de vagens totais, na planta, posterior à colheita;
- XV. Número de sementes por vagem (NSV): contagem do número de sementes por vagem, posterior a colheita, resultado final foi expresso em sementes por planta;
- XVI. Peso de grão por planta (PGP): peso total de grãos de soja produzido por planta, expresso em gramas.

2.4. Análises

A fim de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres os dados foram submetidos a análises de variância (ANOVA) conforme o modelo abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : observação do caráter no genótipo “i”, na repetição “j”;

μ : média geral do caráter;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

ε_{ij} : erro experimental associado ao genótipo “i” no bloco “j”.

Em seguida estimou-se o coeficiente de determinação genotípico H^2 conforme a fórmula:

$$H^2 = \frac{\Phi_g}{\frac{QM_{genótipo}}{r}}$$

$$\theta_g = \frac{QM_{genótipo} - QM_{erro}}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

Φ_g : coeficiente quadrático genético;

$QM_{genótipo}$: quadrado médio dos genótipos;

QM_{erro} : quadrado médio do erro;

r : número de repetições

Com a finalidade de realizar a seleção de progênies superiores, foi estabelecido como critérios de seleção a redução dos caracteres de ciclo e aumento dos demais caracteres de estudo. De modo a determinar os ganhos de seleção (GS) foi adotada a proporção de 25% das melhores progênies, sendo os GS para seleção indireta ($GS_{j(i)}$) e direta (GS_i) baseados no diferencial de seleção, onde:

$$GS_i = (X_{si} - X_{oi})h_i^2 = DS_i h_i^2$$

Em que:

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

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

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

h_i^2 : herdabilidade do caráter i;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população;

$$GS_{j(i)} = DS_{j(i)} h_i^2$$

Em que:

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

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

h_i^2 : herdabilidade do caráter i;

O índice baseado em soma de “ranks”- MULAMBA & MOCK (1978) consiste na hierarquização dos genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. Após classificados, são somadas as ordens de cada genótipo, resultando no índice de seleção, como descrito:

$$I = r_1 + r_2 + r_3 + r_n$$

Em que:

I : é o valor do índice para determinado indivíduo;

r_j : a classificação (rank) do indivíduo para o caráter j;

r_n : o número de caráter considerados no índice;

No o cálculo do índice da distância genótipo-ideótipo foram utilizados a média e os valores de máximo e mínimos de cada caractere. Sendo considerados X_{ij} como a média do valor fenotípico do caráter j e no genótipo i. Foram considerados Y_{ij} como a média transformada do valor fenotípico, e C_{ij} a constante relativa da depreciação da média do genótipo.

Logo, teve-se:

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

Se $X_{ij} < L_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_j - C_j$;

Se $X_{ij} > L_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - L_j + C_j$.

Em que:

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

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

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

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

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Em que:

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

a_j : peso ou valor econômico da característica.

A fórmula a seguir foi utilizada para cálculo do valor ótimo que o genótipo representa:

$$VO_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

A seguir foram estimados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a equação abaixo:

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

As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

A existência de variabilidade genética é fundamental para que um programa de melhoramento tenha sucesso na seleção de linhagens superiores (Val *et al.*, 2017; Soares *et al.*, 2020). Além disto, a estimação de parâmetros genéticos, também assume papel importante no melhoramento. Diante disto, são apresentados os resultados dessas estimativas (Tabela 1), onde observou-se a existência de variabilidade genética para todas as características avaliadas nas progênies RCF_{4,5} das populações segregantes a nível de 5% pelo teste de F (QMG).

Tabela 1. Quadrado médio do genótipo (QMG), coeficiente de variação (CV), herdabilidade no sentido amplo (H²) e razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental (CVg/CVe) de caracteres agrônômicos de progênies RCF_{4,5} de 4 populações segregantes de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.

Caráter	Semeadura Outubro de 2021			
	QMG	CV (%)	H ² (%)	CVg/CVe
NDF	37,66*	6,16	83,77	1,61
APF	120,78*	15,39	67,39	1,02
NNF	1,55*	9,79	50,46	0,71
Ciclo	105,76*	3,32	85,68	1,72
PROD	45101,37*	24,52	66,16	0,98
APM	640,06*	12,06	86,31	1,77
NNTM	16,47*	14,00	67,61	1,02
NNRM	3,62*	31,41	51,26	0,72
NNPM	13,38*	20,45	48,66	0,69
NV1	19,12*	36,32	36,80	0,54
NV2	140,51*	32,94	60,48	0,87
NV3	112,44*	38,64	52,86	0,75
NVT	697,77*	29,46	56,78	0,81
NV0	30,78*	45,52	58,56	0,84
PGP	66,28*	29,59	57,35	0,82
NSV	0,032*	5,07	63,21	0,92

NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento, Ciclo: número de dias do ciclo da planta; PROD: produtividade, APM: altura da planta na maturação, NNTM: número de nós totais na maturação; NNRM: número de ramificações na maturação; NNPM: número de nós produtivos na maturação, NV1, NV2, NV3, NV0: número de vagens de 1, 2, 3 e 0 grãos,

respectivamente, NVT: número de vagens totais, PGP: produção de grãos por planta (g); NSV: número de sementes por vagem. *: são significativos ao nível de 5% de significância para o teste de F.

A precisão experimental alta faz com que ocorra uma redução na variação do acaso (Quadrado Médio do Resíduo), aumentando assim a chance de se encontrar diferenças significativas e melhores estimativas dos parâmetros genéticos. Como medida desta precisão, utiliza-se o coeficiente de variação (CV), sendo esta uma medida estatística bastante utilizada em ensaios agropecuários para avaliação da precisão dos experimentos. Portanto, quanto menor o CV, menor a variação do acaso, e conseqüentemente, uma maior precisão experimental (LEITE et al., 2015). Valores iguais ou abaixo de 20% para CV são considerados ideais (FERREIRA, 2018; PIMENTEL-GOMES, 2009). As características NDF, APF, NNF, Ciclo, APM, NNTM, NNPM, NSV apresentaram coeficientes de variação menor que 20%, portanto, estão dentro do considerado ideal. Valores altos para coeficiente de variação, ocorreram para as características PROD, NV0, NV1, NV2, NV3 e PGP. Entretanto, podem ser aceitáveis estas estimativas elevadas, em função das condições de avaliação e por serem características quantitativas e altamente influenciadas pelo ambiente (Silva et al., 2021; Leite et al., 2015; Costa et al., 2018).

A herdabilidade (H^2) é utilizado para predizer o progresso do ganho de seleção de um caráter agrônomico (Falconer, 1987; Sulisty e Mejaya, 2018), refletindo os valores da herança que passarão para a próxima geração no processo de seleção de genótipos superiores. A variação deste coeficiente, ocorre no intervalo de 0 a 100%, sendo que, estimativas maiores do que 70% representam uma alta herdabilidade e valores entre 69 a 50% representam média-alta herdabilidade, sendo que uma herdabilidade média ocorrerá no intervalo de 20 a 50% e baixa herdabilidade está associada a valores menores que 20% (Silveira et al., 2006).

As estimativas de H^2 apresentadas na Tabela 1, oscilam entre 36,80 e 86,31%, sendo que os caracteres NV1 e NNPM apresentaram coeficiente de herdabilidade médio, enquanto APF, NNF, NNMT, NNRM, PROD, NV2, NV3, NV0, NVT, PGP e NSV apresentaram coeficiente de herdabilidade médio-alto. Entretanto, os caracteres NDF, Ciclo e APM foram classificados como estimativas de alto coeficiente de herdabilidade. Segundo Leite et al. (2016), Santos et al. (2018) e Machado et al. (2017) os caracteres APF, APM, NNTM e PROD obtiveram resultados semelhantes ao realizado no estudo. Contudo, Bianchi et al. (2020) apontaram uma baixa estimativa de herdabilidade para o caráter de PROD, fator que pode acontecer devido a influência do ambiente. (Bárbaro et al., 2011; Hamawaki et al., 2012).

Para a obtenção de ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores utiliza-se como medida, a razão entre coeficiente de variação genético e ambiental (CV_g/CV_e). Desta forma, as condições favoráveis para seleção deste indicador é quando apresenta valores maiores ou iguais a uma unidade (Leite *et al.*, 2016). Assim, de acordo com Cruz *et al.* (2012) a razão CV_g/CV_e , pode ser empregada como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de progênies para cada caráter. Os caracteres NDF, APF, Ciclo, APM, NNTM obtiveram estimativas maiores do que 1, sendo, portanto, favoráveis para seleção fenotípica. Assim, como neste estudo, Silva *et al.* (2021), Azevedo *et al.* (2021) e Leite *et al.* (2015) obtiveram resultados maiores que uma unidade para alguns dos caracteres citados.

Além disso, foi determinada a formação de diferentes grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a uma significância de 5% para os caracteres agrônômicos avaliados. As amplitudes das médias de cada um dos grupos dentro dos caracteres são apresentadas na Tabela 2.

Para NDF foram formados 3 agrupamentos sendo que o agrupamento que apresentou melhor desempenho possui 39 progênies $RCF_{4,5}$ e apresenta uma amplitude de 31 a 40 dias, seguido pelo agrupamento formado por 23 progênies $RCF_{4,5}$ com média de 41 a 45,5 dias, e por fim, 6 progênies $RCF_{4,5}$ com desempenho inferior.

Verificou-se que, para a variável ciclo ocorreu a formação de 4 agrupamentos, os quais o melhor grupo apresentou 9 progênies $RCF_{4,5}$ precoces com uma média de 100 a 109 dias, seguido de 23 progênies com uma média de 109,5 a 115,5 dias e o pior grupo apresentou 3 progênies $RCF_{4,5}$ tardias como amplitude média de 133,5 a 134 dias. Bordin *et al.* (2022) observaram uma variação entre 100 a 130 dias para Ciclo, apresentando resultados semelhantes ao deste estudo.

Segundo Almeida *et al.* (2013) as cultivares de soja são classificadas em precoce com 111 dias, semiprecoce 112 a 124 dias e tardia maior que de 125 dias. Nos 4 agrupamentos formados neste estudo, dois deles os genótipos se classificam como tardios.

Progênies que resultam em cultivares precoces tem sido um destaque cada vez maior no mercado, devido ao fato de possibilitarem a prática da safrinha, apresentar uma alternativa para evitar doenças foliares e final de ciclo (rotação de culturas). Desta forma, é possível diminuir o gasto com defensivos ao longo do ciclo (Bezerra *et al.*, 2017; Hartman; Sikora; Rupe, 2015; Rocha *et al.*, 2012; Gesteira *et al.*, 2015).

Tabela 2. Agrupamento de médias dos valores fenotípicos em relação ao número de genótipos para os caracteres agrônômicos de progênies RCF_{4:5} de 4 populações segregantes de soja e suas testemunhas conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.

Caráter	Número de progênies	Amplitude das médias	Grupos
NDF	6	48 - 50,5	A
	23	41 - 45,5	B
	39	31 - 40	C
APF	21	44,3 - 59,2	A
	47	26,4 - 42,9	B
NNF	68	6,3 - 11,2	A
	3	133,5 - 134	A
CICLO	6	125 - 128	B
	27	117 - 124	C
	23	109,5 - 115,5	D
	9	100 - 109	E
	32	525,25 - 1005,4	A
PROD	36	158,95 - 503,45	B
	13	95,15 - 116,55	A
APM	24	78,2 - 92,7	B
	31	41,5 - 75,51	C
	31	17,2 - 22,9	A
NNTM	37	11,0 - 16,5	B
	25	4,8 - 8,3	A
NNRM	43	1,1 - 4,5	B
	31	13,1 - 18,8	A
NNPM	37	8,27 - 12,8	B
	68	4,5 - 19,5	A
NV1			
NV2	13	29,0 - 50,0	A
	55	9,8 - 27,2	B
NV3	68	5,5 - 43,6	A
	3	104,2 - 133,9	A
NVT	13	68,9 - 93,0	B
	52	30,7 - 64,3	C
	3	19,1 - 20,9	A
NV0	13	10,6 - 14,0	B
	52	2,3 - 9,7	C
	3	32,0 - 41,9	A
PGP	19	20,1 - 26,6	B
	46	7,4 - 18,7	C
	49	2,1 - 2,4	A
NSV	15	2,0 - 2,1	B
	4	1,7 - 1,9	C

NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento, Ciclo: número de dias do ciclo da planta; PROD: produtividade, APM: altura da planta na maturação, NNTM: número de nós totais na maturação; NNRM: número de ramificações na maturação; NNPM: número de nós produtivos na maturação, NV1, NV2, NV3, NV0: número de vagens de 1, 2, 3 e 0 grãos, respectivamente, NVT: número de vagens totais, PGP: produção de grãos por planta (g); NSV: número de sementes por vagem.

Para o caráter APF e APM foram formados dois e três agrupamentos respectivamente. A APF o maior grupo foi constituído por 47 progênes RCF_{4:5} apresentando amplitude média de 26,4 a 42,9 cm planta⁻¹, seguido por 21 progênes RCF_{4:5} apresentando média 44,3 a 59,2 cm planta⁻¹ como o menor grupo. Quanto à APM um grupo foi formado por 13 progênes RCF_{4:5} com média de 95,15 a 116,55 cm planta⁻¹, seguido por 24 progênes RCF_{4:5} com amplitude média de 78,2 a 92,7 cm planta⁻¹, e por fim, o maior grupo com 31 progênes RCF_{4:5} apresentando média 41,5 a 75,51 cm planta⁻¹.

Durante a floração plantas mais altas apresentam maior altura na maturidade, favorecendo o processo de colheita devido à altura da inserção da primeira vagem ser maior (Almeida *et al.* 2011, Leite *et al.* 2015). Contudo, as plantas de soja com altura superior a 90 a 100 cm favorecem o acamamento, e prejudicam na eficiência das colhedoras, conseqüentemente, afetam a produção final (Carvalho *et al.*, 2010; Bezerra *et al.*, 2017).

Apenas um agrupamento foi formado para os seguintes caracteres: NNF com amplitude média de 6,3 a 11,2 nós planta⁻¹, NV1 apresentando média de 4,5 a 19,5 sementes por vagem e NV3 com a média de 5,5 a 43,6 sementes por vagem. Já o NV0 e NSV apresentaram a formação de três agrupamentos, onde no NV0 o maior número de progênes está na menor amplitude média, conseqüentemente, apresentando menos vagens sem nenhum grão.

De acordo com Sedyama *et al.* (2015) uma planta de soja com alto potencial deve apresentar em média 17 a 18 nós na haste principal. No entanto, Perini Júnior *et al.* (2012) observaram em sete cultivares diferentes, estimativas de média variando de 12,03 a 16,01 nós na haste principal. No presente trabalho, 31 progênes RCF_{4:5} apresentaram a média de NNPM entre 13,1 a 18,8 nós produtivos por planta na haste principal, 31 progênes de RCF_{4:5} apresentaram a média 17,2 a 22,9 nó totais por planta (NNTM), 25 progênes de RCF_{4:5} resultaram numa amplitude média 4,8 a 8,3 ramificações por planta.

Para o caráter PGP e PROD foram formados três e dois agrupamentos, respectivamente, no qual em ambos agrupamentos as maiores amplitudes de média apresentaram o menor número de progênes, onde PROD apresentou 32 progênes RCF_{4:5} e PGP apresentou três progênes de RCF_{4:5}. Machado *et al.* (2017) encontrou uma PROD entre 1495,6 a 5020,6 kg ha⁻¹, Cunha *et al.* (2013) corresponderam a 1433,70 a 4393,59 kg ha⁻¹, e Almeida *et al.* (2011) também encontraram resultados semelhantes maiores que o encontrado neste estudo. Este fator pode se dar conta a influências climáticas atípicas do ano como chuva, que afetou a colheita e secagem de grãos.

Os índices de seleção em programas de melhoramento são importantes para reconhecimento e seleção de genótipos superiores. Dessa forma, quando se tem vários atributos de interesse econômico, com os índices, será possível obter uma maior eficiência dentro dos processos de seleção de progênes (Teixeira *et al.*, 2017). Portanto, a Tabela 3 apresenta estimativas de ganho de seleção pela seleção direta e indireta das progênes.

Constatou-se que no ganho seleção (GS) direto o caráter NV1, NV2 e NV3 apresentaram um ganho direto de 14,14%, 27,57% e 25,09%. Para os caracteres NDF, Ciclo e NV0 observou que a seleção direta possibilitou a redução no ciclo das progênes e a redução de vagens sem grãos. Verificou-se ganhos favoráveis pela seleção direta para todos os caracteres avaliados.

Ao selecionar diretamente o caráter NDF, APF e NNF ocorreu o GS por meio da seleção indireta, que ocasionou aumento da produtividade em todos os casos. Para a variável NDF apesar de ocorrer uma pequena redução em NNPM e NV1 o aumento da produtividade se dá devido ao ganho de seleção em outras variáveis como NV2 e NV3. Assim, a seleção desses genótipos precoces poderá resultar em genótipos mais produtivos.

Além do NDF e Ciclo, para a variável PROD a seleção indireta para os caracteres APF, NFF, APM, NNTM, NNRM, NNPM, NV1, NV2, NV3, NVT e PGP apresentaram GS indireta de 1,5%, 7,94%, 3,73%, 6,53%, 7,96%, 10,15%, 5,79%, 11,68%, 7,23%, 11,25% e 10,67% respectivamente. O GS pela seleção direta de PROD apresentou uma das maiores estimativas, na ordem de magnitude de 23,26%.

A estimativa de ganho por meio da seleção direta, encontra-se bem abaixo do resultado encontrado por Passos *et al.* (2011), o qual apontaram resultados para a seleção direta com maiores ganhos de produtividade com a média de 73,85%. Já Bizari *et al.* (2017) verificaram através de seleção direta ganho de seleção para o caráter produtividade de grãos, o qual apresentou uma média 34,58%, resultado bem mais próximo do encontrado no presente neste trabalho. Uma possível explicação para esta variação de resultados encontrados na literatura, é variação genética presente nos diferentes materiais avaliados e em diferentes condições.

Tabela 3. Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênes RCF_{4.5} de 4 populações segregante de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.

Caráter	NDF	APF	NNF	Ciclo	PROD	APM	NNTM	NNRM	NNPM	NV1	NV2	NV3	NV0	NVT	PGP	NSV
NDF	-9,68'	-9,33	-1,03	-2,32	-3,03	-1,67	-1,75	-6,45	0,38	2,12	-8,07	-8,07	-9,25	-6,35	-4,34	-1,87
APF	5,68	16,02	3,71	1,79	1,5	7,95	1,74	5,69	0,39	2,89	5,4	0,21	10,2	4,07	1,15	-0,22
NNF	2,7	10,8	5,73	0,07	7,94	7,84	2,0	-0,45	-0,44	-0,04	0,67	-1,89	5,05	0,23	-1,61	0,06
Ciclo	-3,77	-3,91	-0,41	-6,0	-0,18	-6,74	-2,81	-2,57	-1,66	0,62	-5,22	0,37	-1,93	-2,38	-2,09	-0,02
PROD	1,82	4,26	3,0	0,77	23,26	6,51	5,14	5,07	3,66	4,89	16,99	7,97	7,25	10,97	10,66	0,09
APM	1,35	6,30	2,27	1,59	3,73	22,88	12,17	-1,48	9,45	3,56	5,38	6,85	13,86	6,98	6,66	0,81
NNTM	0,93	0,96	1,0	1,44	6,53	19,49	14,05	3,68	11,09	4,41	12,78	14,40	12,42	13,60	10,98	1,33
NNRM	4,22	-0,89	-1,53	2,4	7,96	-2,56	2,66	19,81	1,65	7,08	20,05	10,75	10,83	14,06	13,33	-0,15
NNPM	-1,21	-2,6	0,41	1,3	10,15	17,07	13,54	3,31	11,92	7,02	17,42	13,55	14,43	13,67	11,92	0,54
NV1	-0,74	0,09	0,52	0,05	5,79	2,18	1,46	7,81	1,95	14,14	15,22	5,37	12,12	9,79	12,61	-2,24
NV2	3,33	0,84	0,13	3,16	11,68	10,05	8,89	13,26	7,04	9,75	27,57	16,30	20,26	18,08	17,97	-0,01
NV3	1,14	0,98	0,83	0,40	7,23	4,39	5,80	7,86	4,84	3,48	17,82	25,09	17,37	10,87	17,53	2,87
NV0	-1,79	-3,51	0,01	-1,83	-0,13	-2,98	-1,42	-8,39	-0,29	-4,03	-9,21	-2,95	-27,62	-8,9	-4,32	0,98
NVT	1,03	2,40	1,51	1,50	11,25	11,41	9,85	9,07	7,84	8,83	25,15	22,53	20,43	21,64	19,92	1,25
PGP	0,04	-1,9	-0,1	1,44	10,67	4,99	7,05	11,01	6,11	10,54	22,13	20,04	12,96	19,16	21,95	0,58
NSV	0,98	1,64	0,94	0,16	-0,76	0,21	0,55	-1,96	1,17	-8,13	-1,0	13,25	1,75	-3,57	4,18	3,95

Em destaque corresponde ao ganho de seleção direta do caractere. NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento, Ciclo: número de dias do ciclo da planta; PROD: produtividade, APM: altura da planta na maturação, NNTM: número de nós totais na maturação; NNRM: número de ramificações na maturação; NNPM: número de nós produtivos na maturação, NV1, NV2, NV3, NV0: número de vagens de 1, 2, 3 e 0 grãos, respectivamente, NVT: número de vagens totais, PGP: produção de grãos por planta (g); NSV: número de sementes por vagem.

O índice de seleção proposto por Mulamba & Mock (1978) é um dos índices com grande destaque em relação ao uso, sendo conhecido como soma de “ranks”, onde é classificada-se os genótipos para cada um dos caracteres avaliados em ordem favorável ao melhoramento. Já o índice baseado na distância genótipo-ideótipo, admite a definição de valores ótimos para cada variável, sendo calculada a média, o máximo e mínimo dos valores (Rezende *et al.*, 2014). Os resultados encontrados para ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo estão apresentados na Tabela 4.

Tabela 4. Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice distância Genótipo-Ideótipo e índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies RCF_{4:5} de 4 populações segregantes RCF_{4:5} de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), safra 2021/2022.

Caráter	Ganho de Seleção (%)	
	Mulamba e Mock (1978)	Distância Genótipo-Ideótipo
NDF	0,35	0,41
APF	3,36	0,41
NNF	2,07	1,31
Ciclo	1,68	1,17
PROD	8,95	11,7
APM	15,67	7,66
NNTM	11,39	8,17
NNRM	7,13	9,32
NNPM	9,24	6,81
NV1	7,18	7,79
NV2	20,08	24,46
NV3	18,04	23,11
NV0	13,45	13,82
NVT	16,97	20,48
PGP	16,44	19,71
NSV	1,1	1,51
Ganho total	155,14	158,41

NDF: número de dias para o florescimento; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento, Ciclo: número de dias do ciclo da planta; PROD: produtividade, APM: altura da planta na maturação, NNTM: número de nós totais na maturação; NNRM: número de ramificações na maturação; NNPM: número de nós produtivos na maturação, NV1, NV2, NV3, NV0: número de vagens de 1, 2, 3 e 0 grãos, respectivamente, NVT: número de vagens totais, PGP: produção de grãos por planta (g); NSV: número de sementes por vagem.

Observou-se de acordo com a Tabela 4 que o índice distância genótipo-ideótipo foi o que apresentou o maior ganho total com 158,41% em relação ao índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) que resultou no ganho total de 155,14%. Para o caráter PROD o índice genótipo-ideótipo apresentou um maior incremento quando comparado ao índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e para as variáveis APF, NNF, Ciclo, APM e NNMT o ganho de seleção mostrou-se maior pelo índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978).

Os caracteres NV2, NV3, NVT e PGP apresentaram os maiores ganhos genéticos tanto no índice de seleção genótipo-ideótipo quanto índice de soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978). Um fato a ser ressaltado é de que esses caracteres fazem parte dos componentes da produção da soja, ou seja, afetam diretamente e de forma positiva a produção, que possivelmente pode ter afetado a estimativa do índice de seleção da produção na ordem de 11,7%.

A partir desses resultados observa-se que a distância genótipo-ideótipo em todo seu conjunto apresentou resultados distribuídos de maneira mais uniforme, e, portanto, resultou em ganhos mais favoráveis quando comparados ao outro índice de seleção analisado (índice de soma de “ranks”).

4 CONCLUSÕES

Nas condições experimentais analisadas, podemos concluir que:

A. A herdabilidade foi de alta magnitude para a maioria dos caracteres avaliados como NDF, Ciclo e APM.

B. A relação CV_g/CV_e foi favorável para seleção dos caracteres NDF, APF, Ciclo, APM, NNTM nas 68 progênies de soja analisadas.

C. A seleção direta apresentou os maiores ganhos genéticos nos caracteres de interesse agrônômico para PROD, NV2, NV3, NVT e PGP. Já na seleção indireta em relação ao caráter PROD, todos os outros caracteres (APF, NNF, APM, NNTM, NNRM, NNPM, NV1, NV2, NV3, NVT e PGP) apresentaram estimativas de ganho de seleção positivo, exceto para os caracteres (NDF, CICLO, NV0 e NSV), ou seja, os que estão relacionados com a precocidade das progênies avaliadas.

D. Os índices de seleção proporcionaram os maiores ganhos genéticos para os dois índices analisados, estavam relacionados a caracteres ligados a produção (PROD), número de vagens total (NVT) e peso de grão por planta (PGP).

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.4322/rca.2013.014>. Disponível em: <https://doi.editoracubo.com.br/10.4322/rca.2013.014>. Acesso: maio. 2023.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.42, n.1, p.108-115, jan./mar. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/ysY4DjrTH7Wsj9hXRdMFPXk/?lang=pt>. Acesso: maio. 2023.
- ANDERSON, E.J.; ALI, M.L.; BEAVIS, W.D.; CHEN, P.; TILMON, K.J. Soybean [Glycine max (L.) Merr.] **Breeding: History, Improvement, Production and Future Opportunities**, [s.l.], pp. 431–516. Cham: Springer, 2019. DOI: https://doi.org/10.1007/978-3-030-23400-3_12. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-23400-3_12. Acesso em: maio. 2023.
- AZEVEDO, C. V. G.; VAL, B. H. P.; ARAÚJO, L. C. A.; JUHÁSZ, A. C. P.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Genetic parameters of soybean populations obtained from crosses between grain and food genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, [s.l.], v. 43, e46968, 2021. DOI: 10.4025/actasciagron.v43i1.46968. Disponível em: <https://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/46968>. Acesso em: maio. 2023.
- ASHWORTH, A. J.; OWENS, P. R.; ALLEN, F. L. Long-term cropping systems management influences soil strength and nutrient cycling. **Geoderma**, [s.l.], v. 361, p. 114062, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.114062>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0016706119314430?via%3Dihub>. Acesso em: maio. 2023.
- BÁRBARO, I. M.; DI MAURO, A. O.; CENTURION, M. A. P. da C.; MACHADO, P. C.; BÁRBARO JUNIOR, L. S. Análises genéticas em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas canavieiras. **Colloquium Agrariae**, [s.l.], v. 5, n. 1, p. 08–24, 2011. Disponível em: <https://revistas.unoeste.br/index.php/ca/article/view/373>. Acesso em: maio 2023.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Atributos agronômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 4. p. 62-77.
- BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; RIBEIRO, F. O.; GESTEIRA, G. S. Heritability and the genotype×environment interaction in soybean. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, [s.l.], v. 3, e20020, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1002/agg2.20020>. Disponível em:

<https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/agg2.20020>. Acesso em: maio. 2023.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDATREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCmJn6s7DJR/>. Acesso: maio. 2023.

BORDIN, P. A. N.; DAMASCENO, J. P.; DUARTE, M. B.; ROSA, N. C.; FARIAS, V. S.; NESI JÚNIOR, V.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Caracterização e fenotipagem agronômica em progênies de soja avaliadas em ensaio preliminar de desempenho. **Open Science Research VII**, por Editora Científica Digital, 1o ed, Editora Científica Digital, 2022, p. 61–71. DOI: <https://dx.doi.org/10.37885/221010723>. Disponível em: <https://www.editoracientifica.com.br/artigos/caracterizacao-e-fenotipagem-agronomica-em-progenies-de-soja-avaliadas-em-ensaio-preliminar-de-desempenho>. Acesso: maio. 2023.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M. D.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, É. P.; ALCANTARA, H. P. D.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [Glycine max (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p.892-899, jul./ago. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1413-70542010000400014>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/MCHfTYsKqNvM5RBVybTtvDd/?lang=pt>. Acesso em: maio. 2023.

CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU breeding program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 2, p. 340-349, 2013. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/17267/12271>. Acesso em: maio. 2023.

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

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

COSTA, M. M.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. *Bragantia*, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100012>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/HgJVb9Rkm4zXFH9PnSWHd8n/?lang=en>. Acesso em: maio. 2023.

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P.O.; SANTOS JÚNIOR, C.D; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], 2012. DOI:

<https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: maio. 2023.

HARTMAN, G.L., WEST, E.D. AND HERMAN, T.K. (2011) Crops that feed the World 2. Soybean-worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. *Food Secur. [s.l.]*, p. 5–17. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12571-010-0108-x>. Disponível: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12571-010-0108-x>. Acesso em: maio. 2023.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M. A. e Silva, J. C. Viçosa: Imprensa Universitária, p. 279, 1987.

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

GESTEIRA, G. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; BRUZI, A. T.; SOARES, I.O.; REZENDE, P. M.; SILVA, K. B. 2015. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para região Sul de Minas Gerais. **Revista Agrogeoambiental**, [s.l.], p. 79-88. DOI: <https://doi.org/10.18406/2316-1817v7n32015730>. Disponível em: <https://agrogeoambiental.ifsuldeminas.edu.br/index.php/Agrogeoambiental/article/view/730>. Acesso: maio. 2023.

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

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. de. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, [s.l.], v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015. DOI: 10.31413/nativa.v3i4.2303. Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/nativa/article/view/2303>. Acesso em: maio. 2023.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: 10.14295/cs.v7i3.1176. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1176>. Acesso em: maio. 2023.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; REZENDE, G. F. JORGE, G. L.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS L. A.; HAMAWAKI R. L.; HAMAWAKI C. D. L. Phenotypic and genotypic correlations between soybean agronomic traits and path analysis. **Genetics and molecular research**, [s.l.], v. 16, n. 2, 2017. DOI: 10.4238/gmr16029696. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-2/pdf/gmr-16-02-gmr.16029696.pdf>. Acesso em: maio. 2023.

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

Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal** [online], vol. 33, no. 6, 2017. DOI: 10.14393/BJ-v33n6a2017-37240. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/37240>. Acesso em: maio. 2023.

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

Pimentel-Gomes, F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed., Piracicaba: Fealq, p.451, 2009.

PERINI JÚNIOR, L.; FONSECA JUNIOR, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, suplemento, 1, p. 2531-2544, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33Supl1p2531>. Disponível em: <https://ojs.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/8048>. Acesso em: maio. 2023.

ROCHA, R.S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agronômica**, [s.l.], 2012. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000100019>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/QtfP9W4BbRkrTz5F4WRj5sc/?lang=pt>. Acesso em: maio. 2023.

REZENDE, J.C., BOTELHO, C.E., OLIVEIRA, A.C.B., SILVA, F.L., CARVALHO, G.R., PEREIRA, A.A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, p. 347-353, 2014. Disponível em: http://www.sbicafe.ufv.br/bitstream/handle/123456789/8059/Coffee%20Science_v9_n3_p347-353_2014.pdf?sequence=1&isAllowed=y. Acesso em: maio 2023.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, p. 1-16, 2017. DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039842>. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/articles/year2017/vol16-4/pdf/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: maio. 2023.

SANTOS, M. F.; MÖLLER, M.; CLOUGH, S. T.; PINHEIRO, J. B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in an F2:3 soybean population derived from IAC-100. **Journal of Crop Improvement**, [s.l.], v. 32, n. 1, p. 1-18, 2018. DOI: 10.1080/15427528.2017.1370404. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2017.1370404?journalCode=wim20>. Acesso em: maio. 2023.

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; PEREIRA, P. R.; CAPONE, A., BARROS, H. B. Parâmetros genéticos e avaliação agrônomo em progênies F2 de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 14, n.1, e5625, 2019.

DOI: 10.5039/agraria.v14i1a5625. Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: maio. 2023.

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

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F2 and F2:3 soybean populations. **Agronomy Journal**, [s.l.], v. 113, n. 4, 2021. DOI: 10.1002/agj2.20692. Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/agj2.20692>. Acesso em: maio. 2023.

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal –SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica**, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 92-98, 2006. DOI: <https://doi.org/10.15361/1984-5529.2006v34n1p92%20-%2098>. Disponível em: <https://cientifica.dracena.unesp.br/index.php/cientifica/article/view/33>. Acesso em: maio. 2023.

SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GESTEIRA, G. D. S.; SILVA, K. B.; GUILHERME, S. R.; CIANZIO, S. R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, [s.l.], v. 20, n. 4, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a59>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/pLJtgKSZB6LzpwDTBpmLYhD/?lang=en>. Acesso em: maio. 2023.

SULISTYO, A.; MEJAYA, M. J. Genetic Parameters Estimation of Agronomic Traits in Soybean Population Resistant to Whitefly. **IOP Conf. Ser.: Earth and Environmental Science**, [s.l.], p.197, 2018. DOI: 10.1088/1755-1315/197/1/012041. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/197/1/012041>. Acesso em: maio. 2023.

PASSOS, A.R.; SILVA, A.; PEIXOTO, C.P.; ROCHA, M.A.C.; CRUZ, E.M.O. **Ganho por seleção direta e indireta em caupi considerando a interação g x e**. Revista da FZVA. Uruguaiana, v.18, n. 1, p. 18-33. 2011.

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.], 2017. DOI: <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJB/article-abstract/F5BEF6062934>. Acesso em: maio. 2023.

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; HAMAWAKI, R. L.; SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic parameters, and

127 correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 35, n. 5, p. 1300-1314, 2019. DOI: 10.14393/BJ-v35n5a2019-42656. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42656>. Acesso em: maio. 2023.

ZHANG, M.; LIU, S.; WANG, Z.; YUAN, Y.; ZHANG, Z.; LIANG, Q.; YANG, X.; DUAN, Z.; LIU, Y. KONG, F.; LIU, B.; TIAN, Z. Progress in soybean functional genomics over the past decade. **Plant Biotechnology Journal**, [s.l.], 2022. DOI: 10.1111/pbi.13682. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13682>. Acesso em: maio. 2023.