



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

**ANÁLISE BIBLIOMÉTRICA, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E DIVERSIDADE  
GENÉTICA PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM SOJA**

**Aluno:** MSc. Sílvia Barbosa Ferreira

**Orientador:** Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Co-Orientador:** Dra. Polianna Alves Silva Dias

**UBERLÂNDIA - MG  
2023**



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

**ANÁLISE BIBLIOMÉTRICA, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E DIVERSIDADE  
GENÉTICA PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM SOJA**

**Aluno:** MSc. Sílvia Barbosa Ferreira

**Orientador:** Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

**Co-Orientador:** Dra. Polianna Alves Silva Dias

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

**UBERLÂNDIA - MG  
2023**

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

---

F383a  
2023      Ferreira, Sílvia Barbosa, 1982-  
            Análise bibliométrica, capacidade combinatória e diversidade  
            genética para seleção de genótipos em soja [recurso eletrônico] / Sílvia  
            Barbosa Ferreira. - 2023.

            Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.  
            Coorientadora: Polianna Alves Silva Dias.  
            Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa  
            de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica.  
            Modo de acesso: Internet.  
            Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2023.7047>  
            Inclui bibliografia.

            1. Genética. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira, 1981-, (Orient.). II.  
            Dias, Polianna Alves Silva, 1988-, (Coorient.). III. Universidade Federal  
            de Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica.  
            IV. Título.

---

CDU: 575

Glória Aparecida  
Bibliotecária Documentalista - CRB-6/2047



**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA**  
 Coordenação do Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica  
 Av. Pará 1720, Bloco 2E, Sala 244 - Bairro Umuarama, Uberlândia-MG, CEP 38400-902  
 Telefone: +55 (34) 3225-8438 - www.ppggb.ibtec.ufu.br - ppggb@ufu.br



### ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Doutorado Acadêmico - PPGGB				
Data:	Trinta e um de julho de dois mil e vinte e três	Hora de início:	09:15h	Hora de encerramento:	13:15
Matrícula do Discente:	11823GBI012				
Nome do Discente:	Sílvia Barbosa Ferreira				
Título do Trabalho:	Análise bibliométrica, capacidade combinatória e estudo da diversidade genética em soja.				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Epigenética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento e seleção de genótipos de soja precoces e resistência parcial ao mofo branco.				

Aos trinta e um dias do mês de julho de dois mil e vinte e três, às 09:15 horas, reuniu-se no Bloco 2E, sala 211 (Campus Umuarama) e também via web conferência pela Plataforma Teams, em conformidade com a Portaria nº 36, de 19 de março de 2020 da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES, Resolução de nº06/2020 e Resolução nº 19/2022 do Conselho de Pesquisa e Pós-graduação pela Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica, assim composta: Dr<sup>a</sup>. Anna Regina Tiago Carneiro, Dr<sup>a</sup>. Aurilene Santos Oliveira, Dr. Paulo Henrique Nardon Felici, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki e Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira, orientador (a) do (a) candidato (a) e demais convidados presentes conforme lista de presença. Iniciando os trabalhos o (a) presidente da mesa, Dr<sup>a</sup>. Ana Paula Oliveira Nogueira apresentou a Comissão Examinadora e o (a) candidato (a), agradeceu a presença do público, e concedeu o (à) Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do (a) Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica. A seguir o (a) senhor (a) presidente concedeu a palavra, pela ordem sucessivamente, aos examinadores, que passaram a arguir o (a) candidato (a). Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu os conceitos finais. Em face do resultado obtido, a Banca Examinadora considerou o candidato (a):

APROVADO (A).

Esta defesa de Tese de Doutorado é parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Doutor. O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU. Nada mais havendo a tratar foram

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



Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 31/07/2023, às 13:23, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Paulo Henrique Nardon Felici, Usuário Externo**, em 31/07/2023, às 13:23, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Anna Regina Tiago Carneiro, Usuário Externo**, em 31/07/2023, às 13:26, 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 **Aurilene Santos Oliveira, Usuário Externo**, em 31/07/2023, às 13:41, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Toshiyuki Hamawaki, Usuário Externo**, em 04/08/2023, às 13:48, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://www.sei.ufu.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **4621733** e o código CRC **1D173856**.



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

**ANÁLISE BIBLIOMÉTRICA, CAPACIDADE COMBINATÓRIA E DIVERSIDADE  
GENÉTICA PARA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS EM SOJA**

**ALUNO:** Sílvia Barbosa Ferreira

**COMISSÃO EXAMINADORA**

**Presidente:** Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientador)

**Examinadores:** Dra. Aurilene Santos Oliveira  
Dra. Anna Regina Tiago Carneiro  
Dr. Paulo Henrique Nardon Felici  
Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

**Data da Defesa:** 31/07/2023

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

DRA. ANA PAULA OLIVEIRA NOGUEIRA

A Deus.

Aos meus filhos, Ana Carolina e Gabriel.

Aos meus pais, Carlos, Cristian e Rossana.

Ao meu irmão, Carlos Eduardo.

Ao meu vovô, Cleber Fontes (*in memoriam*).

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, gratidão, pela porta que se abriu em 2018, pelos obstáculos vencidos, pela força e presença diária, pela conclusão dessa etapa e realização de mais um sonho.

Aos meus filhos, Ana Carolina e Gabriel, todo o meu amor. Obrigada por me ensinarem tanto sobre a vida. Vocês me fazem sorrir e seguir todos os dias. Essa conquista é nossa. Amo vocês incondicionalmente!

Aos meus pais, Cristian e Rossana, pela presença diária, apoio e por não medirem esforços para que eu realizasse mais um sonho.

Ao meu irmão Carlos Eduardo e meu cunhado Fede, que mesmo longe, torcem e vibram pela minha felicidade e por cada etapa finalizada.

Ao meu vovô, Cleber Fontes, que não está mais entre nós, mas que torcia, se alegrava e falava para todos o quanto sentia orgulho dessa neta aqui. Vovô, finalizei! É para você.

A minha orientadora Ana Paula, pelos ensinamentos e pela parceria de sete anos. Por me apoiar e incentivar sempre, serei eternamente grata.

A Polianna, pela orientação e por todo conhecimento compartilhado nesses últimos dois anos. Você foi um presente de Deus na minha vida.

Ao genrinho Luiz, pelos domingos na casa de vegetação ajudando a cuidar da nossa soja.

Aos membros da banca examinadora, Dra. Aurilene Santos Oliveira, Dra. Anna Regina Tiago Carneiro, Dr. Paulo Henrique Nardon Felici e Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki pela contribuição e por aceitarem o convite.

Ao meu amigo Bruno, que esteve ao meu lado grande parte desse projeto, gratidão. Aprendemos e crescemos juntos, principalmente durante as aulas de estatística. Obrigada pela paciência, por todas as explicações e partilhas no laboratório extraindo DNA.

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica e à Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade de realizar o curso de Doutorado.

A todos os alunos de graduação e pós-graduação do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, em especial ao Arthur, que contribuíram para realização desta pesquisa.



Ao laboratório de genética (LABGEN) e a professora Dra. Ana Maria Bonetti, por disponibilizar o laboratório para realização das pesquisas moleculares.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica da Universidade Federal de Uberlândia, pelos conhecimentos transmitidos.

A todos vocês, muito obrigada!!!

## SUMÁRIO

APRESENTAÇÃO .....	1
ABSTRACT .....	2
RESUMO.....	3
1 INTRODUÇÃO .....	3
2 ANÁLISE DE DADOS E MÉTODOS .....	4
2.1 COLETA E PREPARO DE DADOS.....	4
2.2 ANÁLISE ESTATÍSTICA .....	5
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	5
3.1 NÚMERO DE ARTIGOS PUBLICADOS EM MELHORAMENTO DE SOJA .....	5
3.2 PERIÓDICOS MAIS RELEVANTES.....	7
3.3 INSTITUIÇÕES E AUTORES MAIS RELEVANTES EM MELHORAMENTO DE SOJA .....	7
3.4 PAÍSES MAIS RELEVANTES QUANTO ÀS PUBLICAÇÕES EM MELHORAMENTO DE SOJA.....	10
3.5 PALAVRAS-CHAVE MAIS POPULARES.....	11
4 CONCLUSÃO.....	14
REFERÊNCIAS .....	14
CAPÍTULO II - DIALLEL AND GENERATION ANALYSIS IN F <sub>2</sub> SOYBEAN POPULATIONS .....	18
ABSTRACT .....	18
RESUMO.....	19
1 INTRODUCTION .....	19
2 MATERIALS AND METHODS.....	20
3 RESULTS AND DISCUSSION .....	23
4 CONCLUSION.....	28
REFERENCES.....	28
CAPÍTULO III - DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES .....	37
RESUMO.....	37
1 INTRODUÇÃO .....	38
2 MATERIAL E MÉTODOS .....	40

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	44
4 CONCLUSÃO .....	58
REFERÊNCIAS .....	59

## APRESENTAÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma espécie produtora de grãos de alta demanda internacional e ocupa posição de destaque na economia brasileira. O Brasil, os Estados Unidos e a Argentina são os maiores produtores de soja no mundo.

O sucesso dessa leguminosa no Brasil está associado ao avanço tecnológico, ao clima, que é favorável para o desenvolvimento da cultura, o manejo adequado e aos programas de melhoramento genético, que contribuem para a adaptação e expansão da soja nas diferentes regiões do país.

Dentro dos programas de melhoramento genético, há ferramentas úteis que auxiliam os melhoristas na tomada de decisões, tais como: as pesquisas relacionadas às estimativas de parâmetros genéticos, análise dialélica e diversidade genética.

Determinar estimativas de parâmetros genéticos e conhecer a capacidade combinatória dos genótipos auxiliam na identificação de combinações promissoras que podem proporcionar maior variabilidade genética nas gerações segregantes.

Ademais, o estudo da diversidade genética permite, nas etapas iniciais do melhoramento genético e por meio das técnicas multivariadas, analisar caracteres morfológicos, agronômicos e moleculares com o intuito de selecionar genitores para hibridação.

A presente tese está dividida em três capítulos. O capítulo I refere-se a um artigo de revisão que analisa, por meio da bibliometria, os últimos 20 anos de avanços no melhoramento genético de soja; Já no capítulo II, os objetivos foram obter às estimativas dos parâmetros genéticos e estimar o ganho de seleção em populações F<sub>2</sub>, além de avaliar a capacidade combinatória de três genitores de soja por meio do dialelo parcial; e no capítulo III, objetivou-se determinar a diversidade genética entre genótipos de soja com uso de marcadores microsatélites e caracteres agronômicos, e indicar combinações promissoras para o programa de melhoramento.

## **CAPÍTULO I - Melhoramento genético de soja: uma análise bibliométrica dos últimos 20 anos de avanços**

Sílvia Barbosa Ferreira<sup>1\*</sup>, Bruno Henrique Gomes<sup>1</sup>, Polianna Alves Silva Dias<sup>2</sup>, Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>1</sup>

<sup>1\*</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biotecnologia, CEP 38405-320, Uberlândia, MG, Brasil. E-mail: ferreirasb@ufu.br. Autor para correspondência.

<sup>2</sup>Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, CEP 75790-000, Urutaí, GO, Brasil.

### **ABSTRACT**

Over the years, soybean has seen a significant productivity increase as a result of genetic breeding. To better understand the publishing trend in the research field of genetic breeding in the last 20 years, this study conducted a bibliometric analysis using the Web of Science and Scopus databases. The results show that, in the last 20 years, the number of publications in this field have increased. The top three countries with the highest number of publications were Brazil, United States and China. The journal *Pesquisa Agropecuária Brasileira* (Brazilian Agricultural Research) stood out as the main publisher in the field of genetic breeding of soybean. Moreover, two out of the five most relevant institutions measured by the number of publications are located in Brazil: Universidade Federal de Viçosa and Universidade Federal de Uberlândia. Additionally, four out of the ten authors with the most publications in this field are linked to these institutions. On another hand, a keyword analysis indicated that “genetic diversity” appears as one of the top ten results. Therefore, this research, through bibliometric analysis and its tools, was able to measure the timeline of research development and establish a profile of scientific production in the field of genetic improvement.

**Keywords:** *Glycine max*; genetic diversity; genetic parameters; database; meta-analysis

## RESUMO

A soja, ao longo dos anos, alcançou níveis de produtividade significativos devido ao melhoramento genético. Para compreender as tendências de publicação no campo da pesquisa com melhoramento genético de soja nos últimos 20 anos, realizou-se uma análise bibliométrica acessando as bases de dados Web of Science e Scopus. Os resultados mostraram que, nos últimos 20 anos, o número de publicações na área aumentou. Além disso, os três países que tiveram o maior número de publicações foram Brasil, Estados Unidos e China. A revista Pesquisa Agropecuária Brasileira destacou-se como o principal periódico que publica na área de melhoramento genético de soja. Ademais, duas das cinco instituições mais relevantes em número de artigos associados à área estavam localizadas no Brasil, Universidade Federal de Viçosa e Universidade Federal de Uberlândia. Inclusive, quatro dos dez autores que mais publicaram em melhoramento de soja estão vinculados a estas instituições. A análise de palavras-chave mostrou que “diversidade genética” está entre as dez palavras que mais apareceram. Portanto, a pesquisa realizada por meio da bibliometria e suas ferramentas foi capaz de mensurar a linha temporal de evolução dos estudos e estabelecer um perfil acerca da produção científica.

**Palavras-chave:** *Glycine max*; diversidade genética; parâmetros genéticos; base de dados; meta-análise.

## 1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max*) é a principal fonte de proteína e óleo vegetal no mundo (HARTMAN et al., 2021). Essa leguminosa, ao longo dos anos, alcançou níveis de produtividade expressivos devido ao melhoramento genético e ao manejo adequado (PINTO, 2014).

Os programas de melhoramento genético buscam cada vez mais características de interesse que, quando reunidas em um genótipo, podem levar a um alto desempenho produtivo (MARANNA et al., 2021). Por isso, otimizar os estudos sobre a estrutura da planta, composição das sementes, resistência a pragas e doenças são objetivos nos programas de melhoramento (LOPES et al., 2021).

Para se obter sucesso no melhoramento, há ferramentas que orientam e auxiliam na tomada de decisões, como as pesquisas relacionadas às estimativas de parâmetros genéticos e de diversidade genética. Para ABEBE et al. (2021), conhecer a variabilidade genética auxilia na seleção de linhagens parentais a serem utilizadas em cruzamentos e possibilita um melhor aproveitamento do germoplasma em programas de melhoramento. Já as estimativas de parâmetros genéticos, permitem a identificação e estudo dos caracteres de interesse (GESTEIRA et al., 2018) e serão úteis para analisar e determinar estratégias de seleção que levem aos maiores ganhos genéticos.

A análise bibliométrica é um método estatístico que tem sido aplicado em muitos campos de estudo e utiliza tecnologias modernas para avaliar quantitativamente artigos, livros e outros tipos de publicações (LIU et al., 2022). Esse tipo de análise auxilia pesquisadores a encontrar tendências de pesquisa e obter grandes publicações clássicas (ZHANG & CHEN, 2020). No entanto, ainda há poucas publicações específicas com análise bibliométrica em soja, o que faz deste artigo uma ferramenta importante para estudar as tendências e áreas-chave da pesquisa com melhoramento genético de soja nos últimos anos.

Ao considerar a relevância do melhoramento genético de soja, bem como as ferramentas utilizadas por ele, a presente revisão bibliométrica teve como objetivo analisar bancos de dados e reunir artigos e informações sobre a pesquisa realizada com melhoramento genético da soja entre os anos de 2001 e 2021.

## **2 ANÁLISE DE DADOS E MÉTODOS**

### **2.1 Coleta e preparo de dados**

A pesquisa foi realizada com base nos artigos publicados entre os anos de 2001 e 2021 e se limitou aos seguintes termos: soja, melhoramento, diversidade genética e parâmetros genéticos. Iniciou-se o trabalho de coleta bibliométrica em outubro de 2022 acessando as bases de dados Web of Science e Scopus. Devido ao período em que ocorreu a coleta, os dados referentes ao ano de 2022 não foram computados, pois o mesmo não havia finalizado, o que levaria à inconsistência nos resultados.

Realizou-se uma triagem preliminar das publicações, que utilizou os seguintes comandos: TS = (“soja”) e AK = (“melhoramento” ou “diversidade genética” ou “parâmetros genéticos”); TITLE-ABS-KEY (\*soja) e AUTHKEY (melhoramento ou “diversidade genética” ou “parâmetros genéticos”). Nesta análise havia 546 documentos na Web of Science e 811 na Scopus. Posteriormente, foram retirados os possíveis documentos duplicados com a utilização do software R, o que gerou um documento final com 819 artigos. O download e a conversão dos dados para o formato BibTex (pacote Bibliometrix no software R) foram realizados para posterior análise bibliométrica.

## **2.2 Análise estatística**

A análise estatística foi baseada no número de publicações e número citado por cada país, periódico, autor e instituição. Usou-se o wordcloud para identificar as 50 palavras-chave mais usadas em estudos que envolvem melhoramento de soja nos últimos 20 anos.

Utilizou-se o mapa de estrutura conceitual com 50 termos, as palavras-chave do autor, divididos em 2 grupos gerados automaticamente. Este mapa de palavras foi feito utilizando o método MCA - Análise de Correspondência Múltipla, uma técnica utilizada para identificar documentos que expressam conceitos comuns. Quanto mais próximas as palavras-chave estiverem, mais próximas elas estarão em um cluster ou agrupamento (LIU et al., 2020).

Neste artigo, foram realizadas as estatísticas bibliométricas e análise de texto. Avaliou-se o número de publicações e citações anuais, periódicos mais produtivos, autores mais produtivos, instituições mais produtivas, países mais produtivos e palavras-chave mais utilizadas. Para a análise de dados e mapeamento foi utilizado o software R 4.0.3 - pacote Bibliometrix no software RStudio (R Core Team, 2022).

## **3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

### **3.1 Número de artigos publicados em melhoramento de soja**

A evolução nas publicações em melhoramento genético de soja ao longo dos últimos 20 anos é mostrada na Tabela 1.



Tabela 1. Evolução anual da quantidade de artigos publicados em melhoramento de soja de 2001 a 2021.

<b>ANO</b>	<b>ARTIGOS</b>	<b>ANO</b>	<b>ARTIGOS</b>
2001	17	2012	34
2002	10	2013	43
2003	19	2014	41
2004	14	2015	49
2005	17	2016	48
2006	21	2017	86
2007	24	2018	47
2008	22	2019	62
2009	32	2020	69
2010	36	2021	86
2011	34	-	-

Fonte: Web of Science e Scopus.

Dos 819 documentos analisados na presente pesquisa, 350 foram publicados entre os anos 2017 e 2021, o que representa, aproximadamente, 43% do total de artigos. A crescente quantidade de pesquisas e, conseqüentemente, de publicações na área de melhoramento pode estar relacionada à importância global dessa leguminosa como cultura.

No período de 2000/01 a 2016/17, a produção mundial de soja cresceu de 176 para 350 milhões de toneladas (+99%). De 1960 a 2018, aumentou consideravelmente a produtividade devido ao avanço tecnológico. Instituições e corporações de pesquisa, desenvolvimento e inovação, desenvolveram pacotes tecnológicos, o que possibilitou a criação de cultivares mais produtivas e sistemas de produção mais eficientes. Assim, a produtividade média mundial passou de 1.180 kg ha<sup>-1</sup> em 1960 para 2.919 kg ha<sup>-1</sup> em 2017, um incremento de 147% (CONTINI et al., 2018).

Atualmente, a produção mundial de soja é de 369,029 milhões de toneladas (USDA, 2023). Para mais, a soja necessita de um contínuo estudo e conhecimento da espécie, bem como das relações com o ambiente em que é

cultivada, tornando, dessa forma, a pesquisa para o desenvolvimento de novas cultivares cada vez mais necessária (CARVALHO & MAMBRIN, 2022).

### **3.2 Periódicos mais relevantes**

Os estudos relacionados à área de melhoramento de soja constaram em 365 periódicos no período de 2001 a 2021. O periódico Pesquisa Agropecuária Brasileira ocupa o primeiro lugar com 36 publicações, seguido dos periódicos Bioscience Journal (30), Crop Breeding and Applied Biotechnology (22), Euphytica (22) e Frontiers in Plant Science (20). Esses periódicos estão intimamente relacionados a plantas (culturas) e destacam-se por publicarem artigos científicos originais que contribuem para o desenvolvimento científico e tecnológico do melhoramento vegetal e da agricultura.

A revista Pesquisa Agropecuária Brasileira (PAB), que tem fator de impacto (JIF) de 1.088, é editada pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), vinculada ao Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento do governo brasileiro, e destina-se à divulgação de trabalhos técnico-científicos originais e inéditos ligados à agropecuária (BORSATTO et al., 2017). A abordagem multidisciplinar deste periódico tem favorecido o lugar ocupado por ele em relação ao número de publicações em melhoramento de soja.

O periódico Bioscience Journal é editado pela Universidade Federal de Uberlândia e tem fator de impacto (JIF) de 0.469. A Crop Breeding and Applied Biotechnology (CBAB), Euphytica e Frontiers in Plant Science têm JIF de 1.482, 2.185 e 6.627, respectivamente. Este fator é uma métrica calculada a partir de dados indexados na base de dados Web of Science Core Collection, uma média de quanto um artigo publicado naquele periódico é citado a cada ano (PLIEGO Jr, 2023). Assim, no cenário de avaliação científica, valores maiores desse fator indicam que o periódico tem um maior alcance na comunidade científica e uma melhor visibilidade (ROSAS et al., 2020).

### **3.3 Instituições e autores mais relevantes em melhoramento de soja**

Das instituições com maior produtividade científica em melhoramento de soja, destacam-se no Brasil as universidades federais de Viçosa e de Uberlândia,

nos Estados Unidos as universidades de Missouri e Illinois e o Institute of Crop Science na China (Tabela 2).

Tabela 2. As cinco instituições mais relevantes em número de artigos associados ao melhoramento genético da soja no período de 2001 a 2021.

<b>INSTITUIÇÕES</b>	<b>PAÍS</b>	<b>ARTIGOS</b>
UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA	Brasil	80
UNIVERSIDADE DE MISSOURI	Estados Unidos	71
INSTITUTO CROP SCIENCE	China	51
UNIVERSIDADE DE ILLINOIS	Estados Unidos	50
UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA	Brasil	48

A relevância é medida de acordo com o número de artigos publicados por autores e coautores vinculados a estas instituições. Fonte: Web of Science e Scopus.

Estas cinco instituições mais relevantes contribuíram com 300 artigos, correspondendo a mais de 36% do número total de publicações analisadas nesta revisão (819). Nos últimos 20 anos, a Universidade Federal de Viçosa publicou o maior número de artigos e destaca-se pela presença de autores vinculados à universidade que mais publicaram em melhoramento de soja. Dos 819 artigos analisados, os pesquisadores Cosme Damião Cruz e Tuneo Sedyama, publicaram, respectivamente, 17 e 16 artigos no período de 2001 a 2021 (Tabela 3). Ressalta-se que essa informação está baseada no número de artigos publicados como primeiro autor.

Tabela 3. Os 10 autores que mais publicaram na área de melhoramento genético de soja no período de 2001 a 2021.

<b>AUTORES</b>	<b>INSTITUIÇÃO</b>	<b>ARTIGOS</b>
HAMAWAKI O	Universidade Federal de Uberlândia	29
LI Y	Universidade Agrícola de Nanjing	22
WANG Y	Instituto Crop Science	19
QIU L	Instituto Crop Science	18
CRUZ C	Universidade Federal de Viçosa	17
NOGUEIRA A	Universidade Federal de Uberlândia	17
CHEN P	Universidade de Missouri	16
SEDIYAMA T	Universidade Federal de Viçosa	16
WANG K	Instituto Crop Science	16
HAMAWAKI R	Universidade do Sul de Illinois	14

Fonte: Web of Science e Scopus.

Os autores vinculados à Universidade Federal de Uberlândia aparecem, também, entre os 10 autores que mais publicaram em melhoramento genético de soja. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki e Ana Paula Oliveira Nogueira são o primeiro e o sexto autores que mais contribuem com pesquisas na área. Ambos coordenam o Programa de Melhoramento Genético (PMG) da universidade e desenvolvem pesquisas com o propósito de aprimorar as tecnologias de produção da soja por meio do desenvolvimento de novas cultivares convencionais produtivas, resistentes aos estresses bióticos e abióticos e com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas (PMG, 2023).

Os estudos realizados pelas instituições refletem a importância da cultura da soja para os respectivos países. O Brasil é um dos principais *players* globais no mercado da soja em grão, farelo e óleo, junto com os Estados Unidos e Argentina. Atualmente, cerca de 82% da produção mundial de soja está concentrada nesses três países. A China se destaca, também, como um país relevante na produção mundial de soja, representando junto com o Paraguai, a Índia e o Canadá cerca de 12% da produção mundial dessa oleaginosa (USDA, 2022).

### 3.4 Países mais relevantes quanto às publicações em melhoramento de soja

Para visualizar as regiões que possuem as instituições mais citadas, foi criado um mapa mundial de calor mostrando publicações em todos os países (Figura 1). Este mapa demonstra que, durante o período do estudo, o Brasil, os EUA e a China foram os três países mais produtivos em publicações científicas sobre melhoramento de soja.

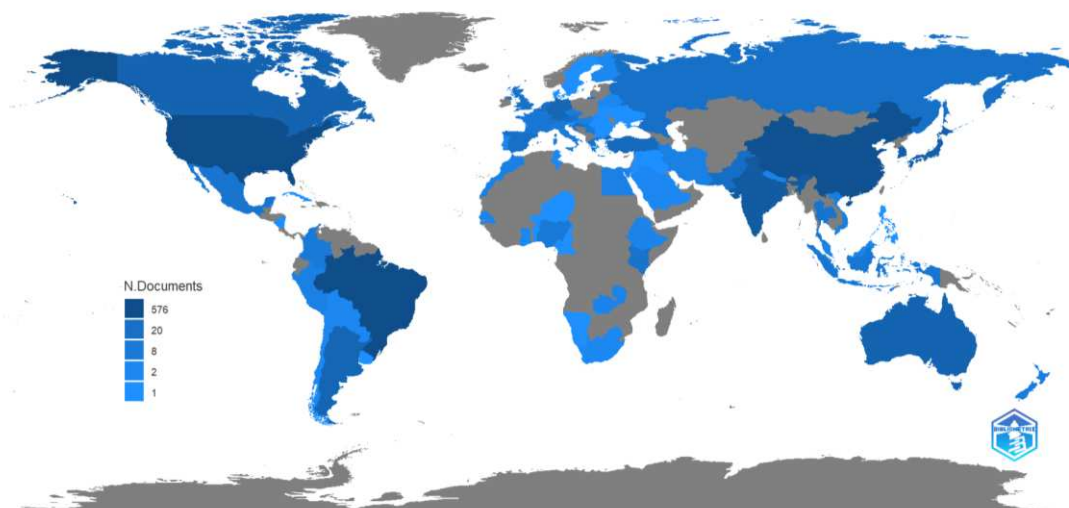


Figura 1 - Produção científica dos países em melhoramento de soja. A intensidade da cor é proporcional ao número de publicações na área.

De acordo com PARDEY et al. (2018), observa-se, especialmente, no Brasil, na China e na Índia um crescimento em investimentos relacionados à pesquisa e desenvolvimento na área de alimentos e agricultura, o que justificaria estes países estarem entre os cinco que mais publicam na área.

O Brasil (189 artigos) destaca-se como um dos países com maior investimento em pesquisa e desenvolvimento na agricultura, que, aliado às suas características de grande extensão territorial, tem se mantido como líder nas exportações agrícolas (PIVOTO et al., 2018). Já os Estados Unidos (152 artigos), ocupa o segundo lugar entre os países que mais exportam soja, e, também, destaca-se no orçamento destinado à pesquisa e desenvolvimento. No ano fiscal de 2021, os EUA investiram uma média de 167 bilhões de dólares de seu orçamento no setor agrícola (USDA, 2022).

A China ocupa o terceiro lugar em número de publicações (121 artigos) e tornou-se um dos países que mais investem em pesquisas e desenvolvimento agrícola nos setores públicos e privados (PARDEY et al., 2018), o que reflete no número de trabalhos associados à área de melhoramento. Salienta-se que o Brasil se consolidou na posição de principal parceiro comercial agrícola da China e de importante receptor dos seus investimentos no agronegócio (CARIELLO, 2021).

A Índia, com 56 artigos publicados no período de 2001 e 2021, é o país que mais recentemente ascendeu ao topo dos países em investimento em pesquisa e desenvolvimento agrícola (PARDEY et al., 2018). A agricultura indiana desempenha papel essencial no desenvolvimento econômico, crescendo, em média, 3% ao ano nos últimos 40 anos, o que favorece sua posição de destaque no número de trabalhos de pesquisa na área (SEIXAS et al., 2019).

Por fim, o Japão (30 artigos) na segunda metade do século XX, intensificou suas atividades de cooperação técnico-científica e investimento em locais com recursos naturais e capacidade de expansão de área de produção de alimentos como a Índia e a América do Sul. Ao transferir tecnologia, técnicos e recursos financeiros, o governo japonês encontrou na política de cooperação internacional uma estratégia, na qual permitiu a aceleração do processo de obtenção de recursos naturais por meio da circulação de saberes e preparação de instituições de pesquisa capazes de atuar em todo mundo (KLANOVICZ, 2021).

Essa análise nos permite visualizar, de maneira ampla, as diferenças de pesquisa em relação ao número de artigos em melhoramento de soja nos diferentes países e evidenciar a necessidade de desenvolver pesquisas nessa área e promover a cooperação entre pesquisadores do mundo inteiro.

### **3.5 Palavras-chave mais populares**

As palavras-chave mostram informações sobre tendências e fronteiras de pesquisa, bem como os tópicos de maior interesse para os pesquisadores de uma área (LIU et al., 2018; ZHANG & CHEN, 2020). De um total de 2561 palavras-chave, o *wordcloud* mostrou as 50 mais usadas nos últimos 20 anos (Figura 2). O tamanho da fonte varia de acordo com a quantidade de citações, ou seja, quanto maior a palavra, mais citada ela foi (ÁRIA & CUCCURULLO, 2017).

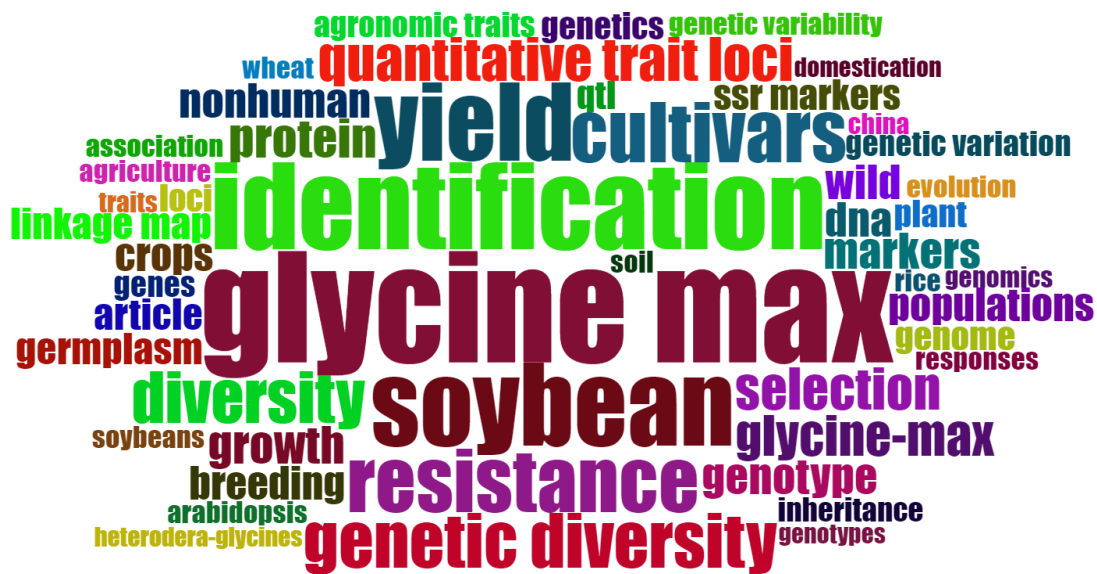


Figura 2 - As 50 principais palavras-chave usadas com frequência são representadas pela nuvem de palavras. O tamanho das palavras representa frequências diferentes.

As 10 palavras-chave que apareceram com mais frequência foram “*Glycine max*” (74), “identificação” (58), “soja” (55), “colheita” (52), “resistência” (42), “cultivares” (40), “diversidade genética” (36), “diversidade” (34), “locus de características quantitativas” (29) e “seleção” (28), uma frequência total de 448 em 2561.

As palavras que aparecem na pesquisa sintetizam o trabalho realizado dentro dos programas de melhoramento genético de soja. O estudo da diversidade genética auxilia na seleção de genitores divergentes entre si, o que possibilita a identificação de combinações híbridas que proporcionarão maior variabilidade genética nas gerações segregantes e a ampliação da base genética dos programas (SOUSA et al., 2015). Ademais, caracteres de interesse como componentes de produção e resistência a doenças são de natureza quantitativa, o que torna fundamental a realização de estimativas de seus parâmetros genéticos para definir estratégias de seleção (VAL et al., 2017).

Na Figura 3 consta o mapa de análise fatorial de palavras-chave, usando uma abordagem de escala multidimensional entre as principais 50 palavras.

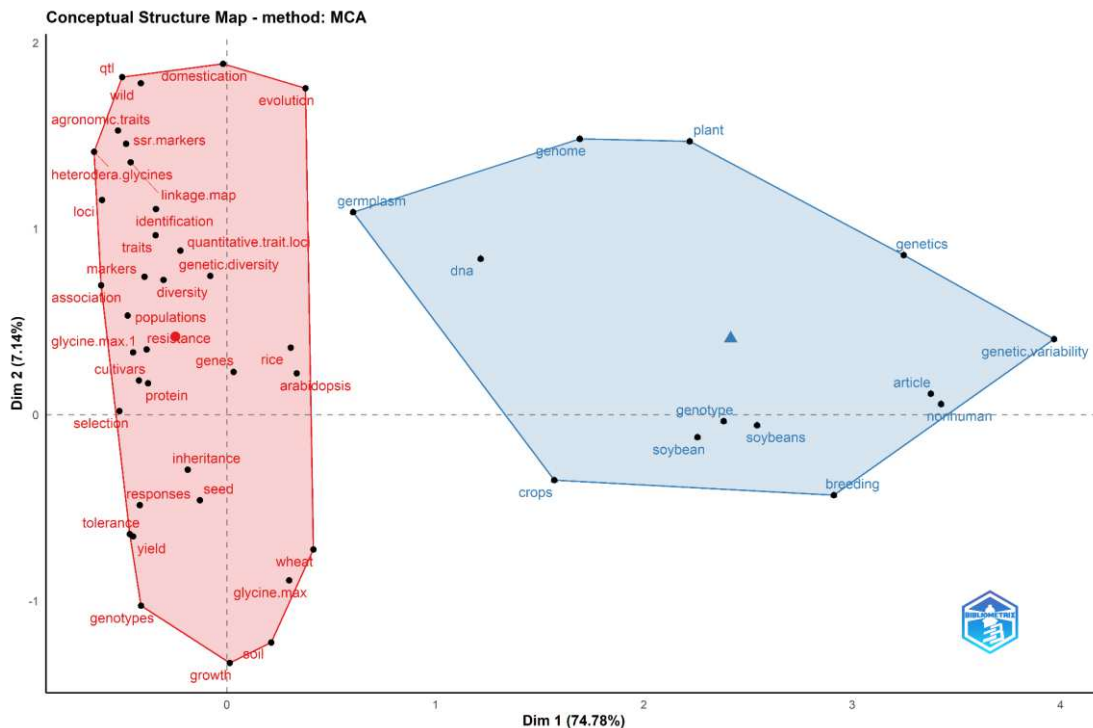


Figura 3 - Mapa conceitual e grupos de palavras-chave.

Observa-se que foram formados dois grupos distintos por meio da semelhança de termos utilizados na pesquisa. Quanto mais semelhantes são as palavras em distribuição, mais próximas elas são representadas no mapa. Desse modo, identifica-se termos como “genetic diversity”, “quantitative trait loci”, “diversity”, “markers”, “identification” e “traits” próximos no grupo vermelho, bem como “*Glycine max*”, “resistance”, “cultivars” e “protein” se encontram próximos no mesmo grupo. Já no grupo azul, observa-se as palavras “genotype”, “soybean” e “soybeans” mais próximas.

O grupo vermelho é composto por 37 palavras que estão principalmente relacionadas a pesquisas sobre diversidade genética, características quantitativas - importantes na cultura da soja por serem altamente afetadas pelo ambiente -, resistência a pragas e doenças, marcadores moleculares. Já o cluster azul, reuniu um menor número de palavras (13), mas que, também, estão relacionadas ao melhoramento genético de soja.



## 4 CONCLUSÃO

A análise dos 819 documentos por meio da bibliometria foi capaz de mensurar a linha temporal de evolução dos estudos nos últimos vinte anos, bem como estabelecer um perfil acerca da produção científica mundial, com foco na participação e relevância dos países que mais investem na área, as principais instituições e pesquisadores.

O Brasil destaca-se por estar entre os três países que mais contribui com pesquisas na área de melhoramento genético de soja, junto com os Estados Unidos e a China.

A Universidade Federal de Uberlândia destaca-se no Brasil por está entre as instituições com maior produtividade científica em melhoramento de soja. Ademais, o autor que mais publica na área está vinculado a essa universidade.

Por fim, as palavras-chave mais utilizadas envolveram termos que estão diretamente relacionados ao melhoramento genético de soja.

## REFERÊNCIAS

ABEBE A.T., KOLAWOLE A.O., UNACHUKWU N., CHIGEZA G., TEFERA H., GEDIL M. Avaliação da diversidade em variedades tropicais de soja (*Glycine max* (L.) Merr.) e linhagens de elite usando marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único. **Plant Genet Resour Charact Util**, v.19, n. 1, p.20-28, 2021.

Available from: <https://doi.org/10.1017/S1479262121000034>

ARIA, M.; CUCCURULLO, C.; ARIA, M. M. Package 'Bibliometrix', Version 3.1.1, 2021.

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. Bibliometrix: uma ferramenta R para análise abrangente de mapeamento científico. **Journal of Informetrics**, v. 11, n. 4, p. 959-975, 2017.

Available from: <https://doi.org/10.1016/j.joi.2017.08.007>

ASNER, G. P. Biophysical and biochemical sources of variability in canopy reflectance. **Remote sensing of Environment**, v. 64, n. 3, p. 234-253, 1998.

Available from: [https://doi.org/10.1016/S0034-4257\(98\)00014-5](https://doi.org/10.1016/S0034-4257(98)00014-5)

BORSATTO, R. S.; BERGAMASCO, S.M.P.; BIANCHINI, V. Transferência de tecnologia ou compartilhamento de conhecimentos. **Desvendando o papel da Embrapa no desenvolvimento rural. Brasília, DF: Embrapa, 2017.**

CARIELLO, T. Investimentos chineses no Brasil: Histórico, tendências e desafios globais (2007-2020). **Rio de Janeiro: Conselho Empresarial Brasil-China**, 2021.

CARVALHO, I. R.; MAMBRIN, R. B. **Estratégias de melhoramento genético para a soja**. Tecnologias Aplicadas para o Manejo Rentável e Eficiente da Cultura da Soja, p. 105, 2022.

CONTINI, E., GAZZONI, D., ARAGÃO, A., MOTA, M., MARRA, R. SÉRIE DESAFIOS DO AGRONEGÓCIO BRASILEIRO (NT1): **Parte 1: COMPLEXO SOJA - Caracterização e Desafios Tecnológicos**. Embrapa, 2018.

DEPARTAMENTO DE AGRICULTURA DOS ESTADOS UNIDOS - USDA. Informações do Serviço Nacional de Estatísticas Agrícolas (NASS). Último Comércio Agrícola dos Estados Unidos. Disponível online: USDA ERS - U.S. Agricultural Trade Data Update. Acesso em: 05 de fev. de 2023).

GESTEIRA, G. S., BRUZI, A. T., ZITO, R. K., FRONZA, V., & ARANTES, N. E. Selection of early soybean inbred lines using multiple indices. **Crop Science**, v. 58, n. 4, p. 2494-2502, 2018.

Available from: <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.05.0295>

HARTMAN, G. L.; WEST, E. D.; HERMAN, T. K. Crops that feed the World 2. Soybean worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. **Food Security**, v. 3, p. 5-17, 2011.

Available from: <https://doi.org/10.1007/s12571-010-0108-x>

KLANOVICZ, J. Uma grande agroaceleração por procuração: a Japan International Cooperation Agency na América do Sul. **Diálogos Latinoamericanos**, v. 30, 2021.

Available from: <https://doi.org/10.7146/dl.v30i.128040>

LIU, K., CAO, S., DU, G., BASKIN, J. M., BASKIN, C. C., BU, H., QI, W., TING, L. Vinculando a germinação de sementes e a altura da planta: um estudo de caso de uma comunidade de zonas úmidas no planalto oriental do Tibete. **Plant Biology**, v. 20, p. 886-893, 2018. Available from: <https://doi.org/10.1111/plb.12845>

LIU, Z., ZHAO, M., LU, Z., ZHANG, H. Seed Traits Research Is on the Rise: A Bibliometric Analysis from 1991-2020. **Plants**, v. 11, n. 15, p. 2006, 2022. Available from: <https://doi.org/10.3390/plants11152006>

LOPEZ, M. A., FREITAS MOREIRA, F., RAINEY, K. M. Genetic relationships among physiological processes, phenology, and grain yield offer an insight into the development of new cultivars in soybean (*Glycine max* L. Merr). **Frontiers in Plant Science**, v. 12, p. 651241, 2021.

Available from: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.651241>

MARANNA, S., NATARAJ, V., KUMAWAT, G., CHANDRA, S., RAJESH, V., RAMTEKE, R., PATEL, R.M., RATNAPARKHE, M. B., HUSAIN, S.M., GUPTA, S., KHANDEKAR, N. Melhoramento para maior produtividade, maturidade precoce, maior adaptabilidade e tolerância ao alagamento em soja ( *Glycine max* L.): Um estudo de caso. **Scientific Reports**, v. 11, p. 22853, 2021.

Available from: <https://doi.org/10.1038/s41598-021-02064-x>

PARDEY, P.G., ALSTON, J.M., CHAN-KANG, C., HURLEY, T.M., ANDRADE, R.S., DEHMER, S.P., RAO, X. The shifting structure of agricultural R&D: Worldwide investment patterns and payoffs. **From Agriscience to Agribusiness: Theories, Policies and Practices in Technology Transfer and Commercialization**, p. 13-39, 2018. Available from: [https://doi.org/10.1007/978-3-319-67958-7\\_2](https://doi.org/10.1007/978-3-319-67958-7_2)

PETEREIT, J., MARSH, J. I., BAYER, P. E., DANILEVICZ, M. F., THOMAS, W. J., BATLEY, J., & EDWARDS, D. Genetic and genomic resources for soybean breeding research. **Plants**, v. 11, n. 9, p. 1181, 2022.

Available from: <https://doi.org/10.3390/plants11091181>

PINTO, R. J. B. **Introdução ao melhoramento genético de plantas**. 2ª Ed. Maringá. Editora EDUEM. 351 p. 2014

PIVOTO, D., WAQUIL, P.D., TALAMINI, E., FINOCCHIO, C.P.S., DALLA CORTE, V.F., DE VARGAS MORES, G. Scientific development of smart farming technologies and their application in Brazil. **Information Processing in Agriculture**, v. 5, p. 21-32, 2018.

Available from: <https://doi.org/10.1016/j.inpa.2017.12.002>

PLIEGO, J.R., JOSEFREDO, R. AVALIAÇÃO DOS CIENTISTAS: UTILIZAMOS AS MÉTRICAS CORRETAS?. **Química Nova**, v. 46, p. 222-228, 2023.

Available from: <https://doi.org/10.21577/0100-4042.20170955>

PMG - Programa de Melhoramento genético de soja. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/node/1>>. Acesso em 01 de jun. 2023.

ROSAS, F. S., DE ALMEIDA, C. C., SILVA, D. D. Indicadores de citação. **Tópicos da bibliometria para bibliotecas universitárias**, p. 94, 2020.

Available from: <https://doi.org/10.36311/2020.978-65-86546-91-0.p94-133>

SEIXAS, M., CONTINI, E., SOARES, C. O. Índia: o despertar de um gigante do agronegócio. **Revista de Política Agrícola**, v. 27, n. 3, p. 95-113, 2019.

SOUSA, L.B., HAMAWAKI, O.T., BATISTA, R.O., BERTAN, I., NOGUEIRA, A.P.O., ROMANATO, F.N., HAMAWAKI, R.L. Variabilidade genética entre cruzamentos biparentais de soja avaliada por análise multivariada. **Jornal de Biociências**, v. 31, p.1404-1412, 2015. Available from:

<https://doi.org/10.14393/BJ-v31n5a2015-26458>

USDA - United States Department of Agriculture. World Agricultural Supply and Demand Estimates. WASDE-583. 2018. Available from:

<http://usda.mannlib.cornell.edu/usda/current/wasde/wasde-11-08-2018>.

Acesso em: jan. 2022.

USDA - United States Department of Agriculture. World Agricultural Supply and Demand Estimates. Available from:

<https://apps.fas.usda.gov/psdonline/app/index.html#/app/downloads>

Acesso em: jun. 2023.

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

Available from: <https://doi.org/10.5897/AJB2016.15766>

ZHANG, Y., CHEN, Y. Research trends and areas of focus on the Chinese Loess Plateau: A bibliometric analysis during 1991-2018. **Catena**, v. 194, p. 104798, 2020. Available from: <https://doi.org/10.1016/j.catena.2020.104798>

## **CAPÍTULO II - Diallel and generation analysis in F<sub>2</sub> soybean populations**

**Running title:** Half table balanced diallel in soybean

**Manuscript category:** Genetics and Plant Breeding

Sílvia Barbosa Ferreira<sup>1\*</sup>, Bruno Henrique Gomes<sup>1</sup>, Osvaldo Toshiuyiki Hamawaki<sup>2</sup>, Polianna Alves Silva Dias<sup>3</sup>, Cristiane Divina Lemes Hamawaki <sup>2</sup>, Raphael Lemes Hamawaki<sup>2</sup>, Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biotecnologia, CEP 38405-320, Uberlândia, MG, Brasil. E-mail: ferreiras@hotmail.com. Autor para correspondência.

<sup>2</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Ciências Agrárias, CEP 38410-337, Uberlândia, MG, Brasil.

<sup>3</sup>Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, CEP 75790-000, Urutaí, GO, Brasil.

\*Corresponding author: <ferreirasb@ufu.br>

### **ABSTRACT**

The present study aimed to obtain estimates of the general (GCC) and specific (SCC) combining capacities of three soybean parents by means of the half table balanced diallel and to estimate genetic parameters of agronomic traits in F<sub>2</sub> populations. The experiment was organized in complete randomized blocks with ten replications. The plants obtained from the combinations between the parents UFUS Guará, UFUS 7415 and MG/BR 46 Conquista were individually evaluated for thirteen agronomic traits. The results indicated that the parent UFUS 7415 had the highest and most positive GCC values for the production components. The best cross was UFUS Guará × UFUS 7415, with the highest number of total pods and grain production. The three combinations showed a high coefficient of heritability for the number of productive nodes. At the crossing UFUS Guará x UFUS 7415, greater selection gains and higher averages were observed for the number of pods with one, two and three grains and the number of total pods.

**Keywords:** diallel, genetic parameters, segregating populations.

## RESUMO

O presente estudo teve como objetivo obter as estimativas das capacidades geral e específica de combinação de três genitores de soja por meio do dialelo parcial e determinar parâmetros genéticos de caracteres agronômicos em populações F<sub>2</sub>. O experimento foi organizado em blocos completos casualizados com dez repetições. As plantas obtidas a partir das combinações entre os genitores UFUS GUARÁ, UFUS 7415 e MG/BR 46 Conquista foram avaliadas individualmente quanto à treze caracteres agronômicos. Os resultados indicaram que o genitor UFUS 7415 apresentou os mais altos e positivos valores de CGC para os componentes de produção. A melhor hibridação foi UFUS GUARÁ × UFUS 7415, com o maior número de vagens totais e produção de grãos. As três combinações apresentaram elevado coeficiente de herdabilidade para o caráter número de nós produtivos. No cruzamento UFUS GUARÁ x UFUS 7415 foram observados maiores ganhos de seleção e médias superiores para número de vagens totais e número de vagens com um, dois e três grãos.

**Palavras-chave:** dialelo, parâmetros genéticos, populações segregantes.

## 1 INTRODUCTION

The genetic breeding of plants is essential for maintaining the global food supply and must evolve to offer products that meet population growth and also cultivars capable of overcoming the effects of climate change. The world consumption of oilseeds is expected to continue, not only due to the expectation of population growth, but mainly due to the increase in the consumption of animal protein (Dall'Agnol, 2017). In the Brazilian agricultural scenario, soybean crop (*Glycine max* (L.) Merrill) stands out as one of the main commodities. In this sense, investments in soybean breeding programs are indispensable for the search for more productive and adapted to climate change genotypes.

For the success of the genetic breeding of soybean, to be informed about the genetic parameters and to know the combinatorial ability of the available genotypes, makes it possible to develop segregating populations for selective processes. The analysis of genetic parameters in soybean for agronomic traits is important to direct crosses and maximize the genetic variability of segregating

populations. These and other questions can be answered from crosses that follow some genetic design (Bornhofen, 2019), such as half table balanced diallel cross. With the diallel analysis it is possible to obtain information about the behavior of the involved parents and the hybrid combinations that result in superior segregating populations by means of estimates of the general (GCC) and specific (SCC) combining capacities (Teodoro et al., 2019). The general combining capacity is related to genes with additive effects and the specific combining capacity to nonadditive gene effects (Cruz et al., 2012). In soybean crop there is a limitation regarding the use of F<sub>1</sub> generation plants for diallel analysis due to the low availability of seeds (Friedrichs et al., 2016) and the predominance of dominance deviations. An alternative is the evaluation of the diallel in F<sub>2</sub> populations. In advanced generations, the dominance deviation is reduced and there is a possibility that the effect of SCC not be meaningful (Pimentel et al., 2014).

Given the above, the objectives of the study were to obtain the GCC and SCC estimates of three soybean parents through the half table balanced diallel, determine genetic parameters of important agronomic traits and estimate the gain selection in F<sub>2</sub> populations, in order to identify the genotypes and the combinations considered promising for the development of superior lines.

## **2 MATERIALS AND METHODS**

The experiment was carried out in the 2017/2018 season, in an experimental area located at São Lourenço Farm (18° 31' 20.6" S and 46° 04' 49.5" W), in the municipality of Varjão de Minas, Minas Gerais, Brazil. The seeds of the F<sub>2</sub> generation were obtained from the crosses UFUS Guar x UFUS 7415, UFUS Guar x MG/BR 46 Conquista and UFUS 7415 x MG/BR 46 Conquista. The parents show resistance to the nematode of the galls *Meloidogyne incognita* and *Meloidogyne javanica* (MG/BR 46 Conquista), high yield potential, early cycle and tolerance to Asian soybean rust (UFUS 7415) and tolerance to white mold (UFUS Guar).

The area was prepared in the conventional tillage system with plowing and two harrows, followed by furrowing. Sowing fertilization was carried out with the formula NPK 02-28-18, at a dose of 400 kg ha<sup>-1</sup>. Prior to sowing, the seeds were

treated with fungicide (Carbendazim and Tiram) and inoculated with *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 and SEMIA 5080 strains. Each F<sub>2</sub> generation was sown in pits, with a spacing of 0.50 m between rows and 0.25 m between plants. Manual sowing was performed on December 24, 2017. A randomized complete block design with ten replications was adopted. During the conduct of the experiment, the management of pests and diseases were carried out through applications of insecticides and fungicides, based on technical recommendations and the need of the crop (Embrapa, 2014). To assist in biological nitrogen fixation, 30 days after emergence, cobalt and molybdenum were applied via foliar at a dosage of 100 mL ha<sup>-1</sup>.

57, 59 and 62 plants for each parent (P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> and P<sub>3</sub>, respectively), 119 plants of the F<sub>2</sub> population of the crossing UFUS GUARÁ x UFUS 7415, 116 plants of the F<sub>2</sub> population of the crossing UFUS GUARÁ x MG/BR 46 Conquista and 159 plants of the F<sub>2</sub> population of the crossing UFUS 7415 x MG/BR 46 Conquista were analyzed.

The plants were evaluated individually to obtain information about the following agronomic traits: Plant height at flowering (**PHF**) and maturity (**PHM**): measured in cm, from the soil surface to the end of the main stem when the plants were in the reproductive stage R1 and R8; Number of nodes on the main stem at flowering (**NNF**) and maturity (**NNM**): determined by counting the number of nodes on the main stem, when the plants were in the reproductive stage R1 and R8; Number of productive nodes (**NPN**): number of nodes with pods at maturity; Number of days for flowering (**NDF**) and for maturity (**NDM**): defined as the number of days from emergence to flowering, when approximately 50% of the plants in the useful plot had at least one open flower (R1) and when 95% of the pods in the useful area of the plot were mature (R8); Insertion height of the first pod (**IHP**): distance, in cm, measured from the soil surface to the first pod; Number of pods with one grain (**NP1**), with two grains (**NP2**) and with three grains (**NP3**): after harvesting, the number of pods with one, two and three grains was counted; Total number of pods per plant (**TNP**): obtained by the sum of number of pods with one, two and three grains; Grain production per plant (**GP**): after harvesting, the plants were traced manually, and their grains had their mass determined on an analytical balance, with four decimal places.



The data for each trait was submitted to analysis of variance and the significance level was analyzed using the F-test, at 5% probability. After obtaining the mean of the crossings for the evaluated traits, a half table balanced diallel analysis was carried out according to Griffing's (1956) method 2 and adapted by Geraldi and Miranda Filho (1988). The effect of the treatments (averages of the three F<sub>2</sub> populations and the three parents) was estimated using the mathematical model:  $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$ , where:  $Y_{ij}$ : average value of the hybrid ( $i \neq j$ ) or parent combination ( $i = j$ );  $\mu$ : general mean of the diallel;  $g_i$  and  $g_j$ : effects of the general combining ability of the  $i$ -th and the  $j$ -th parent, respectively;  $s_{ij}$ : effect of specific combining ability for crosses between parents of order  $i$  and  $j$ ;  $\bar{\epsilon}_{ij}$ : mean experimental error.

From the phenotypic values of individuals from the generations of parents and F<sub>2</sub>, the genetic parameters described below were estimated (Cruz et al., 2012):

Genotypic variance in F<sub>2</sub>:  $\sigma_{G(F_2)}^2 = \sigma_{F(F_2)}^2 - \sigma_{e(F_2)}^2$ , where:  $\sigma_{G(F_2)}^2$ : genetic variance of the F<sub>2</sub> population;  $\sigma_{F(F_2)}^2$ : phenotypic variance of the F<sub>2</sub> population;  $\sigma_{e(F_2)}^2$ : environmental variance of the F<sub>2</sub> population. Environmental variance in F<sub>2</sub>:  $\sigma_{e(F_2)}^2 = \frac{1}{2} [\sigma_{(P_1)}^2 + \sigma_{(P_2)}^2]$ , where:  $\sigma_{e(F_2)}^2$ : environmental variance;  $\sigma_{(P_1)}^2$ : phenotypic variance of the parent 1;  $\sigma_{(P_2)}^2$ : phenotypic variance of the parent 2. Phenotypic variance in F<sub>2</sub>:  $\sigma_{F(F_2)}^2 = \sigma_{G(F_2)}^2 + \sigma_{e(F_2)}^2$ , where:  $\sigma_{G(F_2)}^2$ : genetic variance of the F<sub>2</sub> population;  $\sigma_{F(F_2)}^2$ : phenotypic variance of the F<sub>2</sub> population;  $\sigma_{e(F_2)}^2$ : environmental variance of the F<sub>2</sub> population. Heritability in the broad sense:  $h_a^2 = \frac{\sigma_{G(F_2)}^2}{\sigma_{F(F_2)}^2} \times 100$ , where:  $h_a^2$ : heritability in the broad sense;  $\sigma_{G(F_2)}^2$ : genetic variance of the F<sub>2</sub> population;  $\sigma_{F(F_2)}^2$ : phenotypic variance of the F<sub>2</sub> population. Prediction of gains by selection:  $\Delta S = DS \times h^2$  and  $\Delta G\% = \frac{\Delta G}{X_o}$ , where:  $\Delta S$ : selection gain;  $DS$ : selection differential, given by the formula  $DS = \bar{X}_s - \bar{X}_o$ ; where:  $\bar{X}_s$ : average of selected;  $\bar{X}_o$ : observed average of the F<sub>2</sub> population;  $h^2$ : heritability. Number of genes involved in the trait expression:  $\eta = \frac{R^2 - (1 + 0,5 K^2)}{8 \hat{\sigma}_G^2}$ , where:  $\eta$ : number of genes;  $R$ : amplitude between the means of the parents or  $R = \bar{P}_1 + \bar{P}_2$ ;  $\hat{\sigma}_G^2$ : genetic variance. The average predicted for the first selection cycle:  $\bar{x}_c = \bar{x}_o + \Delta G$ , where:  $\bar{x}_c$ :

average predicted for the first selection cycle;  $\bar{x}_o$ : average of the F<sub>2</sub> population;  $\Delta G$ : selection gain.

The means were compared by the Tukey test at the 5 % probability level. All analyzes were performed using the Computational Program in Genetics and Statistics - GENES (Cruz, 2016).

### 3 RESULTS AND DISCUSSION

Significant effects were found for the general (GCC) and specific (SCC) combining capacities for the agronomic traits number of days to maturity (NDM), plant height at flowering (PHF), plant height at maturity (PHM), number of pods with one and two grains (NP1 e NP2), total number of pods per plant (TNP) and grain production per plant (GP) (Table 1). The significance of the parameters for GCC indicates that there is variability in the additive gene effects and the significance for SCC indicates the predominance of dominance deviations. This information is important to identify parents that result in promising combinations for the formation of segregating populations with high genetic potential (Pimentel et al., 2013).

The coefficients of variation (CV) were good, ranging from 0.74% (NDM) to 40.66% (NP1) (Table 1). Higher CV estimates were observed for production components (NP1 and NP3), which is common and occurs because these traits are quantitative, controlled by many genes and highly influenced by the environment (Leite et al., 2015).

The effects of SCC are more important than those of GCC, since the mean square associated with SCC was significant for most of the traits analyzed, which reinforces the greater contribution of non-additive gene action in the control of these traits (Table 1). Colombo et al. (2018), when analyzing the GCC and SCC of soybean genotypes for agronomic attributes, also identified the predominance of SCC.

Estimates of the effects of the GCC of each genotype for the evaluated traits are shown in Table 2. Positive or negative values for GCC indicate that the parent is higher or lower, respectively, than the average of the other parents (Cruz et al., 2012). For production components (NP1, NP2, NP3, TNP and GP), the UFUS 7415 genotype showed the highest and most positive values of the GCC estimates

(0.74, 1.67, 3.26, 5.69 and 2.20, respectively). In the crossings in which this parent participates, there will be a contribution to the increase of production components, a desired trait in soybean breeding programs. Rocha et al. (2019) also found positive GCC values for total number of pods and for grain production per plant in segregating soybean populations.

The height of the plant at flowering and maturity is an important trait, as it influences lodging, another trait that limits the yield potential of the crop (HWANG e GEON, 2019). For PHF and PHM, the parent UFUS Guar presented negative values of the GCC estimates (-3.95 and -2.10, respectively), which contributes to the reduction of the average in the analyzed traits, since soybean plants with heights less than 100 cm are ideal (Table 2). Mishra (2019), in order to evaluate six soybean genotypes by means of the general and specific combining capacities in F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations, obtained significant and negative (-2.49) value of GCC for plant height in one of the analyzed genotypes.

For the height of insertion of the first pod, the values observed were -0.20, 0.15 and 0.04 for the parents UFUS Guar, UFUS 7415 and MG/BR 46 Conquista, respectively (Table 2). IHP is an important trait to be analyzed, as the traditional cultivation of soybean depends on mechanized harvesting and cultivars with low values for this trait can be damaged during the harvesting process.

For the variables NNF, NNM and NPN, the MG/BR 46 Conquista genotype showed the highest positive values, which indicates that it is a promising parent for the manufacture of more productive plants (Table 2). Leite et al. (2016) observed a positive and significant genotypic correlation between the traits grain yield and number of nodes per plant, indicating that the selection of plants with a higher number of nodes would result in more productive plants. It is noteworthy that one of the main objectives of soybean breeding programs is to seek cultivars with higher and earlier values of yield.

The flowering and maturation period are important agronomic traits and it is important to select early maturing varieties that minimally affect seed yield and weight (Copley et al., 2018). In this perspective, the parents UFUS 7415 and MG/BR 46 Conquista presented negative estimates for NDF and NDM, which indicates the contribution of these genotypes to reduce the cycle. When considering the effects of GCC, it was observed that the traits analyzed obtained

wide variation in the estimates. The parents showed independent behaviors, which contributes to increase or decrease the average of the analyzed variables.

The SCC demonstrates the behavior of hybrids based on the general combining ability of their parents and is related to nonadditive gene effects (Cruz et al., 2012). Estimates of the effects of SCC to determine the best hybrid combinations are shown in Table 2. The cross UFUS Guara × UFUS 7415 presented negative SCC estimates for the traits NDF (-0.63), NDM (-0.64), IHP (-0.59) and high magnitude and positive estimates for the production components NP1 (8.76), NP2 (6.57), NP3 (8.89), TNP (24.23) and GP (7.50). The means described in Table 3 for the traits mentioned were satisfactory and within the recommended for soybean. The good performance of the F<sub>2</sub> generation, which obtained values higher than its parents for the production components, stands out.

Table 2 shows that the combination UFUS Guara x BR/MG 46 Conquista demonstrated the best positive SCC estimates for the variables NNM (2.44) and NPN (1.20). The averages (Table 3) ranged from 15.07 to 19.00 for the number of nodes on the main stem at maturity and 13.35 to 15.55 for PN. The segregating population obtained higher estimates for the traits analyzed.

For PHF (-1.27) and PHM (-2.78), negative effects of SCC were observed on the cross UFUS 7415 x BR/MG 46 Conquista (Table 2). These observations, added to the fact that the parents have the best averages (Table 4) for the analyzed variables, allows us to affirm that this crossing brings together desirable traits, because very low plants (less than 60 cm) compromise yield and very high plants (over 100 cm) are more susceptible to lodging (Sediyama et al., 2015). Bagateli et al. (2020), in order to estimate the general and specific combining capacities of eight soybean genotypes, found negative SCC values and averages within the recommended for soybean culture in seven of the fifteen analyzed combinations.

For the agronomic attributes of economic interest, the cross UFUS Guara × UFUS 7415 presents itself as the most favorable, since it has the best means and estimates of SCC (Tables 2 and 3) and is composed of the best ranked parent from the GCC for the components of production (Table 2). Hybrid combinations involving at least one parent with favorable GCC estimates are of greater interest

to breeders, as they are more important than SCC, since the objective is not to obtain hybrids, but is indicative of heterosis caused by the effects of the combination (Rocha et al., 2019).

The estimates of the variance components for quantitative traits generate information about the genetic structure of a segregating population, favoring the selection of superior genotypes. The phenotypic variance ranged from 4.47 (NDF) to 7540.82 (TNP) in the combination UFUS Guara x UFUS 7415; from 2.79 (NDF) to 2748.34 (TNP) for the combination UFUS Guara x BR/MG 46 Conquista; and from 2.27 (NDF) to 2753.86 (TNP) for the combination UFUS 7415 x BR/MG 46 Conquista (Table 4).

In population A (UFUS Guara x UFUS 7415), the genotypic variance was greater than the environmental variance for the agronomic traits NDF, NDM, PHM, NNM, NPN, IHP, NP1, TNP and GP; in population B (UFUS Guara x BR/MG 46 Conquista) for NDF, NDM, NNM, NPN, IHP and GP; and in population C (UFUS 7415 x BR/MG 46 Conquista), for the traits NDM, NNM, NPN, IHP e GP (Table 4).

The highest estimates observed in the three populations for genotypic variance ranged from 283.23 to 5181.47 for TNP (Tabela 4), which indicates potential for the selection of that trait. The results of the present study are similar to those found by Santos et al. (2019), who observed genetic variance superior to the environmental variance for the total number of pods per plant when evaluating the genetic and agronomic parameters in soybean F<sub>2</sub> progenies from twenty two-parent crosses.

In breeding programs, it is essential to know the genetic variation of a given trait and the effects on the phenotype, since the variance from the environment makes it difficult to recognize superior genotypes (Hamawaki et al., 2012). Heritability is one of the most useful genetic parameters for breeding. When heritability is high, it means that the phenotypic variation is mainly due to the additive (inheritable) effects of the genes (Falconer e Mackay, 1996). Heritability estimates in the broad sense of high magnitude can be observed in the three populations analyzed for the NPN. The values were between 91.03% to 96.18% (Table 5). The results observed for the NPN were higher than those found by Teixeira et al. (2017) and Vianna et al. (2019), with heritability estimates for the NPN trait of 73.57% and 48.54%, respectively.

When analyzing population A, it is also observed estimates of heritability higher than 70% for the traits PHM, NNM, IHP and NP1; in population B for the traits NNM and IHP; and in population C for NDM and IHP (Table 4). Values above 70% for heritability indicate that simple selection methods can generate considerable gains, since the environment has no significant influence on the analyzed variable (Santos et al., 2018).

Another important genetic parameter to be analyzed is the number of genes. The estimation of this parameter shows us whether the trait under study is controlled by many or few genes. The combinations UFUS Guara x UFUS 7415, UFUS Guara x BR/MG 46 Conquista and UFUS 7415 x BR/MG 46 showed the highest number of genes, respectively, for NNF (34.23), PHM (40.17) and NP3 (177.89) (Table 5).

Based on the analysis of genetic parameters for the three crosses, the possibility of selecting superior genotypes in the F<sub>2</sub> generation was verified. Thus, the selection gain obtained and the average for the first cycle after selection were estimated (Table 5). The greatest genetic gains were obtained for the traits NP1 (137.14%), NNM (63.47%) and NPN (48.64%) in populations A, B and C, respectively (Table 5). In this work, greater positive selection gains were observed in the combination UFUS GUARA x UFUS 7415, with a higher predicted average, when compared to other crosses, for the production components NP1 (70.62), NP2 (72.73), NP3 (85.29) and TNP (238.63).

For the NDM trait, the estimates for selection gain were negative, corroborating with the results found by Amaral et al. (2020) and diverging from those found by Leite et al. (2018) who studied agronomic traits in soybeans and obtained positive values for the mentioned trait. For PHM and IHP, the selection gain was 28.67 and 30.54 for the combination UFUS Guara x UFUS 7415; 2.35 and 16.87 for the combination UFUS Guara x BR/MG 46 Conquista; and -7.93 and 24.20 for UFUS 7415 x BR/MG 46 Conquista (Table 5). The average predicted for PHM was between 61.77 cm and 90.03 cm and for HIFP between 11.89 cm and 12.58 cm. Thus, it was observed that the three segregating populations met the criteria considered ideal for culture.

The average predicted for GP ranged from 75.78g to 77.91g when analyzing the three combinations (Table 5). In addition, positive values for GP were

observed in all segregating populations that ranged between 31.46% and 42.74%, which indicates the possibility of gains with the selection. Bizari et al. (2017) and Teixeira et al. (2017) also observed gains for grain production in a segregating soybean population.

#### 4 CONCLUSION

The parent UFUS 7415 presents the highest and most positive values of the GCC estimates for the production components. The cross UFUS Guar x UFUS 7415 presents the highest number of total pods and grain production. The combinations UFUS Guar x UFUS 7415, UFUS Guar x MG/BR 46 Conquista and UFUS 7415 x MG/BR 46 Conquista show a high heritability coefficient for the number of productive nodes. In the population of the crossing UFUS Guar x UFUS 7415, greater selection gains and higher averages are observed for the production components NP1, NP2, NP3 and TNP.

#### REFERENCES

Amaral, L.O., Bruzi, A.T., Resende, P.M., Silva, K.B. 2019. Pure line selection in a heterogeneous soybean cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* **19**, 277–284.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332019v19n3a39>

Bagateli, J.R., Bahry, C.A., Silva, R.N.O., Carvalho, I.R., Conte, G.G., Villela, F.A., Gadotti, G.I., Meneghello, G.E. 2020. Estimates of heterosis and combining ability of soybean diallel crossings. *Plant Omics*, 7–14.

<https://doi.org/10.21475/POJ.13.01.20.p2038>

Bizari, E.H., Val, B.H.P., Pereira, E.M., Mauro, A.O.D., Unda-Trevisoli, S.H., Bizari, E.H., Val, B.H.P., Pereira, E.M., Mauro, A.O.D., Unda-Trevisoli, S.H. 2017. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Cincia Agronmica* **48**, 110–117.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

Bornhofen, E. 2019. Anlises genticas revelam oportunidades e obstculos da tolerncia ao fungo da ferrugem asitica da soja. Doutorado em Gentica e Melhoramento de Plantas, Universidade de So Paulo, Piracicaba, 126.

Colombo, G.A., Carvalho, E.V., Daronch, D.J., Peluzio, J.M. 2018. Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. *Revista de Ciências Agrárias Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences* **61**, 1–9.

<https://doi.org/10.22491/rca.2018.2696>

Copley, T.R., Duceppe, M.O., O'Donoghue, L.S. 2018. Identification of novel loci associated with maturity and yield traits in early maturity soybean plant introduction lines. *BMC Genomics* **19**, 167.

<https://doi.org/10.1186/s12864-018-4558-4>

Cruz, C.D. 2016. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum Agronomy* **38**, 547–552.

<https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

Cruz, C.D., Regazzi, A., Carneiro, P. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. *Viçosa: Editora UFV* **1**, 514.

Dall'Agnol, A. 2017. A saga da soja no Brasil e no Mundo. *Portal Agrolink*.

[https://www.agrolink.com.br/colunistas/coluna/a-saga-da-soja-no-brasil-e-no-mundo\\_400724.html](https://www.agrolink.com.br/colunistas/coluna/a-saga-da-soja-no-brasil-e-no-mundo_400724.html). Accessed 28 November 2020.

Empresa Brasileira De Pesquisa Agropecuária – Embrapa. 2014. *Tecnologia de produção de soja – Região Central do Brasil 2014*. Londrina, 226.

Falconer, D.S., Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4<sup>a</sup> edição. New York: Longman, 464.

Friedrichs, M.R., Burton, J.W., Brownie, C. 2016. Heterosis and Genetic Variance in Soybean Recombinant Inbred Line Populations. *Crop Science* **56**, 2072–2079.

<https://doi.org/10.2135/cropsci2015.11.0702>

Geraldi, I.O., de Miranda Filho, J.B. 1988. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética* **11**, 419–430.

Griffing, B. 1956. Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Australian Journal of Biological Sciences* **9**, 463–493.

<https://doi.org/10.1071/BI9560463>

Hamawaki, O.T., de Sousa, L.B., Romanato, F.N., Nogueira, A.P.O., Santos Júnior, C.D., Polizel, A.C. 2012. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae* **3**, 76–83.



Hwang, S., Lee, T.G. 2019. Integration of lodging resistance QTL in soybean. *Scientific Reports* **9**, 6540.

<https://doi.org/10.1038/s41598-019-42965-6>

Leite, W.S., Pavan, B.E., Filho, C.H.A.M., Neto, F.A., Oliveira, C.B., Feitosa, F.S. 2016. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F<sub>8</sub> de soja. *Comunicata Scientiae* **7**, 302–310.

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

Leite, W.S., Unêda-Trevisoli, S.H., Silva, F.M., Silva, A.J., Mauro, A.O.D. 2018. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. *Revista Ciência Agronômica* **49**, 491–500.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>

Leite, W.D.S., Pavan, B.E., Matos Filho, C.H.A., Feitosa, F.S., de Oliveira, C.B. 2015. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. *Nativa* **3**, 241–245.

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

Mishra, A.K. 2019. Estimation of Gene Action Through Combination Ability in Soybean. *Soybean Research* **17**, 22–29.

Pimentel, A.J.B., Ribeiro, G., Souza, M.A., Moura, L.M., Assis, J.C., Machado, J.C. 2013. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. *Bragantia* **72**, 113–121.

<https://doi.org/10.1590/S0006-87052013005000026>

Pimentel, A.J.B., Souza, M.A., Carneiro, P.C.S., Rocha, J.R.A.S.C., Machado, J.C., Ribeiro, G. 2014. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **48**, 1555–1561.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013001200004>

Rocha, M.R., Hamawaki, O.T., Nogueira, A.P.O., Machado Junior, C.S., Hamawaki, C.D.L., Hamawaki, R.L. 2019. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. *Ciência e Agrotecnologia* **43**, 1–7.

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

Santos, E.R., Spehar, C.R., Pereira, P.R., Capone, A., Barros, H.B. 2019. Genetic parameters and agronomic evaluation progenies F<sub>2</sub> soy the federal district, Brazil. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias (Agrária)* **14**, 1–8.

<https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

Santos, E.R., Spehar, C.R., Capone, A., Pereira, P.R. 2018. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F<sub>2</sub> de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. *Nucleus* **15**, 61–70.

<https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>

Teixeira, F.G., Hamawaki, O.T., Nogueira, A.P.O., Hamawaki, R.L., Jorge, G.L., Hamawaki, C.L., Machado, B.Q.V., Santana, A.J.O. 2017. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. *Genetics and Molecular Research* **16**, 1–17.

<https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

Teodoro, L.P.R., Bhering, L.L., Gomes, B.E.L., Campos, C.N.S., Baio, F.H.R., Gava, R., Júnior, C.A.S., Teodoro, P.E. 2019. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. *PLOS ONE* **14**, e0226523.

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

Vianna, M.S., Nogueira, A.P.O., Hamawaki, O.T., Sousa, L.B., Gomes, G.F., Glasenapp, J.S., Hamawaki, R.L., Silva, C.O. 2019. Selection of lineages, genetic parameters, and correlations between soybean characters. *Bioscience Journal* **35**, 1300–1314.

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

**Table 1.** Summary of the analysis of variance of the partial diallel involving three parents and their hybrid combinations.

FV	DF	Medium square						
		NDF	NDM	PHF	PHM	NNF	NNM	NPN
Genotypes	5	1.48 <sup>ns</sup>	3.66 <sup>**</sup>	280.36 <sup>**</sup>	187.59 <sup>*</sup>	2.90 <sup>*</sup>	24.05 <sup>ns</sup>	8.56 <sup>ns</sup>
G.C.C.	2	0.05 <sup>ns</sup>	2.05 <sup>*</sup>	628.78 <sup>**</sup>	184.13 <sup>ns</sup>	3.23 <sup>ns</sup>	12.35 <sup>ns</sup>	1.21 <sup>ns</sup>
S.C.C.	3	2.44 <sup>ns</sup>	4.74 <sup>**</sup>	48.09 <sup>ns</sup>	189.90 <sup>*</sup>	2.68 <sup>ns</sup>	31.85 <sup>ns</sup>	13.46 <sup>ns</sup>
Residue	45	0.91	0.58	52.61	62.01	1.01	16.52	6.12
Overall Average		44.85	103.61	53.54	67.39	12.49	15.97	14.17
CV (%)		2.13	0.74	13.54	11.68	8.05	25.44	17.46

FV	DF	Medium square					
		HIP	NP1	NP2	NP3	TNP	GP
Genotypes	5	2.36 <sup>ns</sup>	260.92 <sup>**</sup>	475.06 <sup>**</sup>	493.43 <sup>ns</sup>	2679.72 <sup>*</sup>	473.84 <sup>**</sup>
G.C.C.	2	1.70 <sup>ns</sup>	31.89 <sup>ns</sup>	184.38 <sup>ns</sup>	410.23 <sup>ns</sup>	1220.51 <sup>ns</sup>	225.30 <sup>ns</sup>
S.C.C.	3	2.81 <sup>ns</sup>	413.61 <sup>**</sup>	668.85 <sup>**</sup>	548.90 <sup>ns</sup>	3652.54 <sup>*</sup>	639.54 <sup>**</sup>
Residue	45	1.12	67.26	103.46	308.90	866.70	100.82
Overall Average		10.11	20.16	52.01	60.49	132.67	49.97
CV (%)		10.46	40.66	19.55	29.05	22.18	20.09

<sup>\*\*</sup>,<sup>\*</sup>: significant at the level of 1% and 5% probability, respectively, by the F and <sup>ns</sup> test, not significant by the F test. DF: Degrees of freedom; CV: coefficient of variation; NDF: number of days for flowering; NDM: number of days to maturity; PHF: plant height at flowering; PHM: plant height at maturity; NNF: number of nodes on the main stem in flowering; NNM: number of nodes on the main stem at maturity; NPN: number of productive nodes; HIP: height of insertion of the first pod; NP1, NP2 e NP3: number of pods with one, two and three grains; TNP: total number of pods per plant; GP: grain production per plant; G.C.C.: general combining capacity; S.C.C.: specific combining capacity.

**Table 2.** Estimates of the effects of the general (GCC) and specific (SCC) combining capacities of agronomic traits evaluated in a partial diallel with three parents.

Genotypes	GCC												
	NDF	NDM	PHF	PHM	NNF	NNM	NPN	HIP	NP1	NP2	NP3	TNP	GP
UFUS Guará	0.03	0.21	-3.95	-2.10	0.01	0.26	0.06	-0.20	0.10	-2.00	-1.20	-3.19	-2.03
UFUS 7415	-0.03	-0.03	1.04	0.43	-0.25	-0.57	-0.17	0.15	0.74	1.67	3.26	5.69	2.20
MG/BR 46 Conquista	-0.00	-0.18	2.90	1.66	0.24	0.30	0.11	0.04	-0.84	0.41	-2.06	-2.49	-0.17

Genotypes	SCC												
	NDF	NDM	PHF	PHM	NNF	NNM	NPN	HIP	NP1	NP2	NP3	TNP	GP
1x1	0.10	0.25	1.43	-4.01	0.43	-1.43	-0.94	0.18	-2.79	-1.87	-6.73	-11.40	-6.64
1x2	-0.63	-0.64	-2.52	4.24	-0.20	0.42	0.68	-0.59	8.76	6.57	8.89	24.23	7.50
1x3	0.42	0.13	-0.33	3.78	-0.67	2.44	1.20	0.21	-3.18	-2.81	4.58	-1.41	5.78
2 x 2	0.31	0.65	1.90	-0.72	0.10	0.16	-0.56	0.49	-5.13	-7.69	-3.85	-16.68	-5.31
2 x 3	0.01	-0.65	-1.27	-2.78	-0.00	-0.76	0.45	-0.39	1.49	8.81	-1.18	9.13	3.13
3 x 3	-0.21	0.25	0.80	-0.49	0.33	-0.84	-0.83	0.08	0.84	-3.00	-1.70	-3.85	-4.45

NDF: number of days for flowering; NDM: number of days to maturity; PHF: plant height at flowering; PHM: plant height at maturity; NNF: number of nodes on the main stem in flowering; NNM: number of nodes on the main stem at maturity; NPN: number of productive nodes; HIP: height of insertion of the first pod; NP1, NP2 e NP3: number of pods with one, two and three grains; TNP: total number of pods per plant; GP: grain production per plant; G.C.C.: general combining capacity; S.C.C.: specific combining capacity; 1: UFUS GUARÁ; 2: UFUS 7415; 3: BR/MG 46 Conquista.

**Table 3.** Averages of agronomic traits of three soybean parents and F<sub>2</sub> populations.

Traits	Population A UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x UFUS 7415 (P <sub>2</sub> )			Population B UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )			Population C UFUS 7415 (P <sub>2</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )		
	P <sub>1</sub>	P <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>	P <sub>1</sub>	P <sub>3</sub>	F <sub>2</sub>	P <sub>2</sub>	P <sub>3</sub>	F <sub>2</sub>
	NDF	45.02	45.10	44.22	45.02	44.62	45.30	45.10	44.62
NDM	104.30	104.20	103.15	104.30	103.50	103.78	104.20	103.50	102.80
PHF	47.06	57.53	48.10	47.06	60.15	52.16	57.53	60.15	55.67
PHM	59.17	67.53	69.97	59.17	70.21	70.73	67.53	70.21	67.09
NNF	12.95	12.07	12.04	12.95	13.32	12.08	12.07	13.32	12.34
NNM	15.07	15.00	16.09	15.07	15.75	19.00	15.00	15.75	14.91
NPN	13.35	13.25	14.74	13.35	13.57	15.55	13.25	13.57	14.13
HIP	9.89	10.92	9.54	9.89	10.30	10.18	10.92	10.30	10.13
NP1	17.57	16.52	29.78	17.57	19.32	16.24	16.52	19.32	21.74
NP2	45.95	47.67	58.17	45.95	49.85	47.52	47.67	49.85	63.51
NP3	51.35	63.17	71.45	51.35	54.65	61.81	63.17	54.65	62.41
TNP	114.87	127.37	159.40	114.87	123.82	125.57	127.37	123.82	147.66
GP	39.26	49.06	57.64	39.26	45.17	53.55	49.06	45.17	55.03

NDF: number of days for flowering; NDM: number of days to maturity; PHF: plant height at flowering; PHM: plant height at maturity; NNF: number of nodes on the main stem in flowering; NNM: number of nodes on the main stem at maturity; NPN: number of productive nodes; HIP: height of insertion of the first pod; NP1, NP2 e NP3: number of pods with one, two and three grains; TNP: total number of pods per plant; GP: grain production per plant; F<sub>2</sub>: F<sub>1</sub> self-fertilization.

**Table 4.** Estimates of variances of agronomic traits for three combinations of soybean cultivars obtained from F<sub>2</sub> and their parents.

Traits	Population A UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x UFUS 7415 (P <sub>2</sub> )			Population B UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )			Population C UFUS 7415 (P <sub>2</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )		
	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$\hat{\sigma}_g^2$
NDF	4.47	1.67	2.80	2.79	1.38	1.40	2.27	1.49	0.77
NDM	5.13	2.47	2.66	4.75	2.33	2.42	4.24	0.95	3.28
PHF	112.20	94.89	17.31	136.45	148.49	-	149.21	153.65	-
PHM	437.57	78.10	359.47	194.10	176.15	17.97	118.31	164.45	-
NNF	2.80	2.57	0.23	3.58	4.13	-	3.45	2.96	0.49
NNM	12.51	3.16	9.34	930.72	4.64	926.08	7.94	2.96	4.97
NPN	30.13	2.70	27.43	94.42	3.60	90.82	69.51	2.68	66.83
HIP	8.97	1.94	7.02	3.60	0.95	2.64	8.00	1.64	6.35
NP1	2864.96	93.53	2771.42	76.40	79.26	-	111.85	85.31	26.53
NP2	684.64	396.26	288.38	497.64	353.11	144.53	584.39	449.33	135.06
NP3	1343.07	962.29	380.78	1052.21	613.38	438.82	872.99	858.42	14.57
TNP	7540.82	2359.35	5181.47	2748.34	1500.61	1247.73	2753.86	2470.63	283.23
GP	530.27	220.89	309.38	484.42	128.38	356.04	675.62	231.83	443.78

$\hat{\sigma}_f^2$ : phenotypic variance;  $\hat{\sigma}_e^2$ : environmental variance;  $\hat{\sigma}_g^2$ : genotypic variance; NDF: number of days for flowering; NDM: number of days to maturity; PHF: plant height at flowering; PHM: plant height at maturity; NNF: number of nodes on the main stem in flowering; NNM: number of nodes on the main stem at maturity; NPN: number of productive nodes; HIP: height of insertion of the first pod; NP1, NP2 e NP3: number of pods with one, two and three grains; TNP: total number of pods per plant; GP: grain production per plant; -: negative estimates.

**Table 5.** Estimates of genetic parameters of agronomic traits in generations P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub> and F<sub>2</sub> for three combinations of soybean cultivars.

Traits	Population A UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x UFUS 7415 (P <sub>2</sub> )				Population B UFUS Guar (P <sub>1</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )				Population C UFUS 7415 (P <sub>2</sub> ) x MG/BR 46 Conquista (P <sub>3</sub> )			
	$h_a^2$	$\eta$	GS (%)	Average*	$h_a^2$	$\eta$	GS (%)	Average*	$h_a^2$	$\eta$	GS (%)	Average*
NDF	62.60	6.42	-3.42	42.70	50.35	8.87	-2.11	44.34	33.94	13.13	-1.16	44.29
NDM	51.90	9.18	-1.40	101.70	50.86	13.21	-1.22	102.50	77.51	5.47	-1.77	100.97
PHF	15.43	20.35	4.16	50.11	-	-	-2.17	51.02	-	9.32	-0.70	55.28
PHM	82.15	3.54	28.67	90.03	9.25	40.17	2.35	72.40	-	-	-7.93	61.77
NNF	8.32	34.23	1.43	12.21	-	-	-2.87	11.73	14.17	65.25	2.18	12.60
NNM	74.71	2.62	20.34	19.37	99.50	12.97	63.47	31.05	62.62	11.08	14.49	17.07
NPN	91.03	10.93	33.97	19.74	96.18	5.10	51.41	23.55	96.14	7.42	48.64	21.00
HIP	78.33	4.00	30.54	12.45	73.39	4.72	16.87	11.89	79.39	8.66	24.20	12.58
NP1	96.73	4.58	137.14	70.62	-	-	-2.89	15.77	23.72	13.73	15.99	25.21
NP2	42.12	9.11	25.04	72.73	29.04	7.32	18.94	56.52	23.11	11.81	11.67	70.92
NP3	28.35	9.48	19.37	85.29	41.70	6.23	30.19	80.47	1.66	177.89	1.08	63.08
TNP	68.71	5.53	49.71	238.63	45.39	4.76	26.01	158.23	10.28	31.22	4.84	154.82
GP	58.34	6.56	31.46	75.78	73.49	4.42	42.74	76.44	65.68	3.68	41.57	77.91

$h_a^2$ : Heritability in the broad sense;  $\eta$ : number of genes; GS: prediction of gains by selection; NDF: number of days for flowering; NDM: number of days to maturity; PHF: plant height at flowering; PHM: plant height at maturity NNF: number of nodes on the main stem in flowering; NNM: number of nodes on the main stem at maturity; NPN: number of productive nodes; HIP: height of insertion of the first pod; NP1, NP2 e NP3: number of pods with one, two and three grains; TNP: total number of pods per plant; GP: grain production per plant; -: negative estimates; \*Average predicted for the 1st cycle after selection.

### **CAPÍTULO III - DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA COM BASE EM CARACTERES AGRONÔMICOS E MARCADORES MICROSSATÉLITES**

Sílvia Barbosa Ferreira<sup>1\*</sup>, Arthur Ferreira Rezende<sup>3</sup>, Bruno Henrique Gomes<sup>1</sup>, Polianna Alves Silva Dias<sup>2</sup>, Ana Maria Bonetti<sup>1</sup>, Ana Paula Oliveira Nogueira<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Biotecnologia, CEP 38405-320, Uberlândia, MG, Brasil. E-mail: ferreiras@hotmail.com. Autor para correspondência.

<sup>2</sup>Instituto Federal Goiano, Campus Urutaí, CEP 75790-000, Urutaí, GO, Brasil.

<sup>3</sup>Universidade Federal de Uberlândia, Instituto de Ciências Agrárias, CEP 38410-337, Uberlândia, MG, Brasil.

\*Corresponding author: <ferreirasb@ufu.br>

#### **RESUMO**

O principal método de melhoramento de soja é a hibridação artificial, logo a escolha de genitores deve ser criteriosa, especialmente por ser uma cultura de base genética estreita. Neste contexto, o trabalho objetivou determinar a diversidade genética entre genótipos de soja por meio de caracteres agronômicos e marcadores microssatélites e indicar combinações promissoras para o programa de melhoramento. Em casa de vegetação, avaliaram-se 26 genótipos de soja em delineamento de blocos completos casualizados com 4 repetições. Cada unidade experimental foi constituída por um vaso, preenchido com substrato, onde foram cultivadas 2 plantas de soja. Em cada planta, avaliaram-se onze caracteres agronômicos. Amostras de folhas das 23 cultivares e 3 progênies foram levadas ao laboratório para a extração de DNA genômico, na qual utilizou-se o protocolo Doyle e Doyle (1990) com adaptações. Posteriormente, realizaram-se reações de PCR com marcadores microssatélites, cujo polimorfismo foi avaliado em gel de agarose de 2%. Realizaram-se análises uni e multivariadas para detecção da variabilidade genética e determinação da diversidade genética. Constatou-se existência de variabilidade genética ao nível de 5% pelo teste F para todos os caracteres agronômicos, exceto para altura da planta na maturidade. O coeficiente de determinação genotípico variou de 34,41% a 69,81%. A dissimilaridade genética por caracteres agronômicos oscilou de 2,49 a 42,77, que possibilitou a formação de 5, 8, 7 grupos pelos métodos UPGMA, vizinho mais distante e Tocher, respectivamente. A



dissimilaridade obtida pelos marcadores microssatélites variou de 0,11 a 0,93, o que permitiu separar os genótipos em 7, 8 e 4 grupos, respectivamente, para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e Tocher. Os ciclos vegetativo e total foram os caracteres que mais contribuíram para diversidade genética. A análise concomitante dos dados permitiu indicar as combinações para hibridações artificiais em soja, visando precocidade, produção de grãos e resistência a doenças.

**Palavras-chave:** *Glycine max*, dissimilaridade, caracteres fenotípicos, SSR.

## 1 INTRODUÇÃO

O melhoramento de soja no Brasil tem sido realizado com sucesso, cujos ganhos genéticos e incremento em produtividade de grãos são evidentes (Milioli et al., 2022; Campos et al., 2023). Nos programas de melhoramento realizam-se hibridações artificiais de genitores para criar populações segregantes com variabilidade genética útil para o processo seletivo. Assim, o conhecimento da diversidade genética do germoplasma é essencial para o êxito no melhoramento (Shaibu et al., 2022).

A seleção de genitores para hibridação é uma das etapas fundamentais, especialmente para a soja brasileira que é uma cultura de base genética estreita (Wysmierski e Vello, 2013), cujo germoplasma originou-se de poucos ancestrais (Santos et al., 2016). Contudo, Oda et al. (2015) demonstraram a partir de caracteres morfológicos, coeficiente de parentesco e por marcadores microssatélites, que ainda existe variabilidade genética útil para melhoramento da soja no Brasil. Além disso, Costa et al. (2022) afirmam a partir de estudos com cultivares de soja lançadas entre 1998 a 2017 que ainda há uma ampla base genética disponível para o melhoramento.

Os estudos sobre diversidade genética em soja são importantes, pois viabilizam a identificação e seleção de genitores divergentes entre si, que quando cruzados, resultam em combinações híbridas que proporcionem maior variabilidade nas gerações segregantes. A diversidade genética em soja tem sido avaliada por meio de análises multivariadas a partir de caracteres morfoagronômicos, coeficiente de parentesco e marcadores moleculares.

Os caracteres morfoagronômicos que podem ser avaliados ao longo do desenvolvimento da soja, em distintos períodos fenológicos, tem sido amplamente utilizados em análises de divergência genética (Naik et al., 2016; Oliveira et al., 2017;

Zambiasi et al., 2017; Oliveira et al., 2019; Sousa et al., 2020), pois é de baixo custo quando comparados aos marcadores moleculares, e, também, porque as genealogias das cultivares não são disponibilizadas pelas instituições que realizam o melhoramento. Por outro lado, os marcadores moleculares permitem caracterizar germoplasma, a partir de informação do DNA, técnica que pode ser utilizada a qualquer momento, pois não depende de um estágio específico (Kachare et al., 2019).

Pesquisas com marcadores microssatélites em soja mostram que eles são úteis e eficientes na detecção da variabilidade genética entre cultivares (Soares; Sediya; Matsuo, 2020). Com base em polimorfismos de marcadores microssatélites, Glasenapp et al. (2015) indicam que ainda existe substancial variabilidade genética no germoplasma da soja. Nesse contexto, a avaliação do germoplasma disponível em um programa de melhoramento, bem como o estabelecimento da divergência genética, viabilizam informações relevantes para definição das estratégias de melhoramento.

Estudos apontam que a adoção concomitante de caracteres morfoagronômicos e de marcadores moleculares evidenciam a diversidade genética com maior abrangência e complementariedade, sendo uma estratégia eficiente para a seleção de genótipos dissimilares geneticamente (Sulistyo et al., 2019; Kachare et al., 2020; Ullah et al., 2021). As informações fenotípicas e/ou moleculares são analisadas a partir de técnicas multivariadas que permitem inferir acerca da diversidade genética.

O método de otimização de Tocher e os métodos hierárquicos UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) e vizinho mais distante (Cantelli et al., 2016) são análises multivariadas amplamente utilizadas nos estudos de diversidade genética em soja. Todos são métodos de agrupamento realizados com base em medidas de dissimilaridade previamente estimada, a saber: distância generalizada de Mahalanobis (Rodrigues et al., 2017) e complemento do índice ponderado. A observação dos componentes principais também é uma opção, pois permite analisar os genótipos em figuras bidimensionais ou tridimensionais (Cruz; Ferreira; Pessoni, 2020).

Existem muitos estudos sobre diversidade genética com soja, no entanto estes são úteis para os grupos de pesquisas que possuem o germoplasma analisado. Neste contexto, cada programa de melhoramento genético deve avaliar o germoplasma disponível para pesquisa (Matsuo; Borém; Sediya, 2021) para direcionar com maior assertividade as indicações de combinações híbridas que proporcionem maior

variabilidade genética (Soares et al., 2023). Diante do exposto, os objetivos do trabalho foram determinar a diversidade genética entre genótipos de soja por meio de caracteres agronômicos e marcadores microssatélites e indicar combinações promissoras para o programa de melhoramento.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na casa de vegetação localizada na Fazenda Capim Branco (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais na safra 2022/2023.

Avaliaram-se 26 genótipos de soja (Tabela 1), sendo 23 cultivares e 3 progênies de soja em fase de desenvolvimento no programa soja, os quais foram selecionados para a pesquisa de modo a viabilizar caracteres agronômicos de interesse e, também, fontes de resistência a diferentes fitopatógenos que causam doenças na cultura da soja.

Tabela 1. Cultivares e progênies de soja avaliadas quanto aos caracteres agronômicos e marcadores microssatélites, Uberlândia-MG, 2023

Tratamentos	Genótipos	Tratamentos	Genótipos
1	UFUS 6901	14	TMG 801
2	BRSGO 8061	15	UFUS (Guará x MG / BR 46 Conquista)
3	EMGOPA 305	16	BRSGO Chapadões
4	UFUS 7415	17	UFUS (7415 x MG / BR 46 Conquista)
5	EMGOPA 309	18	NS 7200
6	EMGOPA 316	19	BRSGO Luziânia
7	EMGOPA 306	20	UFUS (Guará x UFUS 7415)
8	MSoy 7110	21	BRS 511
9	BRSMG 68 Vencedora	22	UFUS Guará
10	BRSGO Ipameri	23	BRS 8381
11	NS 7670	24	MSoy 6101
12	BRSGO 8360	25	UFUS 7910
13	MG / BR 46 Conquista	26	TMG 803

Adotou-se o delineamento experimental de blocos completos casualizados com 4 repetições, e cada unidade experimental foi constituída por um vaso com capacidade para 3,0 dm<sup>3</sup>, previamente preenchido com substrato, onde foram cultivadas duas plantas. O substrato foi composto por solo, areia e esterco, na proporção 3:1:1, respectivamente. A adubação de semeadura foi realizada aplicando o equivalente a 400,0 kg ha<sup>-1</sup> NPK da formulação 4-30-16.

A semeadura manual ocorreu em 10 de outubro de 2022, na profundidade de 2,5 cm, onde foram semeadas 5 sementes. Posteriormente, procedeu-se o desbaste no estágio V1 (Fehr e Caviness, 1977) e manteve-se 2 plantas. Realizaram-se irrigações diárias, eliminação manual de plantas daninhas do vaso e aplicação do fungicida Fox em bomba costal de 150 L de calda na dose de 0,5 L/ha e o inseticida Plantium neo em bomba costal de 150 L de calda na dose de 0,15 L/ha, segundo recomendação do fabricante.

Em cada planta, foram analisados os seguintes caracteres agrônômicos:

- a)** Altura da planta na floração (**APF**) e na maturidade (**APM**): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal quando as plantas se encontravam no estágio reprodutivo R1 e R8.
- b)** Número de nós na haste principal na floração (**NNF**) e na maturidade (**NNM**): determinado pela contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas encontravam-se no estágio reprodutivo R1 e R8.
- c)** Número de dias para a floração (**NDF**) e para a maturidade (**NDM**): definido como número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1) e quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).
- d)** Número de vagens com um grão (**NV1**), com dois grãos (**NV2**) e com três grãos (**NV3**): após a colheita, realizou-se a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos.
- e)** Número total de vagens por planta (**NTV**): obtido pela soma do número de vagens com um, dois e três grãos.
- f)** Produção de grãos (**PROD**): obtida pela mensuração da massa de grãos de cada planta.

As análises moleculares foram realizadas no Laboratório de Genética Molecular da UFU. Inicialmente, realizaram-se extrações de DNA genômico, a partir de 200 mg de tecido foliar fresco coletados nos 26 genótipos de soja estudados. O tecido foliar foi pulverizado em nitrogênio líquido e o protocolo de extração seguiu a metodologia proposta por Doyle e Doyle (1990), com algumas adaptações. Foram adicionados ao material 900 µL de tampão de extração pré-aquecido a 65°C (2% CTAB; 1,4 M NaCl; 0,2% 2-β-mercaptoetanol; 20 mM EDTA; 100 mM TrisHCl pH 8; 1% PVP 40). Os DNAs extraídos foram submetidos à eletroforese em gel de agarose 0,8% (100 V), corado com brometo de etídeo (0,5 µg/mL) para verificar a integridade e qualidade das bandas, o DNA foi visualizado em Transiluminador UV para gel. A quantificação do DNA foi realizada utilizando o espectrofotômetro NanoDrop®. O rendimento foi determinado por medições da absorbância a 260, 280 e 230 nm. A pureza do DNA foi determinada pela razão de absorbâncias 260/280 e 260/230.

A concentração de DNA foi ajustada para 10 ng/µl e cada par de marcador SSR teve sua temperatura de anelamento padronizado a fim de otimizar o processo de amplificação da sequência alvo. As reações de amplificação foram efetuadas em um volume final de 15µL, contendo Tris-HCL 10mM, pH 8,3; KCl 50 mM; MgCl<sub>2</sub> 20mM; Triton X100 0,1%; 100µM de cada um dos desoxinucleotídeos; 0,6µM de cada iniciador; uma unidade de Taqpolimerase e 20ng de DNA. Nesta etapa, foi utilizado um termociclador programado para um passo inicial de 94°C por 4 minutos, 30 ciclos de 94°C por 1 min, 52°C (temperatura padronizada para os pares de primers) por 1 min, 72 °C por 2 min, seguidos de uma etapa final de 72°C por 7 minutos. Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis de agarose 2,0% corados com brometo de etídeo em tampão TBE 0,5X. Após a eletroforese, os géis foram fotografados sob luz UV.

Os primers utilizados para reação de PCR foram (Satt 191, Satt 217, Satt 233, Satt 269, Satt 454), os quais foram selecionados previamente pelo padrão de polimorfismo. A sequência destes primers estão disponíveis em <https://soybase.org/resources/ssr.php> (Grant et al., 2010). O padrão de bandas dos géis foi analisado e obtida uma planilha de dados codominantes para os 26 genótipos, a qual foi utilizada para obtenção de um índice de similaridade ponderado e a dissimilaridade genética foi obtida pelo complemento (Cruz, 2008).

Os dados quantitativos foram submetidos à análise de variância com intuito de identificar a existência de variabilidade genética, cujo modelo foi:

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

Em que:

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

$\mu$ : média geral;

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

$B_j$ : efeito do  $j$ -ésimo bloco;

$E_{ij}$ : erro aleatório.

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

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

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

Em que:

$H^2$ : coeficiente de determinação genotípico;

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

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo;

$r$ : número de repetições.

Também foi realizado o teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade para avaliar o agrupamento dos genótipos. A dissimilaridade genética foi estimada entre todos os pares de genótipos por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii'}$ ) (Cruz et al., 2014). Foi ainda realizado o teste de contribuição relativa das características para a dissimilaridade genética de 26 genótipos de soja, pelo método proposto por Singh (1981).

A partir das matrizes de dissimilaridade obtidas pelos caracteres agronômicos e pelos marcadores microssatélites, realizaram-se as análises multivariadas para obter os dendrogramas pelos métodos UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) e vizinho mais distante. Ainda com as mesmas matrizes, realizaram-se os agrupamentos pelo método de Tocher, bem como determinou-se a correlação entre as matrizes com 5 mil simulações (Cruz, 2008).

As análises foram realizadas utilizando o Programa Genes (Cruz et al., 2016) e o software RStudio (R Core Team, 2022).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observaram-se efeitos significativos pelo teste F ao nível de 5% para todos os caracteres agronômicos analisados, exceto para APF (Tabela 2), o que indica a existência de variabilidade genética e possibilidade de determinação da dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados.

Tabela 2. Quadrados médios dos genótipos, coeficiente de variação experimental (CV) e coeficiente de determinação genotípico determinado em 11 caracteres agronômicos em 26 cultivares de soja, Uberlândia-MG, 2023.

<b>Caracteres</b>	<b>QMG</b>	<b>CV (%)</b>	<b>H<sup>2</sup> (%)</b>
Número de dias para o florescimento (NDF)	13,16*	5,02	45,69
Número de dias para a maturidade (NDM)	51,22*	3,08	62,33
Altura da planta no florescimento (NNF)	539,77*	19,81	69,81
Número de nós na haste principal no florescimento (NNF)	24,11*	28,82	59,61
Altura da planta na maturidade (APM)	424,43 <sup>ns</sup>	21,05	34,41
Número de nós na haste principal na maturidade (NNF)	19,69*	22,90	59,07
Número de vagens de 1 grão (NV1G)	18,38*	54,48	46,37
Número de vagens de 2 grãos (NV2G)	205,80*	48,00	57,98
Número de vagens de 3 grãos (NV3G)	59,58*	58,82	49,65
Número total de vagens (NTV)	320,94*	39,66	42,00
Produção de grãos (PROD)	67,82*	56,57	41,42

\*: significativo ao nível 5% de probabilidade pelo teste F; e <sup>ns</sup>, não significativo pelo teste F.

O coeficiente de variação (CV) oscilou entre 3,08 % (número de dias para maturidade) a 58,82 % (número de vagens com três grãos). As estimativas mais altas

de CV foram para os componentes de produção, pois são de natureza quantitativa, controlados por muitos genes, sendo altamente influenciados pelo ambiente (Leite et al., 2015). Outros autores também encontraram valores altos para os componentes de produção (Correia et al., 2022; Martin et al., 2022).

Quando os efeitos dos genótipos são considerados fixos, o parâmetro  $H^2$  é denominado coeficiente de determinação genotípico e é considerado alto quando as estimativas são superiores a 70% (Cruz et al., 2014). Neste estudo, os valores de  $H^2$  variaram de 34,41% a 69,81%, respectivamente, para os caracteres altura da planta na maturidade e número de nós na haste principal no florescimento (Tabela 2). Notou-se que as estimativas foram, em geral, de baixa a média magnitude, indicando que efeitos ambientais influenciaram os valores fenotípicos, mas também houve contribuição dos efeitos genéticos.

Os padrões de agrupamento univariado distribuiu os genótipos de soja em 1 ou 2 grupos, a depender do caráter agrônômico considerado (Tabela 3). Notou-se que os caracteres número de dias para florescimento e número total de vagens, que apresentaram existência de variabilidade genética pelo teste F, constitui apenas um grupo, o que pode ser explicado pela estatística distinta entre as duas análises.

O conhecimento dos padrões de comportamento fenotípico em relação aos genótipos também é importante na escolha de genitores, haja vista que o estabelecimento das combinações deve ser orientado pelas características de cada genitor e pela divergência genética entre eles. Logo, a partir da tabela 3, é possível avaliar em relação a cada genótipo se eles estão dentro dos limites estabelecidos para um dos caracteres objetivados no melhoramento de soja.

De acordo com Sedyama et al. (2016) tem sido objetivado no melhoramento de soja cultivares de ciclo precoce, logo notou-se a possibilidade de identificar genitores com menores ciclos, em torno de 100 a 108 dias, pois 14 cultivares constituíram um só grupo (Tabela 3).

A altura de planta é um importante caráter durante o processo de melhoramento de soja, e um genótipo favorável deve possuir entre 60 a 110 cm (Embrapa, 2023). Observou-se que embora a altura tenha constituído apenas um grupo, todos os genótipos estão dentro dos padrões aceitáveis em uma cultivar de soja, pois as médias oscilaram de 58 a 100 cm (Tabela 3).



O objetivo prioritário em um programa de melhoramento de soja é o desenvolvimento de uma cultivar com alto potencial produtivo (Matsuo; Borém; Sedyama, 2021) e este é alcançado a partir de características agronômicas, das quais os componentes de produção tem papel fundamental. Neste contexto, um genitor ideal deve possuir elevado número de nós na haste principal, por estar diretamente correlacionado com o número de vagens da planta, bem como apresentar alto número de vagens de 3 grãos, o que impacta diretamente o componente de produção número de sementes por vagem.

Pela tabela 3, constatou-se a possibilidade de identificação de genitores com maior número de nós na haste principal, cujo grupo apresentou o maior número de genótipos com médias oscilando entre 12 a 16 nós. O grupo superior com maior número de vagens de 3 grãos, foi constituído por 12 genótipos (Tabela 3). Em relação aos 26 genótipos estudados, ainda foi possível identificar 11 genótipos com produção de grãos superior, com médias entre 14 e 24 gramas por planta.

Tabela 3. Caracteres agronômicos, número de grupos, amplitude dos grupos dos caracteres avaliados em 26 genótipos de soja, Uberlândia-MG, 2023.

Caracteres	Gr. <sup>1</sup>	Amplitude	Nº. G.	Genótipos
NDF (dias)	a	48,25 a 57,00	26	Todos
NDM (dias)	a	108,25 a 114,75	12	5, 15, 4, 20, 17, 12, 11, 24, 13, 23, 10, 21
	b	100,25 a 107,75	14	7, 25, 18, 2, 1, 22, 8, 19, 6, 26, 14, 3, 16, 9
APF (cm)	a	66,5 a 90,25	11	17, 12, 23, 24, 14, 3, 4, 22, 13, 16, 20
	b	42,75 a 62,38	15	21, 2, 7, 5, 1, 9, 15, 11, 19, 6, 26, 10, 25, 18, 8
NNF	a	9,5 a 15,63	23	14, 12, 16, 9, 23, 3, 17, 2, 7, 21, 15, 1, 13, 11, 24, 22, 26, 19, 10, 8, 25, 5, 4
	b	4,75 a 9,5	3	6, 18, 20
APM (cm)	a	58,25 a 100,13		Todos
NNM	a	12,35 a 16,00	15	14, 16, 9, 23, 1, 3, 21, 17, 15, 25, 19, 2, 11, 7, 4
	b	6,5 a 11,75	11	12, 26, 10, 24, 22, 8, 5, 13, 6, 20, 18
NV1G	a	7,25 a 10,13	7	16, 17, 21, 23, 1, 13, 9
	b	2,00 a 6,50	19	15, 11, 8, 26, 19, 2, 7, 4, 5, 22, 6, 14, 24, 12, 3, 25, 18, 10, 20
NV2G	a	25,35 a 38,25	6	11, 14, 16, 9, 1, 23
	b	6,5 a 22,38	20	17, 8, 22, 13, 7, 4, 26, 21, 19, 3, 24, 15, 6, 5, 12, 2, 25, 10, 18, 20
NV3G	a	10,12 a 16,13	12	5, 20, 19, 3, 17, 26, 7, 22, 13, 16, 11, 25
	b	1,13 a 9,25	14	8, 4, 9, 23, 10, 21, 12, 24, 15, 18, 6, 2, 1, 14
NTV	a	18, 38 a 55	26	Todos
PROD (g)	a	14,25 a 24,25	11	11, 16, 7, 3, 17, 23, 13, 5, 9, 14, 8
	b	7,75 a 13,88g	15	1, 25, 26, 22, 4, 19, 21, 12, 24, 20, 15, 10, 6, 2, 18

<sup>1</sup> Número de grupos formados pelo teste Scott Knott ao nível de 5% de significância.

Para o estudo da diversidade genética, as medidas de dissimilaridade foram estimadas a partir da distância generalizada de Mahalanobis ( $D_2$ ) envolvendo vinte e seis genótipos de soja e onze caracteres agronômicos, cujas estimativas oscilaram de 2,45 (BRSGO 8061 e BRSGO Ipameri) a 42,77 (TMG 801 e UFUS (Guará x UFUS 7415)), respectivamente, para os pares de genótipos. Oliveira et al (2020) com o objetivo de

avaliar a diversidade genética de 25 linhagens de soja encontraram valores de elevada magnitude ao avaliar a dissimilaridade genética entre os genótipos, indicando a presença de variabilidade genética.

As estimativas de  $D_2$  indicam a dissimilaridade entre os genótipos, ou seja, quanto maior as estimativas, maior a divergência entre os genótipos. Com intuito de avaliar o padrão de dissimilaridade entre genótipos, obteve-se as classes dos valores de dissimilaridades (Figura 1). Pode-se constatar que, embora tenha ocorrido uma ampla magnitude da dissimilaridade genética, houve predomínio de pares de genótipos nos valores de distâncias oscilando entre 5 a 15, o que representou 63% dos 325 pares estimados.

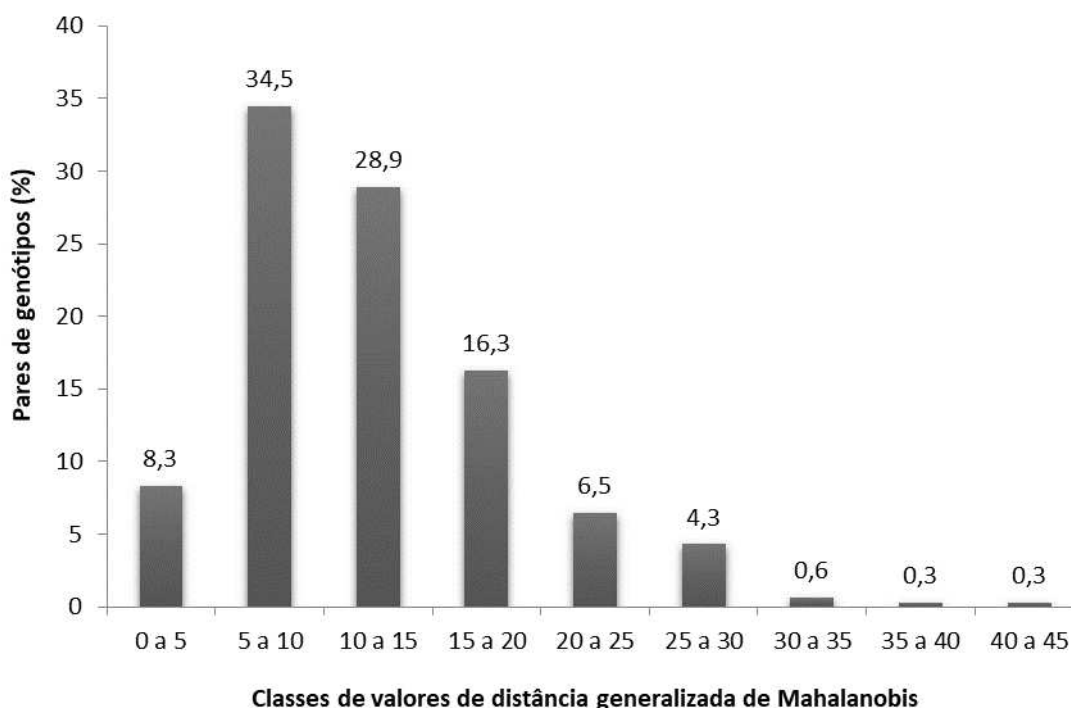


Figura 1. Porcentagem de pares de genótipos em relação a classe de valores das distâncias generalizada de Mahalanobis obtidas em 26 genótipos de soja, a partir de 11 caracteres agronômicos, Uberlândia-MG, 2023.

Adotando estratégia semelhante aos pesquisadores Zambiazzi et al. (2017), visando extrair mais informações relevantes acerca da dissimilaridade genética, compilou-se as menores e maiores distância de Mahalanobis entre os pares de genótipos (Tabela 4). Verificou-se que a cultivar TMG 801 apresentou maior divergência em relação aos demais genótipos, em torno de 60%. Considerando que

essa cultivar é resistente à ferrugem asiática da soja, uma importante doença com potencial de causar perdas na produtividade de grãos em até 90 % (Pelin; Wordell Filho; Nesi, 2020), pode-se inferir que ela é um genitor potencial e deve ser incluído nas combinações para hibridação artificial.

Tabela 4. Menores e maiores distâncias de Mahalanobis obtidas com onze caracteres agrônômicos, avaliados em 26 genótipos de soja, Uberlândia-MG, safra 2022/2023.

<b>Genótipos</b>	<b>Menor distância</b>	<b>Maior distância</b>
UFUS 6901	3,59 (BRSMG 68 Vencedora)	22,11 (BRSGO 8360)
BRSGO 8061	2,50 (TMG 801)	21,55 (BRSGO Ipameri)
EMGOPA 305	4,60 (EMGOPA 306)	22,60 (TMG 801)
UFUS 7415	2,88 (MSoy 6101)	22,32 (TMG 801)
EMGOPA 309	6,12 (EMGOPA 306)	34,46 (TMG 801)
EMGOPA 316	4,52 (BRSGO 8061)	25,27 (TMG 801)
EMGOPA 306	2,98 (MG / BR 46 Conquista)	18,18 (TMG 801)
MSoy 7110	5,49 (EMGOPA 316)	25,91 (UFUS <sub>(7415 x MG / BR 46 Conquista)</sub> )
BRSMG 68 Vencedora	3,59 (UFUS 6901)	21,35 (UFUS <sub>(Guará x UFUS 7415)</sub> )
BRSGO Ipameri	2,49 (BRSGO 8061)	26,19 (TMG 801)
NS 7670	9,11 (EMGOPA 306)	27,90 (NS 7200)
BRSGO 8360	3,50 (MSoy 6101)	27,21 (BRSGO Luziânia)
MG / BR 46 Conquista	2,98 (EMGOPA 306)	29,65 (TMG 801)
TMG 801	11,29 (NS 7670)	42,77 (UFUS <sub>(Guará x UFUS 7415)</sub> )
UFUS <sub>(Guará x MG / BR 46 Conquista)</sub>	4,30 (MG / BR 46 Conquista)	25,69 (TMG 801)
BRSGO Chapadões	4,31 (UFUS 6901)	27,65 (NS 7200)
UFUS <sub>(7415 x MG / BR 46 Conquista)</sub>	3,83 (BRS 8381)	32,02 (TMG 801)
NS 7200	5,87 (TMG 803)	36,14 (TMG 801)
BRSGO Luziânia	3,52 (TMG 803)	36,63 (TMG 801)
UFUS <sub>(Guará x UFUS 7415)</sub>	6,23 (EMGOPA 309)	42,77 (TMG 801)
BRS 511	5,34 (UFUS 6901)	28,39 (TMG 801)
UFUS Guará	3,38 (TMG 803)	20,71 (TMG 801)
BRS 8381	1,26 (UFUS 7415)	22,38 (NS 7200)
MSoy 6101	2,88 (UFUS 7415)	17,73 (BRSGO Chapadões)
UFUS 7910	3,32 (EMGOPA 306)	25,53 (TMG 801)
TMG 803	3,35 (UFUS Guará)	29,76 (TMG 801)

Os dendrogramas resultantes da dissimilaridade dos genótipos com base nos caracteres agrônômicos pelos métodos hierárquicos de ligação média entre grupos (UPGMA), ligação completa (vizinho mais distante) estão na Figura 2. Os resultados do coeficiente de correlação cofenética (CCC) foram, respectivamente, de 0,71 e 0,71; e significativo pelo teste t ao nível de 1%. Os resultados para os métodos UPGMA e

vizinho mais distante indicam um bom ajuste da representação gráfica das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original, pois conforme Cruz et al. (2020), o CCC deve ser igual ou superior a 0,70.

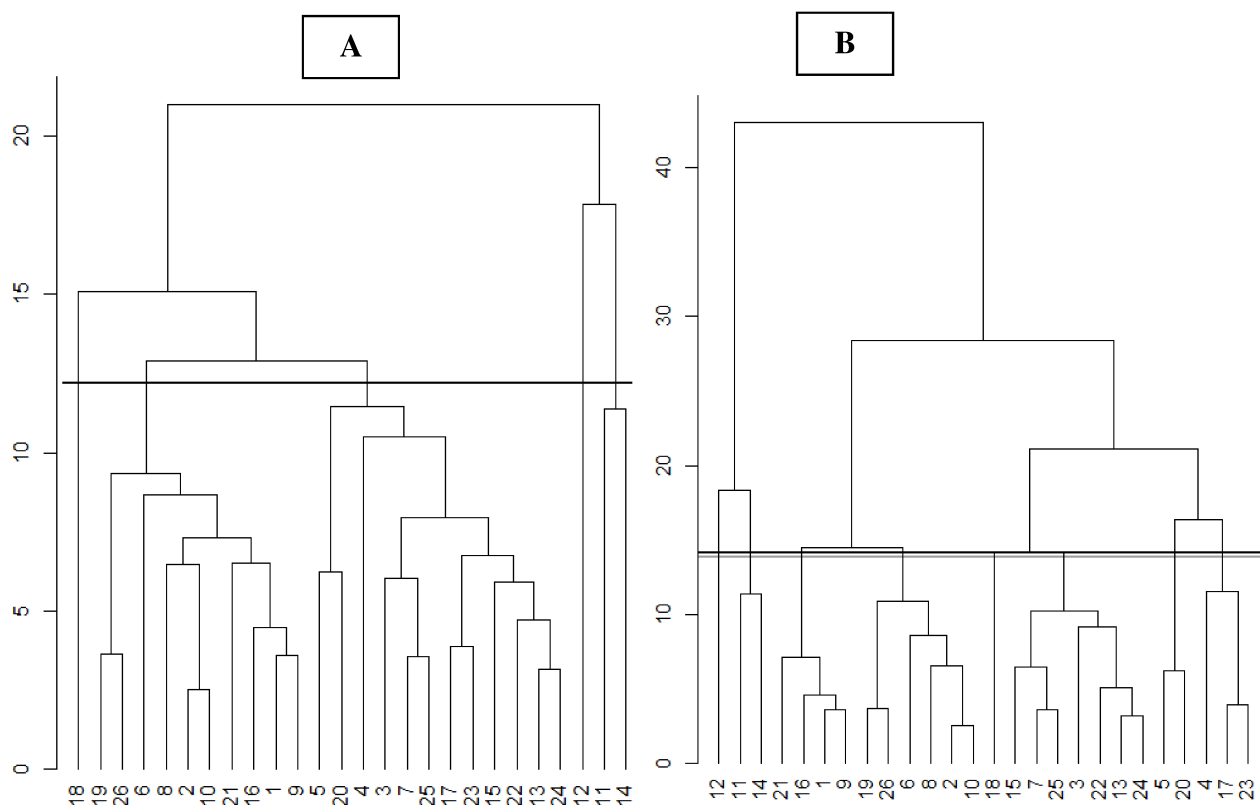


Figura 2. Dendrogramas representativo da dissimilaridade genética entre 26 genótipos de soja: A) Método UPGMA; B) Método do vizinho mais distante; utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis ( $D_2$ ).

De acordo com Cruz, Ferreira e Pessoni (2020) e Cruz et al. (2014), para interpretação do padrão de agrupamento por dendrogramas, faz-se necessário estabelecer um ponto de corte, o qual pode ser realizado a partir da análise visual da figura, em locais que se observa alta mudança de nível. A partir deste critério, realizou-se um ponto de corte em aproximadamente 13% de dissimilaridade. Notou-se a formação de cinco grupos para o UPGMA (Figura 2A) e oito pelo método vizinho mais distante (Figura 2B).

Pelo padrão de agrupamento obtido pelo UPGMA (Figura 2 A), constatou-se a formação de 2 grupos unitários constituídos pelos genótipos 18 (NS 7200) e 12 (BRSGO 8360). Além disso, um grupo constituído por dois genótipos, que foram 11

(NS 7670) e 14 (TMG 801). Os outros dois grupos reuniram 10 e 12 genótipos, que representam 38% e 46% dos genótipos avaliados.

O agrupamento gerado a partir do método vizinho mais distante (Figura 2B), apresentou alta concordância com UPGMA (Figura 2 A) na separação dos genótipos nos grupos, constituindo dois grupos idênticos unitários. Por outro lado, genótipos incluídos em 1 só grupo pelo UPGMA, foram distribuídos em mais pelo vizinho mais distante. Isso demonstra que, embora as duas metodologias sejam hierárquicas, elas podem se complementar para melhor identificação da divergência genética entre os genótipos, justificando a adoção concomitante dos métodos.

Na tabela 5 encontra-se o agrupamento dos vinte e seis genótipos de soja pelo método de otimização de Tocher, o qual revelou a formação de 7 grupos.

Tabela 5. Agrupamento de otimização entre 26 cultivares de soja obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Genótipos
I	BRSO 8061, UFUS 6901; BRSO Ipameri; UFUS 7910; BRSMG 68 Vencedora; BRS 511; MSoy 7110; BRSO Chapadões; BRSO Luziânia, EMGOPA 316; TMG 803; MG/BR 46 Conquista, UFUS Guará; UFUS (Guara x MG / BR 46 Conquista), UFUS 7910, BRS 8381, EMGOPA 306
II	EMGOPA 309, UFUS (Guará x UFUS 7415)
III	EMGOPA 305, UFUS (7415 x MG / BR 46 Conquista)
IV	NS 7670, TMG 801
V	UFUS 7415
VI	BRSO 8360
VII	NS 7200

Observa-se que as cultivares de números 12 (BRSO 8360) e 18 (NS 7200) foram agrupadas individualmente nos três métodos analisados (UPGMA, vizinho mais distante e Tocher), o que indica serem genótipos mais divergentes quando comparados aos demais.

Pelo método de Tocher, o melhorista seleciona genitores que integram grupos distintos, no entanto, somente a escolha desses grupos não garantirá a indicação de cruzamentos mais divergentes. Por isso, pela Figura 3, onde está representado as

distâncias inter e intragrupos é possível identificar quais são os grupos mais divergentes, logo, orientar pela escolha de genitores cujos grupos possuam maior distância intergrupos. Assim, identifica-se que os grupos IV (C4) é o mais divergente em relação aos demais grupos, seguido do VII (C7).

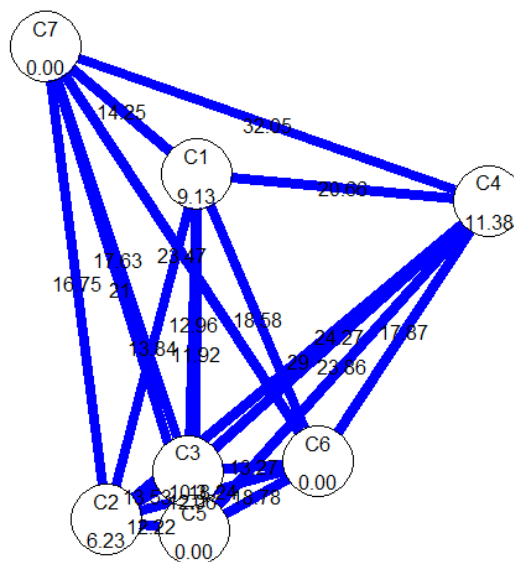


Figura 3. Representação das distâncias inter e intragrupos do método de Otimização de Tocher.

Ainda visando analisar o padrão de agrupamento dos genótipos por uma técnica multivariada, mas que utiliza um critério distinto para identificação de grupos, realizou-se a análise de componentes principais, a qual permitiu a dispersão dos genótipos em um plano tridimensional (Figura 4). Os três primeiros componentes principais explicaram 74,27%, aproximando-se dos 80% que é preconizado (Cruz et al., 2014; Cruz; Ferreira; Pessoni, 2020). Para interpretar esta análise, consideram-se os genótipos similares os que estão próximos; logo, dissimilares os que estão mais distantes.

Pela análise da figura 4, notou-se ampla dispersão dos genótipos e a possibilidade de estabelecer 12 grupos, dos quais sete constituíram grupos individuais, a saber: genótipos 18 (NS 7200), 20 (UFUS (Guará x UFUS 7415)), 5 (EMGOPA 309), 17 (UFUS (7415x MG/BR 46 Conquista)), 23 (BRS 8381) e 16 (BRSGO Chapadões).

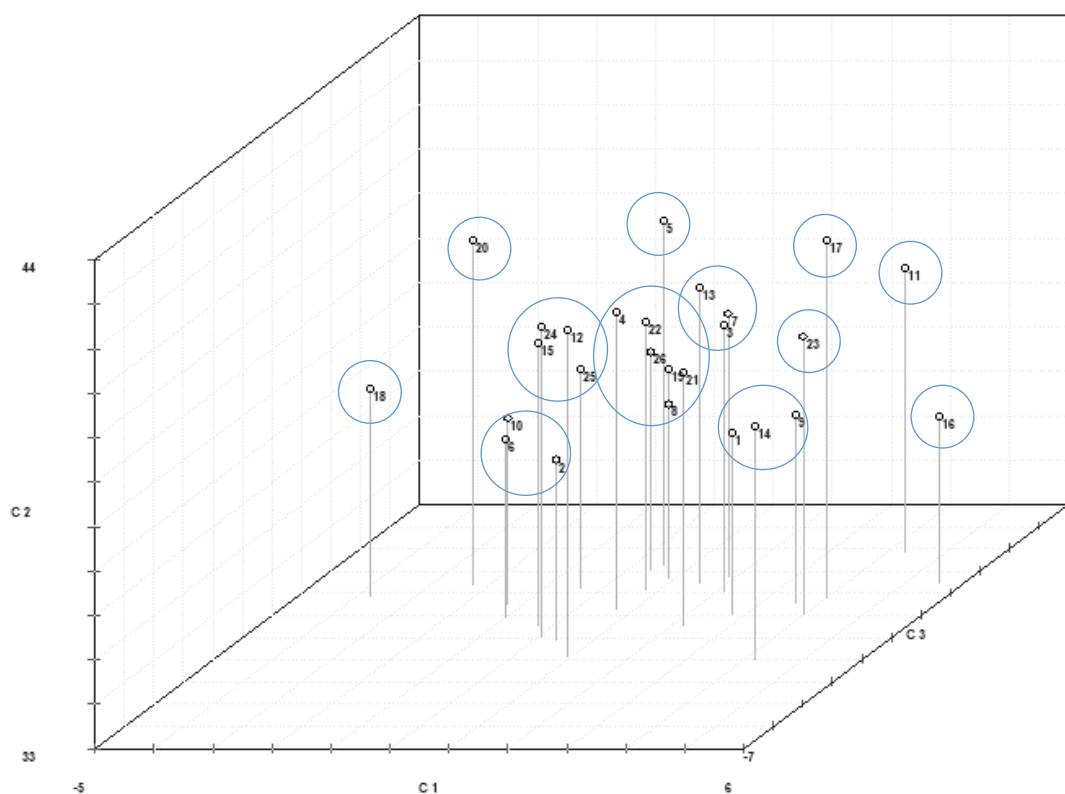


Figura 4. Dispersão gráfica dos três primeiros componentes principais obtida a partir das médias de 11 caracteres agronômicos em 26 genótipos de soja, Uberlândia-MG, 2023.

Avaliando conjuntamente os métodos hierárquicos e a dispersão gráfica tridimensional obtida pelos componentes principais, observou-se concordância no estabelecimento do grupo unitário formado pela cultivar NS 7200, evidenciando a importância deste genótipo nos cruzamentos em soja. Além disso, esta cultivar possui ciclo precoce e resistências ao acamamento e a podridão radicular causada pela *Phytophthora* raça 1 e raça 7, além da tolerância de colheita na chuva (Nidera, 2023).

Pela metodologia de Singh (1981), identificou-se que a altura de planta no florescimento (APF), ciclo vegetativo (NDF) e ciclo total (NDM) contribuíram com cerca de 40% para a divergência genética (Figura 5). Foi possível observar, também, uma distribuição da importância de todos os caracteres para a dissimilaridade genética, com menor participação dos caracteres número de vagens de 1 e 2 grãos. Resultados semelhantes foram obtidos por Soares et al. (2023) ao verificarem a importância de 7,4% a 13,4% dos 10 caracteres fenotípicos adotados no estudo de divergência genética com 35 genótipos de soja.



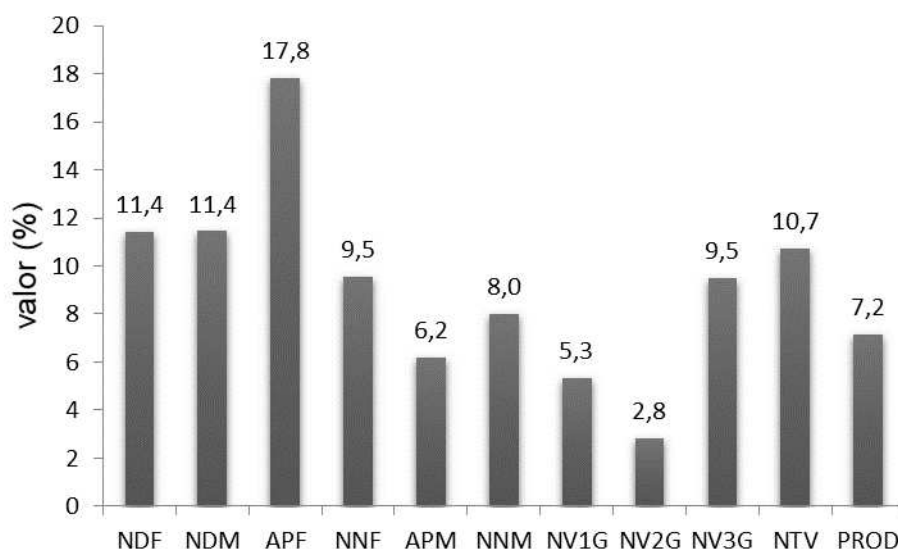


Figura 5. Contribuição relativa dos caracteres agrônômicos para divergência genética - Sing (1981). Uberlândia-MG, 2023.

Os marcadores Satt 191, Satt 217, Satt 233, Satt 269, Satt 454 amplificaram 3, 2, 2, 3 e 2 alelos, respectivamente. Em estudo com 47 genótipos de soja e 12 marcadores SSR, Surbhi et al. (2020) identificaram padrão semelhante no número de alelos ao identificaram 75% dos marcadores com 2 ou 3 alelos.

Pelo complemento do índice ponderado com base em marcadores microssatélites, identificou-se a dissimilaridade com menor valor obtido de 0,11 entre os genótipos 1 (UFUS 6901) e 6 (EMGOPA 316), seguido dos pares de genótipos 1 (UFUS 6901) e 18 (NS 7200), cuja dissimilaridade foi de 0,18; a maior dissimilaridade foi de 0,93, detectada entre as cultivares EMGOPA 306 e MSoy 7110; ainda em relação aos pares de genótipos mais divergentes, destaca-se os pares de genótipos 7 (EMGOPA 306) e 9 (BRSMG 68 Vencedora), 8 (MSoy 7110) e 9 (BRSMG 68 Vencedora), 14 (TMG 801) e 16 (BRSGO Chapadões), 22 (UFUS Guará) e 24 (MSoy 6101), cujas estimativas de dissimilaridades oscilaram entre 0,82 a 0,89.

As dissimilaridades entre pares de genótipos estão sumarizadas na Figura 6, onde foi possível notar que a maioria dos pares de genótipos tiveram valores entre 0,60 a 0,79, evidenciando a elevada diversidade genética com uso de 5 marcadores microssatélites. Glasenapp et al. (2015) em pesquisas sobre diversidade genética de soja, que incluíram 3 genótipos semelhantes aos avaliados neste estudo, também demonstraram a possibilidade de inferir sobre a dissimilaridade genética com menor

número de marcadores, e, também, identificaram a participação da cultivar TMG 801 entre os pares de genótipos mais dissimilares.

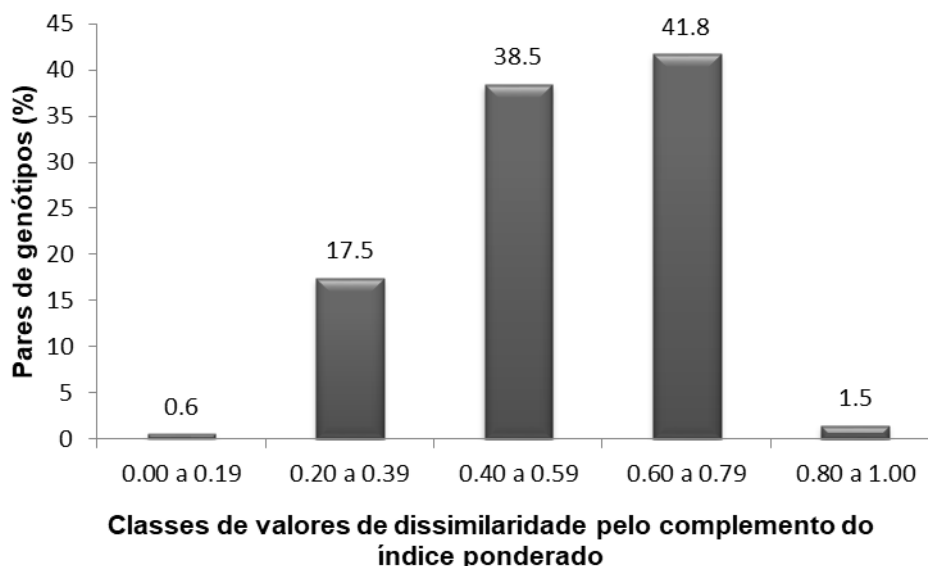


Figura 6. Porcentagem de pares de genótipos em relação a classe de valores das dissimilaridades obtidas pelo complemento do índice ponderado em 26 genótipos de soja, a partir de 5 marcadores microssatélites, Uberlândia-MG, 2023.

Os dendrogramas gerados a partir da dissimilaridade obtidas pelos marcadores, cujos coeficientes de correlação cofenética foi superior a 0,95 e significativo ao nível de 1% pelo teste de Mantel, estão dispostos na Figura 7. Foi adotado o mesmo critério descrito anteriormente para estabelecimento do corte. O mesmo foi estabelecido em torno de 58% e formaram 7 (UPGMA) e 8 grupos (vizinho mais distante). Dois grupos unitários, constituídos pelos genótipos 2 (BRSGO 8061) e 17 UFUS (7415 x MG/BR 46 Conquista), foram formados em ambos os métodos hierárquicos.

Constatou-se um padrão de semelhança parcial entre os métodos UPGMA (Figura 7A) e vizinho mais distante (Figura 7B). No entanto, este último formou um grupo a mais, na qual aparecem os genótipos 16 (BRSGO Chapadões) e 18 (NS 7200).

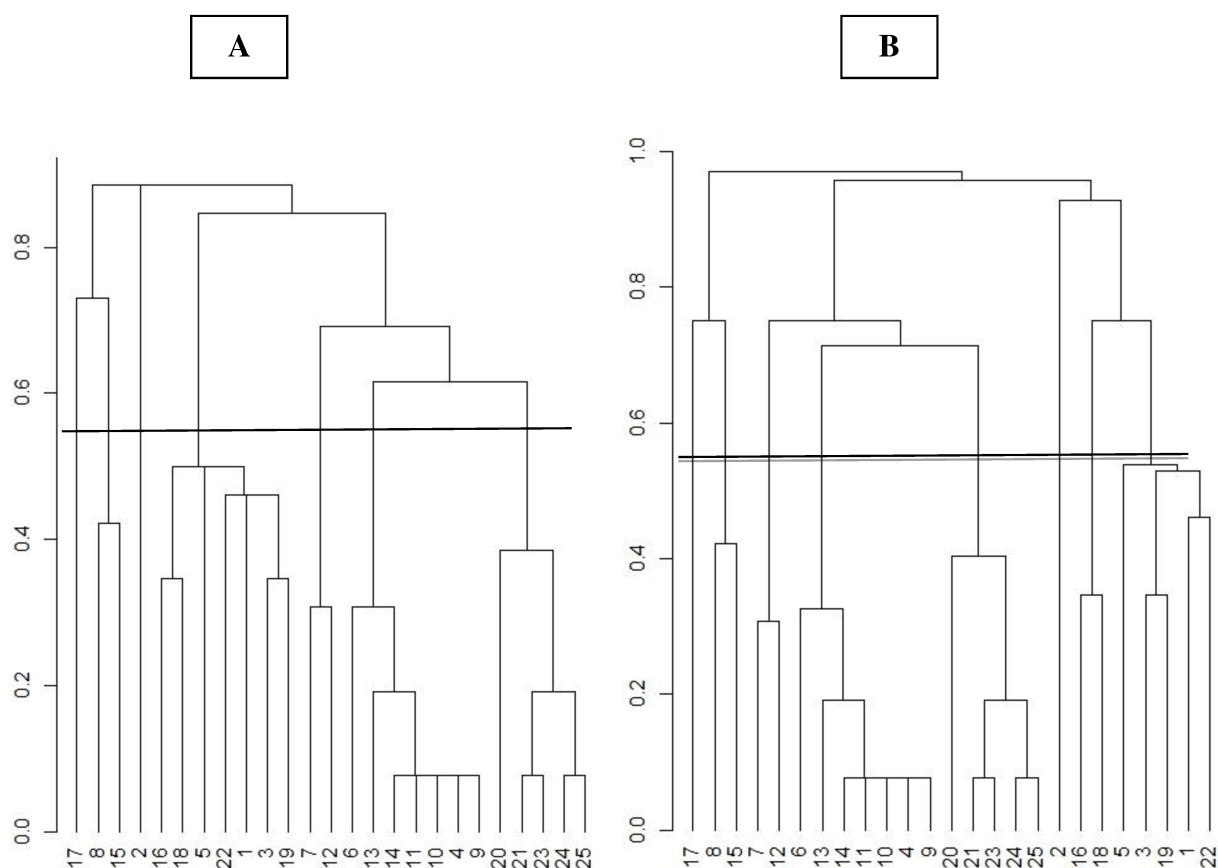


Figura 7. Dendrogramas representativos das dissimilaridades obtidas pelo complemento do índice ponderado em 26 genótipos de soja: A) Método UPGMA; B) Método do vizinho mais distante.

Na tabela 6 estão apresentados os 5 grupos formados pelo método de otimização de Tocher. O grupo I reuniu, aproximadamente, 54% dos genótipos analisados, e um grupo foi composto por apenas um genótipo. Este agrupamento evidenciou, também, que dois genótipos oriundos do mesmo parental (MG/BR Conquista) foram inseridos no mesmo grupo III. Resultados semelhantes foram obtidos por Ferreira Junior et al. (2015), que analisando linhagens avançadas originadas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos, encontraram agrupamento de genótipos aparentados em um mesmo grupo.

Tabela 6. Agrupamento de otimização entre 26 cultivares de soja gerado pelo método de Tocher, utilizando a dissimilaridade obtida pelo complemento do índice ponderado

Grupos	Genótipos
I	UFUS 7415, BRSGO 68 Vencedora, BRSGO Ipameri, NS 7670, TMG 801, MG / BR 46 Conquista, EMGOPA 316, MSoy 6101, BRS 8381, UFUS (Guará x UFUS 7415), BRS 8360, EMGOPA 306, TMG 803, BRS 511, UFUS 7910
II	EMGOPA 305, BRSGO Luziânia, UFUS 6901, UFUS Guará, EMGOPA 309, BRSGO Chapadões, NS 7200
III	MSoy 7110, UFUS (Guará x MG / BR 46 Conquista), UFUS (7415 x MG / BR 46 Conquista),
IV	BRSGO 8061

Os padrões de agrupamentos obtidos pelas matrizes de dissimilaridade provenientes de dados fenotípicos e moleculares foram distintos. Isso também foi confirmado pela correlação nula entre as matrizes de Mahalanobis e a matriz de dissimilaridade obtida pelo complemento do índice ponderado. Oliveira et al. (2019) explicam que a ausência de associação entre dados fenotípicos e moleculares ocorre devido a variação evidenciada por marcadores moleculares, que é não adaptativa, logo, não sujeita à seleção, ao contrário dos caracteres agronômicos, que são sujeitos tanto à seleção natural quanto artificial, além de sofrerem grande influência ambiental.

Ao analisar os resultados por meio da estatística multivariada é possível indicar esses genótipos como genitores promissores para hibridações artificiais visando a obtenção de populações segregantes. Além disso, deve-se considerar comportamento *per se* dos parentais, fenótipo para características importantes (Matsuo; Borém; Sedyama, 2021). Cabe destacar atenção especial para a seleção de genitores que possuam resistência genética a fitopatógenos, a depender do local que pretende-se lançar a futura cultivar.

A partir dos diferentes métodos de agrupamentos obtidos com as matrizes de dissimilaridade, pode-se constatar que a cultivar Emgopa 316 esteve reunida com maior número de genótipos, conseqüentemente, distinta em relação aos grupos constituídos por 1, 2 3 ou 4 genótipos. Esta cultivar possui uma característica muito importante e peculiar, a resistência ao mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Polloni-Barros et al., 2022; Garcia et al., 2015; Barros et al., 2022; Lima et

al., 2022). Assim, pode-se indicar as seguintes hibridações: Emgopa 316 x NS 7200, Emgopa 316 x UFUS (7415 x MG / BR 46 Conquista). Este último cruzamento favorece a obtenção de população segregante com maior potencialidade de ocorrência de indivíduos com resistência ao mofo branco, pois a cultivar MG/BR 46 Conquista também foi identificada com resistência moderada ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum* (Garcia et al., 2015). É possível indicar, também, os cruzamentos entre a cultivar TMG 801 com as cultivares NS 7200 e BRSGO Luziânia como promissores. O genótipo TMG 801 demonstrou ser o mais divergente, ele é resistente à ferrugem asiática (Pelin; Wordell Filho; Nesi, 2020) e de ciclo precoce, característica alvo nos programas de melhoramento genético da soja (Daronch et al., 2019). Cultivares de ciclo precoce reduzem o tempo de exposição da planta a fitopatógenos e a utilização de genótipos resistentes a doenças é uma das estratégias mais eficazes a longo prazo (Juliatti e Zambolim, 2021). A cultivar NS 7200 apresenta como características a superprecocidade e alta produtividade (Nidera, 2023) e a BRSGO Luziânia é resistente ao nematoide de galhas *Meloidogyne javanica* (Embrapa, 2023).

#### **4 CONCLUSÃO**

As análises quanto aos caracteres agronômicos e de marcadores microssatélites permitiram identificar variabilidade genética útil para o melhoramento da soja.

Os ciclos vegetativo e total foram os caracteres que mais contribuíram para divergência genética em soja.

Os componentes principais e as medidas de dissimilaridade genética provenientes de caracteres fenotípicos e marcadores moleculares permitiram determinar padrões de agrupamento útil para determinar a diversidade genética e identificar genitores potenciais em soja.

Foi possível indicar combinações híbridas para hibridação artificial em soja: Emgopa 316 x NS 7200, Emgopa 316 x UFUS (7415 x MG / BR 46 Conquista), TMG 801 x NS 7200 e TMG 801 x BRSGO Luziânia.

## REFERÊNCIAS

Campos, L. H. R., Cabral, P., de Lima, F. H., Castoldi, G., & Marques, R. Genetic progress of 18 years of a soybean breeding program for the Brazilian Central-West. **Revista Ciência Agronômica**, v. 54, p. 1-8, 2023.

<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20230016>

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.

<https://doi.org/10.4238/gmr.15048836>

Correia, M. F., de Mesquita Pinheiro, R., Nadal, A. P., de Oliveira Vergara, R., Navroski, R., & Schuch, L. O. B. Análise dos componentes do rendimento e da qualidade fisiológica de sementes de soja sob variabilidade espacial do solo. **Diversitas Journal**, v. 7, n. 2, 2022.

<https://doi.org/10.48017/dj.v7i2.2058>

Costa, W. G., Valadares, C. B., da Silva Júnior, A. C., Arcanjo, E. S., de Almeida, H. C. F.; Cruz, C. D., Carvalho, I. R., Silva, J. A. G., Azevedo, C. F., Nascimento, M., Nascimento, A. C. C. Genetic diversity and interaction between the maintainers of commercial soybean cultivars using self-organizing maps. **Crop Science**, v. 62, n. 6, p. 2233-2245, 2022.

<https://doi.org/10.1002/csc2.20816>

Cruz, C. D., Ferreira, F. M., Pessoni, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da divergência genética**. 2ª ed. Viçosa, UFV. 626p, 2020.

Cruz, C. D., Regazzi, A. J., Carneiro, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. vol. 2Viçosa: Editora UFV, p. 668, 2014.

Daronch, D. J., Peluzio, F. S., Tavares, A. T.; SOUZA, C. M. Eficiência ambiental e divergência genética de genótipos de soja na região central do Tocantins. **Revista Cultura Agronômica**, Ilha Solteira, v. 28, n. 1, p.1-18, 2019.

<https://doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n1p1-18>

Doyle, J. J.; Doyle, J. L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. **Focus**, v. 12, p. 13 - 15, 1990.

Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Disponível em: [https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/BRSGOLuziania\\_convencional.pdf/50ec2bcd-f6d5-4999-8db8-561d955579f4](https://www.embrapa.br/documents/1355202/1529289/BRSGOLuziania_convencional.pdf/50ec2bcd-f6d5-4999-8db8-561d955579f4). Acesso em 15 jun. 2023.

Embrapa - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/soja/pre-producao/caracteristicas-da-especie-e-relacoes-com-o-ambiente/caracteristicas-da-soja>. Acesso em 15 jun. 2023.

Fehr, W.R., Caviness, C.E. **Stages os soybean development**. Ames: Iowa State University, (Special Report, 80), 12p., 1977.

Ferreira Júnior, J. A., Unêda-Trevisoli, S. H., Espíndola, S. M. C. G., Vianna, V. F., Mauro, A. O. D. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 46, p. 339-351, 2015.

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

Garcia, R., Juliatti, F. C. Avaliação da resistência de soja a *Sclerotinia sclerotiorum* em diferentes estádios fenológicos e períodos de exposição a inoculo. **Tropical Plant Phatology**, v. 37, n. 3, p. 196-203, 2012.

<https://doi.org/10.1590/S1982-56762012000300006>

Garcia, R.A., Meyer, M. C., Avila, K. A. G. B., Cunha, M. G. da. Métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 50(8), 726-729, 2015.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000800011>

Glaserapp, J.S., Hamawaki, R.L., Silva, C.O. Selection of lineages, genetic parameters, and correlations between soybean characters. **Bioscience Journal**, v. 35, p. 1300-1314, 2019.

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

Grant, D., Nelson, R. T., Cannon, S. B., Shoemaker, R. C. SoyBase, the USDA-ARS soybean genetics and genomics database. **Nucleic Acids Research**, v. 38 (suppl 1), D843-D84, 2010.

<https://doi.org/10.1093/nar/gkp798>

Juliatti, F. C., Zambolim, L. Etiology, Epidemiology and Management of Asian Soybean

Rust (ASR) in Brazil and Vulnerability of Chemical Control of Specific without Multisite Fungicides. In **Cereal Grains**, v. 1. IntechOpen, 2021.

Kachare, S., Tiwari, S., Tripathi, N., & Thakur, V. V. Assessment of genetic diversity of soybean (*Glycine max*) genotypes using qualitative traits and microsatellite markers. **Agricultural Research**, v. 9, n. 1, p. 23-34, 2020.

<https://doi.org/10.1007/s40003-019-00412-y>

Leite, W. D. S., Pavan, B. E., Matos Filho, C. H. A., Feitosa, F. S., de OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

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

Lima, J. G.; da Silva, I. G.; Bruzi, A. T.; Piza, M. R.; Costa, J. C. Diallel analysis for soybean resistance to the fungal pathogen *Sclerotinia sclerotiorum*. **Genetics and Molecular Research**, 2022.

Mapa - Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registro Nacional de Cultivares. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/cultivares-ou-especies-registradas>. Acesso em 10 jun. 2023.

Martin, T. N., Corrêa, A. R., Ludwig, R. L., & Vey, R. T. Fontes alternativas de adubação na cultura da soja. **Vivências**, v. 18, n. 37, p. 245-261, 2022.

<https://doi.org/10.31512/vivencias.v18i37.429>

Matsuo, E., Borém, A., Sedyama, T. Desenvolvimento de cultivares. In: SEDIYAMA, T. Matsuo, E.; Borém, A. **Melhoramento da soja no Brasil**. SEDIYAMA, v. 1, p. 93-102, 2021.

Medeiros, L. A. **Desempenho agrônômico e diversidade genética de linhagens de soja**. Uberlândia, MG, 2018.

Milioli, A. S., Meira, D., Panho, M. C., Madella, L. A., Woyann, L. G., Todeschini, M. H., et al. Genetic improvement of soybeans in Brazil: South and Midwest regions. **Crop Science**. V. 62, n. 6, p. 22726-2293, 2022.

<https://doi.org/10.1002/csc2.20820>

Naik, S. M., Madhusudan, K., Motagi, B. N., & Nadaf, H. L. Diversity in soybean (*Glycine max*) accessions based on morphological characterization and seed longevity



characteristics. **Progressive Research-An International Journal**, v. 11, n. 03, p. 377-381, 2016.

Nidera sementes. Catálogo de produtos 2023. Disponível em:

< <https://www.niderasementes.com.br/portfolio/ns-7200-rr/>>. Acesso 01 julho de 2023.

Oda, M. C., Sedyama, T., Matsuo, É., Cruz, C. D., Barros, E. G., Ferreira, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, 1 (1), 1, 2015.

<https://doi.org/10.33158/ASB.2015v1i1p1>

Oliveira, M. M., Sousa, L. B., Reis, M. C., Junior, E. S., Cardoso, D. B. O., Hamawaki, O. T., Nogueira, A. P. O. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, 2017.

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

Pelin, C., Wordell Filho, J. A, Nesi, C. N. Ferrugem asiática da soja: etiologia e controle. **Agropecuária catarinense**, v. 33, n. 3, p. 18-21, 2020.

<https://doi.org/10.52945/rac.v33i3.497>

Polloni-Barros, L. C. Hamawaki, O. T.; Polloni, L.; Barros, H. L. S.; Morais, T. P. D.; Hamawaki, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L.; JULIATTI, F. C.; Nogueira, A. P. O. Soybean genotypes selection with resistance to White Mold and agronomic performance from moderately resistant parents. **Scientia Agricola**, v. 79, 2022.

<https://doi.org/10.1590/1678-992x-2021-0050>

Rodrigues, J. I. S.; et al. Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 47, n. 2. 2017.

<https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151258>

Santos, J. V. M.; Valliyodan, B.; Joshi, T.; Khan, S. M.; Liu, Y.; Wang, J.; Abdelnoor, R. V. Evaluation of genetic variation among Brazilian soybean cultivars through genome resequencing. **BMC Genomics**, v. 17, n. 1, p. 110, 2016.

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

Sedyama, T. **Produtividade da soja**. Editora Mecnas, Londrina. 310p.

Shaibu, A. S., Ibrahim, H., Miko, Z. L., Mohammed, I. B., Mohammed, S. G., Yusuf, H. L., Kamara, A. Y., Omoigui, L. O., Karikari, B. Assessment of the Genetic Structure and

Diversity of Soybean (*Glycine max* L.) Germplasm Using Diversity Array Technology and Single Nucleotide Polymorphism Markers. **Plants**, v. 11, n. 68, 2022.

<https://doi.org/10.3390/plants11010068>

Soares, M. M., Sedyama, T., Matsuo, É. Efficiency and responsiveness of using phosphorus and molecular diversity among soybean cultivars. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 6, p. 1-11, 2020.

<https://doi.org/10.33158/ASB.r108.v6.2020>

Soares, S.L., Simão, G.A., Álvares, R.C. Combinando desempenho e diversidade genética estimada entre genitores de soja e populações F 1. **Revista Ceres**, v. 70, p. 81-90, 2023.

Sousa, L. B.; Hamawaki, O. T., Nogueira, A. P. O.; Cardoso, D. B. O.; Dias, A. C.; Oliveira, R. O.; Bonetti, A. M.; Hamawaki, R. L. Microsatellites and phenotypic characteristics used to select soybean lines in a Brazilian university breeding program. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 1, p. 2-15, 2020.

<https://doi.org/10.4238/gmr18105>

Sulistyo, A., Indriani, F. C., Mejaya, M. J., Sugiharto, A. N., & Agranoff, J. Genetic diversity of Indonesian soybean (*Glycine max* L. Merrill) germplasm based on morphological and microsatellite markers. In: **IOP Conference Series: Earth and Environmental Science**. IOP Publishing, p. 012006, 2019.

<https://doi.org/10.1088/1755-1315/293/1/012006>

Surbhi, K., Singh, K. P., Singh, N. K., Aranvind, T. Assessment of genetic diversity among soybean genotypes differing in response to aerial blight (*Rhizoctonia solani* Kuhn) using SSR markers. **Journal of Phytopathology**, v. 169, n. 1, p. 37-44, 2021.

<https://doi.org/10.1111/jph.12956>

Tsindi, A., Eleblu, J.S.Y., Gasura, E. et al. Análise da estrutura populacional e diversidade genética em uma coleção de soja da África Austral com base em marcadores de polimorfismo de nucleotídeo único. **CABI Agric Biosci**, v. 4, p. 15, 2023.

Ullah A., Akram Z., Malik S.I., Khan K.S.U. Assessment of phenotypic and molecular diversity in soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] germplasm using morpho-biochemical attributes and SSR markers. **Genet Resources and Crop Evolution**, v. 68, p. 2827-47, 2021.

<https://doi.org/10.1007/s10722-021-01157-w>

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**, v. 6, n. 1, 2014.

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

<https://doi.org/10.1590/S1415-47572013005000041>

Zambiazzi, E. V., Bruzi, A. T., Sales, A. P., Borges, I. M. M., Guilherme, S. R., Zuffo, A. M., Lima, J. G., Ribeiro, F. O., Mendes, A. E. S., Godinho, S. H. M., Carvalho, M. L. M. Genetic diversity in soybean genotypes using phenotypic characters and enzymatic markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017.

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