

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA**

Dissimilaridade genética de soja a partir de descritores morfológicos na fase vegetativa

Igor Barreto Carvalho

Ana Paula Oliveira Nogueira

Instituto de Biotecnologia

**Uberlândia - MG
Junho - 2023**

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA**

Dissimilaridade genética de soja a partir de descritores morfológicos na fase vegetativa

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado ao Instituto de Biotecnologia da Universidade Federal de Uberlândia como requisito parcial para obtenção do título de bacharel.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira

Nilson Nicolau Júnior

**Uberlândia - MG
Junho - 2023**

Igor Barreto Carvalho



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Coordenação do Curso de Graduação em Biotecnologia -

Uberlândia

Av. Pará, 1720, Bloco 2E, Sala 205 - Bairro Umuarama, Uberlândia-MG, CEP 38400-902 Telefone (34)3225-8441 - www.ibtec.ufu.br - cbiotec@ibtec.ufu.br



1. ATA DE DEFESA - GRADUAÇÃO

Curso de Graduação em:	Biotecnologia				
Defesa de:	Trabalho de Conclusão de Curso II - GBT094				
Data:	26/06/2023	Hora de início:	14:15	Hora de encerramento:	15:40
Matrícula do Discente:	11821BTC016				
Nome do Discente:	Igor Barreto Carvalho				
Título do Trabalho:	Dissimilaridade genética de soja a partir de descritores morfológicos na fase vegetativa				
A carga horária curricular foi cumprida integralmente?	<input checked="" type="checkbox"/> Sim <input type="checkbox"/> Não				

Reuniu-se no Anfiteatro/Sala 211, bloco 2E, Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Curso de Graduação em Biotecnologia, assim composta: Arthur Ferreira Rezende; Bruno Henrique Gomes; Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira - IBTEC/UFU, orientador(a) do(a) candidato(a).

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

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

Aprovado(a) Nota [92] (noventa e dois)

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 26/06/2023, às 15:49, 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 **Bruno Henrique Gomes, UsuárioExterno**, em 26/06/2023, às 16:04, 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 **Arthur Ferreira Rezende, UsuárioExterno**, em 27/06/2023, às 14:11, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de](#)

[outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o códigoverificador **4192383** e o código CRC **0DE97D07**.

Dedico este trabalho a minha noiva, e meus pais
pelo estímulo, carinho e compreensão.

AGRADECIMENTOS

Agradeço a professora e amiga Ana Paula Nogueira pelo incentivo, motivação e orientação nesta caminhada acadêmica, Assim como meu Coorientador Arthur Rezende.

Agradeço ao Instituto de Biotecnologia (IBTEC) por fornecer todo o processo que passei nesses últimos anos.

Agradeço também, a minha família e amigos por todo apoio durante toda a minha caminhada até aqui.

RESUMO

A base genética da soja brasileira é estreita, logo sua diversidade genética é útil para auxiliar na seleção de genitores. Este estudo teve como objetivo avaliar e determinar a variabilidade fenotípica e a diversidade genética em 55 genótipos de soja com base em caracteres da fase vegetativa. Foram avaliados 52 progênies e 3 cultivares (BRS 7380 RR; TMG 1179 RR; BMX Desafio RR), em delineamento experimental de blocos ao acaso com 3 repetições. A semeadura ocorreu no mês de Outubro na safra 2022/2023, sendo avaliados os caracteres de comprimento do hipocótilo (CH), comprimento do epicótilo (CE), comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU), maior distância lateral esquerda (DLE), maior distância lateral direita (DLD), distância da base da folha unifoliolada (DBFU), Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CP1FT), comprimento da raque do folíolo central da primeira folha trifoliolada (R1FT) e comprimento do primeiro internódio (C1IN). Obteve-se distância generalizada de Mahalanobis, que permitiu inferir que dentre os caracteres avaliados, os que apresentaram maior contribuição relativa para a divergência genética. Os caracteres de CE, CPFU e C1IN, apresentaram maior contribuição respectivamente com 18,26%, 15,32% e 15,82%. A partir dos agrupamentos realizados pelo dendrograma e o agrupamento de tocher, bem como as medidas de dissimilaridade foi possível inferir que análises realizadas ainda durante a fase vegetativa são importantes na avaliação de genótipos e na predição de resultados obtidos durante o processo de melhoramento.

Palavras-chave: *Glycine max*, Dissimilaridade, Genitores.

ABSTRACT

The genetic base of Brazilian soybeans is narrow, so its genetic diversity is useful to assist in the selection of parents. This study aimed to evaluate and determine phenotypic variability and genetic diversity in 55 soybean genotypes based on vegetative phase traits. 52 progenies and 3 cultivars (BRS 7380 RR; TMG 1179 RR; BMX Desafio RR) were evaluated in a randomized block experimental design with 3 replications. Sowing took place in October in the 2022/2023 harvest, and the characters of hypocotyl length (CH), epicotyl length (CE), unifoliate leaf petiole length (CPFU), greatest left lateral distance (DLE), greatest right lateral distance (DLD), distance from the base of the unifoliate leaf (DBFU), petiole length of the first trifoliate leaf (CP1FT), rachis length of the central leaflet of the first trifoliate leaf (R1FT) and length of the first internode (C1IN) . Generalized Mahalanobis distance was obtained, which allowed us to infer that among the characters evaluated, those that presented the greatest relative contribution to genetic divergence. The CE, CPFU and C1IN characters presented the greatest contribution, respectively, with 18.26%, 15.32% and 15.82%. From the groupings carried out by the dendrogram and the tocher grouping, as well as the dissimilarity measures, it was possible to infer that analyzes carried out during the vegetative phase are important in evaluating genotypes and predicting results obtained during the breeding process.

Keywords: *Glycine max*, Dissimilarity, Genitors

SUMÁRIO

1.	INTRODUÇÃO.....	1
2.	OBJETIVOS.....	2
3.	REVISÃO DE LITERATURA	3
4.	MATERIAL E MÉTODOS.....	10
5.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
6.	CONCLUSÕES.....	23
7.	REFERÊNCIAS	24

1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja é uma das *commodities* de maior importância social e econômica do Brasil e o país é atualmente o maior produtor e exportador de soja mundial (Companhia Nacional de Abastecimento - CONAB, 2023). Dentre os fatores que tornam a soja uma importante cultura, pode-se citar as diferentes utilidades dos grãos, seja para alimentação humana e animal, para produção de óleo, entre outros derivados da oleaginosa que apresenta grande valia para o cenário econômico Mundial (Frente Parlamentar de apoio à Agropecuária - FPA, 2023).

O sucesso no cultivo e produção de grãos de soja no território brasileiro deve-se a diversos fatores, dentro os quais se destaca o melhoramento genético, que tem contribuído para o desenvolvimento de novas cultivares com potencial produtivo, ampla adaptação e resistência às pragas e doenças (ODA et al., 2015).

Um programa de melhoramento de plantas envolve diferentes fases que são essenciais para obtenção de novas cultivares. Os programas de melhoramento de soja do Brasil como um todo seguem uma estrutura básica que pode ser dividida em quatro etapas, a primeira é caracterizada pela escolha dos genitores, de forma que são realizadas as análises e a escolha de cultivares com potencial genético para o objetivo final do processo (SILVA, 2015; CECCARELLI, 2023).

Posteriormente tem-se a etapa de cruzamento e obtenção de populações segregantes caracterizada pela realização de cruzamentos entre os genitores selecionados anteriormente que irão gerar diversos genótipos diferentes, a terceira parte é o avanço de gerações que ocorre por autofecundação das populações segregantes que apresentam melhor desempenho e, por último, têm-se os testes de desempenho e seleção das linhagens que apresentam melhores resultados, chamadas de linhagens superiores. (SILVA, 2015; CECCARELLI, 2023).

Na fase inicial do programa de melhoramento de soja, a escolha de genitores deve ser realizada de forma criteriosa, uma vez que a soja é de base genética estreita (PRIOLLI et al., 2002 ; PRIOLLI et al., 2004; WYSMIERSKI e VELLO, 2013), logo possui uma elevada similaridade genética entre cultivares (PRIOLLI et al. 2010). Entretanto, como apontado por ODA et al (2015), ainda que a base genética da soja no Brasil seja estreita há diversidade genética, analisando os dados obtidos nos últimos 40 anos, que permitem e favorecem o melhoramento da espécie.

Na escolha de genitores de soja para hibridação recomenda-se observar as características promissoras de cada genótipo e a sua divergência genética. Estudos de diversidade genética de soja com germoplasma brasileiro têm sido amplamente realizado, contudo, muitos deles adotam caracteres agronômicos (JUNIOR et al., 2015; VALLIYODAN et al., 2017; RAHAMA et al., 2022; BEYENE e JALATA., 2022; KHAN et al., 2022; ZAFAR., et al, 2023). Assim, considerando que os caracteres da fase vegetativa permitem diferenciar genótipos de soja (NOGUEIRA et al., 2008; NOGUEIRA et al., 2012; CHAVES et al., 2017; DIAS et al., 2017; JUNIOR et al., 2018; ALVES et al., 2019; HANYU et al., 2020; GONTIJO et al., 2021) é possível conduzir estudos de diversidade genética a partir destes caracteres.

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo Geral

Avaliar a variabilidade fenotípica e a diversidade genética em 55 genótipos de soja com base em caracteres da fase vegetativa.

2.2 Objetivos Específicos

Estimar a dissimilaridade genética em 55 genótipos de soja com caracteres da fase vegetativa.

Indicar combinações para hibridação artificial em soja com base na diversidade genética.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1 Importância Econômica da Soja

A soja é uma das principais *commodities* agrícolas mundiais, atualmente o quarto grão mais consumido e produzido mundialmente, estando atrás apenas de milho, trigo e arroz. (FAOSTAT., 2023; CONAB., 2023). Esta importância se deve a características que permitem que seja utilizado de diversas formas, entre elas o alto teor de proteína (em torno de 40%), sendo, portanto, utilizada como fonte de alimento animal e humana e seu alto teor de óleo (em torno de 20%), sendo utilizada na produção de biocombustíveis. Seu cultivo é totalmente mecanizado e bastante automatizado além de ser uma cultivar padronizada e uniformizada, possibilitando fácil comercialização entre diferentes países.

No Brasil, sua expansão ocorreu durante a década de 1970 e início da década de 1980, principalmente nas regiões sul e centro-oeste, esta rápida ascensão foi devido a diferentes aspectos econômicos-sociais, podendo citar o mercado favorável, presença de políticas agrícolas de incentivo e o desenvolvimento e estabelecimento de uma ampla cadeia produtiva (HIRAKURI, 2014.). Desde então a produção de soja tem tido crescimentos exponenciais e de grande valia, o grão hoje é o mais produzido e exportado, permitindo que o país lidere as classificações mundiais de produção e exportação de soja (CONAB, 2023), trazendo a nação possibilidades de mercado e aberturas geopolíticas de grande importância.

A expansão da soja no Brasil gerou todo um complexo agroindustrial, que movimenta um grande número de agentes e organizações dos mais diversos setores, desde empresas de pesquisa e desenvolvimento até cooperativas e produtores independentes. Todo este complexo é um importante gerador de riquezas, empregos e oportunidades (Frente Parlamentar da

Agropecuária - FPA, 2021). Analisando o histórico do PIB (produto interno Bruto) brasileiro, e a participação da agricultura, especialmente a cultura da soja, é possível observar uma participação de 27,4% da agricultura, destes, 51,8% provém da exportação de Soja (Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada - CEPEA, 2022), valores bem expressivos e que podem ilustrar o tamanho e a importância deste setor.

No primeiro semestre de 2022, houve uma queda de 0,75% no PIB do setor agrícola, equivalente a cerca de 14 bilhões de reais (CEPEA, 2022), queda esta, que foi impulsionada pela alta nos preços dos insumos agrícolas, como fertilizantes e defensivos. Observando o contexto mercadológico da soja no Brasil, ainda que este déficit, à primeira vista, pareça grande, ainda carece de dados a longo prazo para poder dimensionar de fato o impacto desta queda no complexo agrícola brasileiro.

3.2 Base genética da soja brasileira

Base genética é um termo utilizado que pode ser definido como o número de ancestrais e sua correspondente contribuição genética relativa para um grupo específico (CUI et al., 2000a)

A soja é originária da China, durante o século XI a.c se expandiu para outras partes da Ásia, e posteriormente foi difundida pela Europa, América do Norte e Sul durante o século XIX, no Brasil sua expansão e desenvolvimento deram início na década de 60, concentrado na região Sul do país, alcançando seu auge nas décadas de 70 e 80, abrangendo principalmente a região centro-oeste brasileira (GAZZONI, 2018).

Os estudos realizados sobre a base genética da soja brasileira indicam que ela possui uma base restrita, devido aos primórdios do desenvolvimento de cultivares no Brasil, que utilizaram de cultivares desenvolvidas no Sul dos Estados Unidos da América, sem realizar avaliações da diminuição da diversidade genética a que isso levaria (WYSMIERSKI e

VELLO, 2013), como consequência, a soja brasileira possui graus de parentesco muito próximos com as cultivares norte americanas, o que dificulta os programas de melhoramento, uma vez que há uma diversidade genética relativamente baixa (PRIOLLI et al., 2004; WYSMIERSKI e VELLO, 2013; YAMANAKA et al., 2007).

Devido à base genética estreita da soja brasileira, é essencial a realização de estudos de diversidade genética por parte dos programas de melhoramento, esse processo além de permitir uma predição gênica de possibilidades de melhoramento, ainda permite planejar e evitar o desgaste e consequente diminuição da diversidade genética das cultivares existentes (PRIOLLI et al., 2004).

Predição gênica nada mais é que um processo de análise ao qual as progênies são submetidas, análise essa que ajudará no planejamento e na seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 2014), e pode ser realizado a partir de marcadores moleculares (PRIOLLI et al., 2010) caracteres fenotípicos (LEITE et al., 2018) e coeficiente de parentesco (XAVIER, 2016).

Após a obtenção da população segregante, ocorre o avanço de gerações e a seleção de genótipos superiores, a determinação do que pode ou não ser considerado um genótipo superior depende do objetivo do programa, seja para maior produtividade ou resistência a determinada praga ou clima e a partir de estudos de diversidade genética é possível aumentar a diversidade presente no programa, levando a um maior número de possibilidades e, consequentemente, melhores resultados (ZUFFO, 2018).

3.3 Desenvolvimento Vegetativo da Soja

Para uma melhor comunicação entre pesquisadores e afins, se fez necessário que se criasse uma metodologia para uma definição dos diferentes estádios de desenvolvimento da soja, a metodologia mais utilizada é a proposta por Fehr & Caviness (1977), que divide os

estádios da soja em estádios vegetativos e estádios reprodutivos.

O ciclo de desenvolvimento da soja varia entre 75 a 200 dias, essa variação ocorre a depender do genótipo e das condições climática. O estágio vegetativo é definido como o período que vai da emergência da plântula até a abertura das primeiras flores que dá início ao estágio reprodutivo que compreende o início da floração até a maturidade (BEZERRA et al., 2015).

O caule é pertencente ao tipo herbáceo, mais ou menos pubescente e possui ramificações variadas a depender do genótipo. O hipocótilo é a parte inicial do caule, que se segue até o epicótilo e posteriormente são formados os internódios entre cada nó, a partir de cada nó desenvolve-se uma folha que possui por sua vez em sua axila uma gema lateral que pode gerar ramificações ou inflorescências (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016; BEZERRA et al., 2015).

Durante o crescimento da soja são encontrados, em sua maioria, três tipos de folhas, as folhas cotiledonares, as unifolioladas e as trifolioladas, que são compostas por três folíolos. Existe variação no formato das folhas, sendo elas a lanceolada estreita, lanceolada, triangular, oval pontiaguda e oval arredondada (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Os estádios vegetativos são representados pela letra V enquanto os reprodutivos pela letra R. Com exceção dos estádios VE (Emergência) e VC (Cotilédone), as letras V e R são seguidas de números que identificam estádios específicos (NEUMAIER et al, 2000).

Todos os estádios vegetativos posteriores ao VC são elencados aos nós, mais especificadamente o último nó (superior), isso se deve ao fato que o nó é uma característica permanente da planta, enquanto folhas por exemplo são temporárias, podendo se desprender da haste (NEUMAIER et al, 2000).

Posteriormente ao estágio VC se iniciam os estádios numerados, sendo V1 quando as folhas unifolioladas se encontram totalmente desenvolvidas, V2 quando a primeira folha

trifoliolada estiver completamente desenvolvida, V3 para a segunda folha trifoliolada e assim por diante (FEHR & CAVINESS, 1977).

3.4 Estudos de Diversidade Genética em Soja

Os estudos de diversidade ou dissimilaridade genética em soja têm sido feitas a partir de caracteres agronômicos (MOURA et al., 2020; FOLLMANN et al., 2019; CANTELLI et al., 2016; TORRES et al., 2015; VILLELA et al., 2014), porém as metodologias adotadas também podem ser utilizadas em caracteres vegetativos como apontado por Nogueira et al. (2008) e Chavez et al. (2017).

Quanto às metodologias utilizadas para determinação da dissimilaridade, duas são as mais amplamente utilizadas, a distância generalizada de Mahalanobis e a distância Euclidiana, ambos os métodos se diferem uma vez que a distância generalizada de Mahalanobis leva em consideração as possíveis correlações existentes do conjunto de dados e não depende da escala das medições, o que não ocorre quanto a distância Euclidiana (BARROSO, 2003).

A partir da utilização das distâncias, seja ela de Mahalanobis ou Euclidiana, dois são os principais métodos utilizados para agrupamentos de genótipos, o agrupamento de Tocher e o dendrograma UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), ambos os métodos se utilizam da matriz de dissimilaridade obtida pelos métodos anteriores para agruparem os genótipos quanto a suas similaridades (BERTAN et al., 2006; KARASAWA et al., 2005).

O Dendrograma UPGMA utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os objetos considerados (CRUZ et al., 2014). Já o método de Tocher forma um grupo inicial com o par de indivíduos mais similares identificados na matriz de dissimilaridade, que é então avaliada para a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a

distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ, 2011).

Ainda há também o método de agrupamento por variáveis canônicas, que nada mais é que uma função de análise multivariada da variância com a finalidade de discriminar grupos em um conjunto de dados (SOUZA, 2014). Por último há o método proposto por Singh (1981), utilizado para determinar a importância relativa dos caracteres estimados por meio da participação dos componentes, relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada.

Todos esses métodos são amplamente utilizados nos estudos de diversidade genética, principalmente se utilizando de caracteres da fase agrônômica, porém como apontado por Nogueira et al. (2008) os caracteres da fase vegetativa também podem ser utilizados para realizar as mesmas análises, utilizando destas mesmas metodologias.

Em Chaves et al. (2017) as análises foram feitas a partir do comprimento do epicótilo, comprimento do hipocótilo, comprimento do pecíolo da folha unifoliolada, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada e comprimento da raque da primeira folha trifoliolada, com objetivo de avaliar as interações genótipo-ambiente e a estabilidade de algumas cultivares, as interações observadas foram de caráter complexo para todas as características observadas exceto para o comprimento da raque que foi observada ser simples por natureza.

Já em Hanyu et al. 2020 foram utilizados apenas o comprimento do hipocótilo e do epicótilo, além da altura da planta durante o estágio vegetativo para a realização das análises, porém essas análises foram realizadas em dois períodos diferentes para que fossem comparadas, chegando a conclusão que os parâmetros genéticos estimados e suas correlações demonstraram influência sobre a expressão fenotípica dos caracteres avaliados.

Há ainda poucos estudos de diversidade genética em soja que se valem de caracteres da fase vegetativa, porém considerando os resultados já obtidos e publicados é visível o potencial e a importância de tais caracteres em diferentes estudos de diversidade

(NOGUEIRA et al., 2008).

3.5 Parâmetros fenotípicos e genéticos de caracteres da fase vegetativa em soja

Os parâmetros genéticos são úteis em estudos de genética e melhoramento de plantas, por permitir conhecer a natureza e a amplitude dos efeitos genéticos sobre os caracteres fenotípicos de interesse.

Um dos parâmetros mais importantes é a herdabilidade (h^2) que de acordo com Falconer e Mackey (1996) pode ser definida como a razão da variância genética pela variância fenotípica, isto é, a proporção da variação total que é atribuída ao efeito médio dos genes; valor de Herdabilidade varia de 0 a 1, onde quanto mais próximo de 1 o valor, maior é a influência do genótipo no fenótipo de determinada população, porém quanto mais próximo de 0, maior é a influência do ambiente e de sua variabilidade no fenótipo da população (SANTOS et al., 2019).

De acordo com Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) quando os efeitos dos tratamentos, isto é, dos genótipos, é assumido como efeito fixo estima-se um componente quadrático genético, e logo o parâmetro H^2 é denominado coeficiente de determinação genotípico, o qual é considerado alto quando superior a 0,7 ou 70%.

Em soja, os valores fenotípicos para comprimento do hipocótilo tem sido 1,69 cm a 3,71 cm (HANYU et al., 2020; ALVES et al., 2019; JUNIOR et al., 2018; DIAS et al., 2017; CHAVES et al., 2017), com estimativas de herdabilidade oscilando de 80,4% a 85,5%. Já para o comprimento do epicótilo os valores vão de 2,24 cm a 4,87 cm (GONTIJO et al., 2021; JUNIOR et al., 2018; DIAS et al., 2017; CHAVES et al., 2017), com estimativas de herdabilidade oscilando de 78% a 90,9%.

O comprimento do primeiro internódio obteve variações de 2,94 cm a 6,09 cm (YAO XU et al., 2021); o comprimento da raque por sua vez oscilou entre 0,72 cm a 1,03 cm (DIAS

et al., 2017; CHAVES et al., 2017); o comprimento do pecíolo da primeira folha unifoliolada oscilou entre 1,40 cm a 2,28 cm (DIAS et al., 2017; CHAVES et al., 2017) e por último o comprimento da primeira folha trifoliolada oscilou entre 6,21 cm a 10,44 cm.

4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra 2022/2023 em uma área experimental da Fazenda Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada no município de Uberlândia, no estado de Minas Gerais, de coordenadas geográficas de 18° 52' S e 48° 20' W e altitude de 805 m.

Avaliaram-se 55 genótipos, sendo 3 cultivares comerciais (BRS 7380 RR, TMG 1179 RR e BMX Desafio RR) e 52 progênies de soja originadas de parentais para resistência a nematoide das galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*). Foram semeadas em delineamento experimental de blocos ao acaso com 3 repetições. A parcela experimental foi constituída de cinquenta e cinco linhas de plantas de soja, espaçadas de 0,5 m entre si, com 3 m de comprimento.

O experimento foi instalado em Latossolo Vermelho Escuro distrófico, cujo preparo foi realizado de forma convencional com uma aração e duas gradagens, sendo sulcado no dia da semeadura. A adubação do solo na semeadura foi realizada com a formulação NPK 08-28-16 na dose de 400 kg ha⁻¹, sendo realizada manualmente. Foram realizadas ainda duas adubações de cobertura com o formulado 20-00-20 na dose de 400 kg ha⁻¹ em duas aplicações, uma aos 20 dias após a semeadura e a segunda aos 35 dias após a semeadura.

As sementes utilizadas foram tratadas com Fipronil (inseticida), Piraclostrobina (fungicida) e Tiofanato-metílico (fungicida) e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum*. A semeadura manual foi realizada no dia 28 de Outubro de 2022, adotando-se 20 sementes por metro linear.

Logo após a semeadura, foi realizada a aplicação, em bomba costal, do herbicida S-Metolaclo-ro na dose de 2,0 L ha⁻¹ para realizar o controle das plantas daninhas na pré-emergência da soja; No decorrer do cultivo foram realizadas ainda capinas manuais quando necessário (DIAS et al., 2017; CHAVES et al., 2017).

Para a avaliação do experimento foram amostradas aleatoriamente três plantas da parcela útil nos respectivos estágios de desenvolvimento da soja, proposta por Fehr e Caviness (1977) e foram mensurados, com a utilização de uma régua milimetrada em centímetros os seguintes caracteres:

- 1 Comprimento do hipocótilo (CH):** medido da superfície do solo até o nó cotiledonar, no estágio vegetativo V2-V3.
- 2 Comprimento do epicótilo (CE):** medido a partir do nó cotiledonar até os nós das folhas unifolioladas, no estágio vegetativo V3.
- 3 Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU):** medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção da folha unifoliolada, no estágio vegetativo V2-V3.
- 4 Maior distância lateral esquerda (DLE):** medida da base da folha ao ápice na diagonal
- 5 Maior distância lateral direita (DLD):** medida da base da folha ao ápice na diagonal
- 6 Distância da base da folha unifoliolada (DBFU).**
- 7 Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CP1FT):** medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção dos dois folíolos laterais da folha trifoliolada, no estágio vegetativo V3.
- 8 Comprimento da raque do folíolo central da primeira folha trifoliolada (R1FT):** medido a partir da junção dos dois folíolos laterais até a inserção do folíolo terminal, no estágio vegetativo V3.
- 9 Comprimento do primeiro internódio (CIIM):** medido do internódio da folha

unifoliolada até o internódio da primeira folha trifoliolada

Após a coleta dos dados, foi feita uma análise de variância com intuito de identificar a existência de variabilidade genética, cujo modelo foi:

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

Em que:

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

μ : média geral

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

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).

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foi obtido o dendrograma segundo o método UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean) com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) para agrupamento de 55 genótipos de soja, a partir do dendrograma foi realizado um corte se utilizando do critério Mojena (Mojena 1977). Foi ainda realizado o teste de contribuição relativa das características para a dissimilaridade genética pelo método proposto por Singh (1981).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância observou-se a existência de variabilidade genética ao nível de 5% de significância pelo teste F, exceto para CP1FT (TABELA 1). Os coeficientes de variação (CV) obtidos variaram de 10,56% a 27,03% (TABELA 1), considerando que valores de CV baixos indicam boa precisão experimental, valores de CV de até no máximo 20% são os mais aceitos, esse limite superior é estabelecido pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento para a soja e demais culturas, que podem ser registradas no Brasil (Brasil, 2023). apenas as características CH, CPFU e CR1FT apresentaram valores de CV acima do adequado (TABELA 1). Valores altos de CV podem estar associados a não-homogeneidade do processo durante o desenvolvimento das cultivares. Os valores obtidos no trabalho estão de acordo com os resultados encontrados por NOGUEIRA et al., (2008), CHAVEZ et al., (2016) e SILVA et al., (2016).

TABELA 1 - Quadrados médio de genótipos (QMG), coeficiente de variação (CV) e de determinação genotípico (H^2) de caracteres da fase vegetativa em 55 genótipos de soja cultivados em campo, Uberlândia-MG, safra 2022/2023

Caracteres	QMG	CV (%)	H^2 (%)
Comprimento de hipocótilo (CH)	0,34*	27,03	38,28
Comprimento do epicótilo (CE)	0,26*	13,22	52,01
Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU)	0,12*	23,05	53,44
Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CP1FT)	1,88 ^{ns}	11,92	46,10
Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada (CR1FT)	0,11*	23,81	34,33
Comprimento do primeiro internódio (CIIN)	0,26*	18,66	40,59
Distância lateral (direita e esquerda) da folha unifoliolada (DLE-DLD)	0,17*	13,44	0,00
Largura da folha unifoliolada	0,12*	10,56	0,00

ns: não significativo; ** e *: significativo ao nível de 1% e 5% respectivamente pelo teste F.

Os valores do coeficiente de determinação genotípico (H^2) variaram de 0% a 53,44% (TABELA 1), sendo portanto de baixa à média magnitude. Segundo Cruz (2004), o H^2 é uma medida análoga à herdabilidade e expressa a variância fenotípica devido à variabilidade genética entre as médias dos tratamentos, valores baixos de H^2 indicam que há grande influência ambiental sobre as características estudadas, e conseqüentemente baixa influência genética na expressão fenotípica, essa constatação não corrobora com as observadas por NOGUEIRA et al. (2008) e MATSUO et al. (2012), ambos estudos avaliaram caracteres da fase vegetativa em casa de vegetação.

Os resultados de H^2 obtidos por CHAVEZ et al. (2016) também não corroboram com os dados analisados, novamente é importante ressaltar que este estudo também foi realizado em casa de vegetação. As características quantitativas tendem a sofrer maior influência ambiental, tendo, portanto, valores de H^2 menores, o que corrobora com os valores encontrados no trabalho de ALBUQUERQUE et al. (2022), que avaliou seu experimento realizado em campo e obteve que as características que obtiveram maior valor de H^2 foram CPFU e CE. (BASTIAANSE et al., 2019).

Em CAMARGOS et al. (2019) foi identificado que para CH, o volume do solo, a densidade das plantas e a profundidade de semadura não influenciavam na característica,

comparando com o baixo valor de H^2 obtido e o alto valor de CV, os dados não corroboram, indicando alta influência ambiental, porém há a possibilidade de baixa precisão experimental devido ao valor de CV acima de 20%. Já para CE, CAMARGOS et al. (2019) aponta que apenas a profundidade de semeadura não influencia, podendo ter ainda outras diversas fontes de influência ambiental, comparando com o valor intermediário de H^2 e o CV abaixo dos 14% (TABELA 1), os resultados obtidos são condizentes.

As médias dos genótipos avaliados quanto aos caracteres da fase vegetativa constam na Tabela 2. Para o caráter CH as médias oscilaram de 0,35 cm a 2,81 cm e constituíram um só grupo (TABELA 2). As estimativas obtidas estão dentro da média observada por HANYU et al. (2020); ALVO et al. (2019); JUNIOR et al. (2018); DIAS et al. (2017) e CHAVES et al. (2017), tendo apenas o genótipo 52 que obteve uma média muito abaixo da média inferior de 1,69 cm encontrada nestes trabalhos.

Já para o caráter CE as médias dos genótipos variaram de 1,71 cm a 3,45 cm e formaram 2 grupos (TABELA 2). O primeiro grupo reuniu 26 genótipos e o segundo grupo 29 genótipos. As estimativas de CE deste estudo se assemelharam aos obtidos por GONTIJO et al. (2021); JUNIOR et al. (2018); DIAS et al. (2017) e CHAVES et al. (2017), tendo apenas o genótipo 45 que obteve uma média muito abaixo a média inferior de 2,24 cm observada nos estudos citados.

As médias para CPFU oscilaram de 0,66 cm a 1,66 cm e formaram 2 grupos (TABELA 2). O primeiro grupo reuniu 28 genótipos e o segundo grupo 27 genótipos. As estimativas de CPFU são inferiores às observadas por DIAS et al. (2017) e CHAVES et al. (2017) que apresentaram médias de 1,40 cm a 2,28 cm.

TABELA 2. Valores fenotípicos médios de 55 genótipos de soja quanto aos caracteres da fase vegetativa, Uberlândia-MG, safra 2022/2023.

Genótipos	CH	CE	CPFU	CPIFT	CRIFT	CIIN	DLE-DLD	DBFU
1	1,84 a	3,01 a	1,10 a	7,72 b	1,16 a	2,02 b	3,47 a	3,33 a
2	1,50 a	2,85 a	1,23 a	7,91 b	1,28 a	2,57 a	3,70 a	3,65 a
3	1,29 a	3,09 a	0,75 b	6,90 b	1,07 a	1,91 b	3,22 a	3,03 a
4	1,82 a	3,00 a	1,16 a	8,51 b	1,16 a	1,66 b	3,24 a	3,16 a
5	1,69 a	3,45 a	1,44 a	8,01 b	1,40 a	1,74 b	3,50 a	3,61 a
6	1,79 a	2,59 b	0,80 b	7,67 b	0,81 a	1,81 b	3,68 a	3,30 a
7	2,16 a	2,93 a	0,80 b	8,06 b	1,23 a	1,95 b	3,40 a	3,45 a
8	1,81 a	2,64 b	0,93 b	7,60 b	0,81 a	1,78 b	3,43 a	2,93 a
9	1,66 a	2,39 b	0,82 b	7,75 b	0,96 a	1,75 b	3,58 a	3,37 a
10	1,91 a	2,79 a	1,04 a	7,89 b	1,03 a	1,84 b	3,60 a	3,25 a
11	1,96 a	2,31 b	0,73 b	7,66 b	1,07 a	1,90 b	3,61 a	3,20 a
12	2,07 a	3,08 a	0,86 b	9,49 a	1,18 a	2,55 a	3,33 a	3,12 a
13	1,73 a	2,91 a	0,82 b	9,66 a	1,18 a	2,35 a	3,61 a	3,29 a
14	1,70 a	2,82 a	0,99 b	10,50 a	1,29 a	2,59 a	3,79 a	3,28 a
15	1,91 a	2,51 b	0,80 b	7,94 b	1,05 a	2,29 a	3,54 a	3,33 a
16	2,17 a	2,57 b	1,18 a	7,51 b	0,97 a	2,28 a	3,31 a	3,21 a
17	2,06 a	2,23 b	1,15 a	8,22 b	1,29 a	1,90 b	3,45 a	3,27 a
18	1,83 a	2,50 b	1,09 a	8,36 b	1,10 a	2,21 a	3,76 a	3,28 a
19	1,31 a	2,99 a	1,21 a	9,48 a	1,17 a	2,16 a	3,82 a	3,66 a
20	1,78 a	2,64 b	0,78 b	7,60 b	1,21 a	2,76 a	3,62 a	3,35 a
21	1,52 a	2,52 b	0,66 b	9,14 a	1,03 a	2,35 a	3,91 a	3,34 a
22	1,36 a	2,50 b	0,93 b	7,58 b	1,12 a	2,39 a	3,93 a	3,37 a
23	1,87 a	2,48 b	1,08 a	8,69 a	1,09 a	2,31 a	3,91 a	3,62 a
24	1,82 a	2,43 b	1,21 a	9,08 a	1,30 a	2,48 a	3,58 a	3,45 a
25	1,80 a	2,69 a	0,68 b	8,69 a	1,16 a	2,05 b	3,72 a	3,71 a
26	1,19 a	3,09 a	1,01 b	8,88 a	1,20 a	2,28 a	4,08 a	3,69 a
27	1,73 a	2,80 a	1,19 a	9,06 a	1,19 a	2,28 a	4,41 a	3,65 a
28	1,47 a	2,87 a	1,02 b	8,62 a	1,46 a	1,77 b	3,65 a	3,57 a
29	2,24 a	2,59 b	1,10 a	9,38 a	1,37 a	2,60 a	3,56 a	3,78 a
30	1,76 a	2,69 a	1,22 a	8,74 a	1,32 a	2,12 b	3,35 a	3,51 a
31	1,25 a	2,47 b	1,06 a	8,09 b	1,21 a	1,98 b	3,13 a	3,49 a
32	1,73 a	2,73 a	1,09 a	9,39 a	1,51 a	2,57 a	3,36 a	3,51 a
33	1,34 a	2,73 a	1,18 a	8,49 b	1,35 a	2,40 a	3,53 a	3,51 a
34	1,63 a	2,28 b	0,95 b	8,33 b	0,88 a	1,82 b	3,60 a	3,72 a
35	1,77 a	3,21 a	1,17 a	8,82 a	0,95 a	2,11 b	3,66 a	3,71 a
36	1,41 a	2,74 a	0,94 b	9,36 a	1,12 a	2,65 a	3,42 a	3,53 a
37	1,54 a	2,84 a	1,08 a	9,78 a	1,03 a	1,89 b	3,50 a	3,73 a
38	1,78 a	2,61 b	1,02 b	9,56 a	1,55 a	1,92 b	3,67 a	3,70 a
39	1,78 a	2,60 b	1,66 a	8,37 b	0,93 a	2,23 a	3,67 a	3,67 a
40	1,62 a	2,94 a	1,17 a	9,78 a	1,23 a	2,49 a	3,70 a	3,57 a
41	1,72 a	2,26 b	1,30 a	7,87 b	1,17 a	2,09 b	3,53 a	3,58 a
42	1,73 a	2,33 b	1,28 a	7,62 b	1,10 a	2,37 a	3,29 a	3,38 a

43	1,84 a	2,82 a	1,12 a	7,90 b	1,41 a	2,17 a	3,40 a	3,57 a
44	2,81 a	2,74 a	1,37 a	9,45 a	1,18 a	2,07 b	3,32 a	3,55 a
45	2,00 a	1,71 b	0,92 b	7,69 b	1,03 a	2,10 b	3,45 a	3,48 a
46	1,46 a	2,57 b	0,87 b	7,22 b	0,94 a	2,53 a	3,25 a	3,20 a
47	1,38 a	2,49 b	0,89 b	8,39 b	1,41 a	1,66 b	3,35 a	3,43 a
48	1,71 a	2,34 b	1,21 a	9,01 a	0,95 a	1,85 b	3,48 a	3,61 a
BRS 7380 RR	1,28 a	2,41 b	0,87 b	7,89 b	0,76 a	2,25 a	3,46 a	3,02 a
TMG 1179 RR	1,63 a	2,46 b	0,97 b	7,84 b	1,19 a	1,73 b	3,64 a	3,69 a
BMX Desafio RR	1,65 a	2,72 a	0,99 b	8,78 a	1,34 a	1,96 b	3,61 a	3,43 a
52	0,35 a	2,40 b	1,01 b	8,56 a	0,73 a	2,12 b	3,57 a	3,61 a
53	1,71 a	2,36 b	0,75 b	6,97 b	0,79 a	1,91 b	3,29 a	3,40 a
54	1,70 a	2,54 b	1,07 a	8,61 a	0,94 a	2,09 b	3,32 a	3,51 a
55	1,98 a	2,77 a	1,31 a	8,48 b	0,99 a	1,55 b	3,17 a	3,15 a

Médias com a mesma letra na vertical pertencem ao mesmo grupo ao nível de 5% de significância pelo teste Scott Knott.

Os resultados obtidos por DIAS et al. (2017) e CHAVES et al. (2017) para CP1FT oscilaram de 6,21 cm a 10,44 cm (TABELA 2), sendo bem semelhantes às médias observadas, que variaram de 6,90 cm a 10,50 cm. Foram formados 2 grupos, o primeiro apresentando 38 genótipos e o segundo apenas 17 genótipos (TABELA 2).

Entretanto para CR1FT, não houve a formação de mais de um grupo, DIAS et al. (2017) e CHAVES et al. (2017) obtiveram médias que foram de 0,72 cm a 1,03 cm, médias essas bem próximas às médias obtidas que oscilaram de 0,73 cm a 1,51 cm (TABELA 2).

Para C1IN as médias observadas variaram de 1,55 cm a 2,76 cm (TABELA 2), estas estimativas estão bem abaixo das observadas por YAO XU et al. (2021) que alternaram entre 2,94 cm e 6,09 cm, houve novamente a formação de 2 grupos, o primeiro sendo formado por 25 genótipos e o segundo por 30 genótipos (TABELA 2).

As médias obtidas para as distâncias laterais (DLE-DLD) alternaram entre 3,13 cm e 4,41 cm, constituindo um único grupo (TABELA 2). Por último as médias obtidas para DBFU oscilaram de 2,93 cm a 3,73 cm também constituindo um único grupo (TABELA 2).

Pelo método de dissimilaridade de distância de Mahalanobis (TABELA 3) foi possível observar a distância genética entre os genótipos avaliados, dentre os resultados pode-se

destacar alguns genótipos interessantes, o UFUS 5 e o UFUS 52, de forma geral foram os genótipos que apresentaram maior distância média de todos os outros genótipos, dentre ambos o UFUS 52 obteve o maior valor para a menor distância entre todos, de 9,99 em relação ao genótipo UFUS 34, já o maior valor para a maior distância foi do UFUS 5, sendo de 43,11 em relação ao UFUS 45 (TABELA 3).

TABELA 3 - Menores e maiores distâncias de Mahalanobis obtidas com 8 caracteres da fase vegetativa, avaliados em 55 genótipos de soja, Uberlândia-MG, safra 2022/2023.

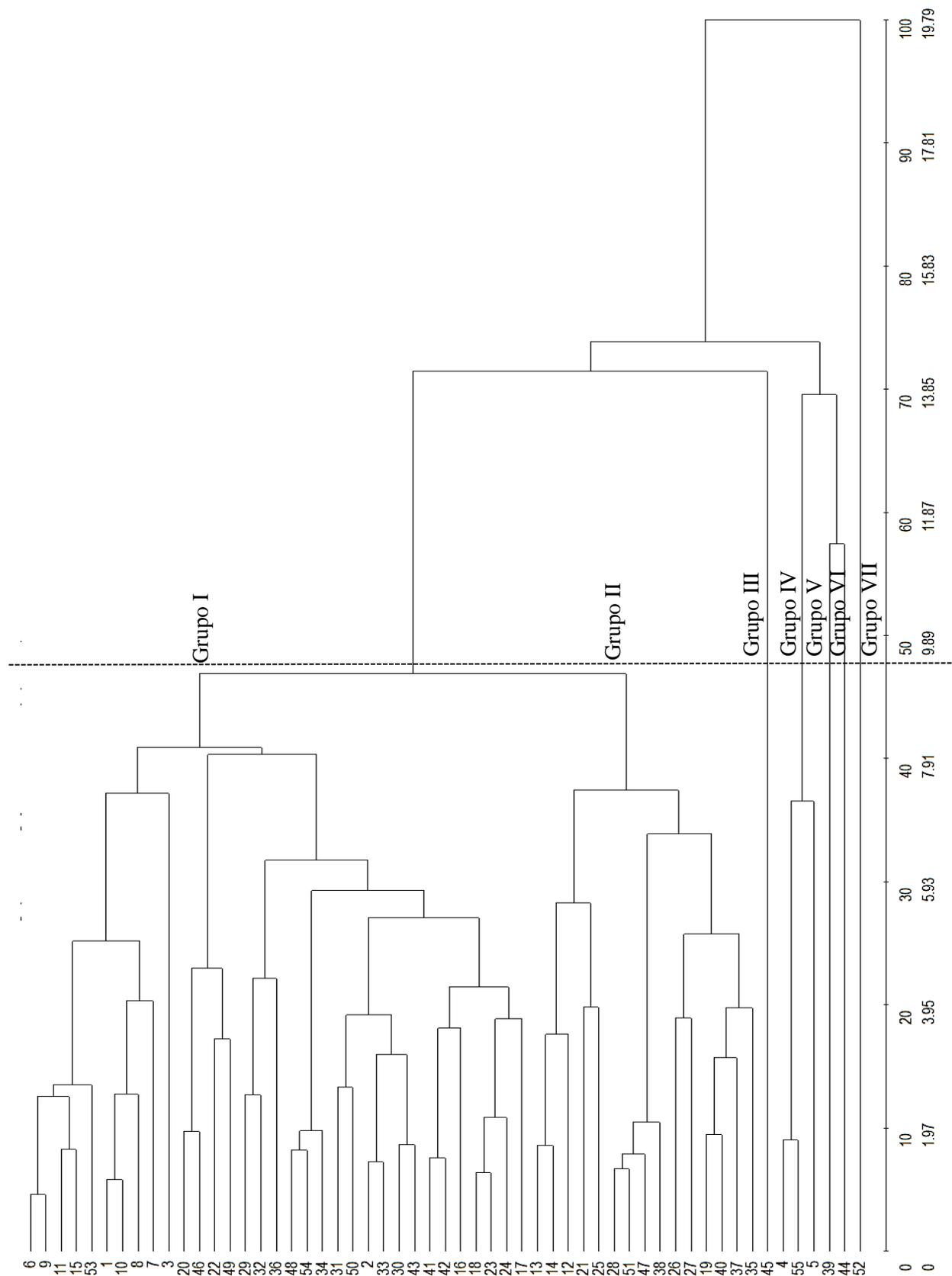
Genótipos	Menor distância	Maior distância	Genótipo	Menor distância	Maior distância
1	1,15 (genótipo 1)	25,63 (genótipo 52)	29	2,31 (genótipo 24)	24,63 (genótipo 5)
2	1,43 (genótipo 33)	17,51 (genótipo 44)	30	1,71 (genótipo 43)	19,80 (genótipo 52)
3	4,37 (genótipo 1)	28,68 (genótipo 45)	31	1,80 (genótipo 33)	16,41 (genótipo 5)
4	1,79 (genótipo 55)	30,46 (genótipo 52)	32	2,25 (genótipo 33)	20,67 (genótipo 52)
5	5,49 (genótipo 4)	43,11 (genótipo 45)	33	1,43 (genótipo 2)	16,43 (genótipo 44)
6	0,91 (genótipo 9)	18,98 (genótipo 5)	34	1,93 (genótipo 54)	24,22 (genótipo 5)
7	2,69 (genótipo 1)	30,22 (genótipo 52)	35	3,44 (genótipo 19)	25,71 (genótipo 45)
8	1,30 (genótipo 10)	23,31 (genótipo 52)	36	2,61 (genótipo 40)	26,65 (genótipo 5)
9	0,91 (genótipo 6)	19,30 (genótipo 5)	37	2,31 (genótipo 19)	24,15 (genótipo 45)
10	1,15 (genótipo 1)	23,44 (genótipo 52)	38	1,72 (genótipo 51)	21,99 (genótipo 52)
11	1,46 (genótipo 9)	23,83 (genótipo 5)	39	4,46 (genótipo 41)	26,59 (genótipo 3)
12	2,26 (genótipo 13)	27,07 (genótipo 52)	40	1,87 (genótipo 19)	17,39 (genótipo 45)
13	1,69 (genótipo 14)	20,45 (genótipo 39)	41	1,50 (genótipo 42)	20,79 (genótipo 5)
14	1,69 (genótipo 13)	25,36 (genótipo 5)	42	1,50 (genótipo 41)	25,30 (genótipo 5)
15	1,63 (genótipo 11)	24,14 (genótipo 5)	43	1,71 (genótipo 30)	25,36 (genótipo 52)
16	2,59 (genótipo 42)	29,35 (genótipo 52)	44	6,31 (genótipo 55)	42,41 (genótipo 52)
17	2,75 (genótipo 18)	27,22 (genótipo 52)	45	5,55 (genótipo 41)	43,11 (genótipo 5)
18	1,26 (genótipo 23)	19,13 (genótipo 5)	46	1,92 (genótipo 20)	29,35 (genótipo 5)
19	1,87 (genótipo 40)	23,85 (genótipo 45)	47	1,48 (genótipo 51)	21,56 (genótipo 39)
20	1,92 (genótipo 46)	31,31 (genótipo 5)	48	1,62 (genótipo 54)	20,54 (genótipo 5)
21	3,37 (genótipo 13)	33,03 (genótipo 5)	BRS 7380 RR	3,41 (genótipo 22)	30,15 (genótipo 5)
22	3,31 (genótipo 18)	25,94 (genótipo 5)	TMG 1179 RR	1,60 (genótipo 9)	15,61 (genótipo 52)
23	1,26 (genótipo 18)	22,38 (genótipo 5)	BMX Desafio RR	1,32 (genótipo 28)	18,42 (genótipo 52)
24	2,04 (genótipo 23)	23,30 (genótipo 5)	52	9,99 (genótipo 34)	42,41 (genótipo 44)
25	3,11 (genótipo 13)	22,03 (genótipo 39)	53	2,01 (genótipo 15)	25,42 (genótipo 5)
26	2,08 (genótipo 19)	26,17 (genótipo 45)	54	1,62 (genótipo 48)	18,64 (genótipo 5)
27	3,20 (genótipo 23)	17,56 (genótipo 45)	55	1,79 (genótipo 4)	31,75 (genótipo 52)
28	1,32 (genótipo 51)	25,11 (genótipo 45)			

A cultivar TMG 1179 RR obteve as menores distâncias gerais com relação a todos os outros genótipos, analisando o cenário completo, a menor distância observada foi de 0,91 enquanto a maior foi de 43,11 (TABELA 3), há presença de grande variedade genética, porém a maior parte dos resultados se mantiveram na média, o que corrobora com o resultado de agrupamentos obtido pelo teste scott-knott.

Por meio da distância generalizada de Mahalanobis foi possível construir um dendrograma (FIGURA 1), a partir do corte realizado em aproximadamente 48% de dissimilaridade, utilizando o critério Mojena (Mojena 1977) é possível observar a formação de 7 grupos diferentes, os Grupos I e II tendo a maior parte da diversidade dos genótipos, cerca de 87% dos genótipos fazem parte destes 2 grupos (FIGURA 1), o grupo III é formado apenas pelo genótipo UFUS 45, o grupo IV é formado pelos genótipos UFUS 55, UFUS 5 e UFUS 4, o grupo V é formado apenas pelo genótipo UFUS 39, grupo VI pelo UFUS 44 e o grupo VII pelo UFUS 52, a cultivar BRS 7380 RR e BMX Desafio RR são parte do grupo I, enquanto a cultivar TMG 1179 RR é parte do grupo II (FIGURA 1).

Quando a intenção é gerar progênie superiores para determinadas características, a seleção de genitores geneticamente divergentes deve ser baseada na magnitude desta divergência genética (CANTELLI et al., 2016). Portanto, para uma futura seleção de parentais a partir dos genótipos avaliados, o interessante seria que ambos fossem parte de grupos bem distantes.

FIGURA 1. Dendrograma obtido a partir da distância generalizada de Mahalanobis, estimada com oito caracteres da fase vegetativa, de 55 genótipos de soja, Uberlândia-MG, safra 2022/2023. *significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste t.¹No dendrograma os genótipos 49, 50 e 51 corresponde às cultivares BRS 7380 RR, TMG 1179 RR e BMX DesafioRR, respectivamente.



A partir do agrupamento de Tocher (TABELA 4), foram obtidos 8 grupos genéticos, o grupo 1 possui a maior diversidade de cultivares, dentre as quais está as 3 cultivares controle, comparando com o dendrograma (FIGURA 1) o grupo II do agrupamento de Tocher é equivalente ao grupo IV do dendrograma, o mesmo ocorre com o grupo IV de Tocher e o grupo III do dendrograma, grupo V de Tocher e grupo VI do dendrograma e grupo VIII de Tocher com o grupo VII do dendrograma. Essas similaridades entre os grupos de ambos os métodos utilizados reforça a confiabilidade da divisão de grupos genéticos por meio da distância genética entre os caracteres avaliados.

TABELA 4 - Agrupamento de Tocher, obtido a partir da distância generalizada de Mahalanobis em 55 genótipos de soja, cultivados em campo Uberlândia-MG, safra 2022/2023

Grupos	Cultivares
I	UFUS 6, UFUS 9, UFUS 11, UFUS 15, UFUS 53, UFUS 18, UFUS 23, UFUS 54, TMG 1179 RR, UFUS 34, UFUS 10, BMX Desafio RR, UFUS 31, UFUS 30, UFUS 25, UFUS 33, UFUS 43, UFUS 1, UFUS 40, UFUS 24, UFUS 48, UFUS 17, UFUS 41, UFUS 32, UFUS 2, UFUS 22, UFUS 27, UFUS 36, UFUS 13, UFUS 29, BRS 7380 RR, UFUS 47, UFUS 19, UFUS 38, UFUS 7, UFUS 8, UFUS 28, UFUS 35, UFUS 14, UFUS 26, UFUS 21, UFUS 37, UFUS 46
II	UFUS 4, UFUS 55, UFUS 5
III	UFUS 16, UFUS 42, UFUS 39
IV	UFUS 45
V	UFUS 44
VI	UFUS 20
VII	UFUS 3
VIII	UFUS 52

Pode-se observar que ainda que haja tais similaridades entre os dois métodos de agrupamento por distância genética, há pontos de discordância entre ambos, no agrupamento

de Tocher o genótipo UFUS 16, pertencente ao grupo III, apresenta uma distância significativa da grande maioria dos genótipos, presentes no grupo I, o que não acontece no dendrograma, onde UFUS 16 faz parte do grupo I, que possui a maior parte da diversidade. Isto ocorre também com os genótipos UFUS 20 e UFUS 3, esta divergência entre os agrupamentos realizados por ambos os métodos pode ocorrer pela avaliação diferentes das médias entre os 8 caracteres avaliados, onde cada caracter contribui de forma diferente para a dissimilaridade genética entre todos os genótipos.

Com relação a essa distância entre os genótipos e sua caracterização em grupos, foi possível determinar quais, entre as 8 características avaliadas, foram as que contribuíram mais para a divergência; A característica que mais contribuiu foi o comprimento do epicótilo, com um valor de 18,26%, seguido do comprimento do pecíolo da primeira folha unifoliolada com 15,32% e o comprimento do primeiro internódio com 15,82%, da mesma forma, as características que menos contribuíram foram as relacionadas a folha unifoliolada, com valores inferiores a 7% (TABELA 5), o que era esperado considerando aos valores obtidos na ANOVA.

TABELA 5 – Contribuição relativa dos caracteres avaliados para a divergência genética constatada pelo método de dissimilaridade distância de Mahalanobis

CONTRIBUIÇÃO RELATIVA DOS CARACTERES PARA DIVERGÊNCIA - SINGH(1981).		
Cálculo feito com médias não padronizadas		
VARIÁVEL	S.j	VALOR(%)
CH	1955,10	13,69
CE	2607,60	18,26
CPFU	2187,56	15,32
CP1FT	2013,23	14,10
RIFT	1485,31	10,40
CIIN	2259,07	15,82
DLE-DLD	810,43	5,67
LARGURA	963,73	6,75

Considerando que as características com maior contribuição para a divergência genética entre os genótipos avaliados foram CE, CPFU e C1IN, podemos inferir a importância desses caracteres na avaliação de genótipos e na predição de resultados obtidos durante o processo do melhoramento, já que são características avaliadas durante os estádios V2-V3, ainda durante a fase vegetativa, já é possível avaliar a dissimilaridade entre os genótipos presentes, corroborando com os resultados obtidos por NOGUEIRA et al. (2008).

6 CONCLUSÕES

Detectou-se a existência de variância genética para os caracteres CE, CPFU, CP1FT e C1IN, indicando a possibilidade deles serem úteis para discriminar genótipos de soja.

A dissimilaridade genética entre os 55 genótipos de soja oscilou de 0,91 a 43,11. Pela diversidade genética foi possível dividir os 55 genótipos em grupos distintos e foi possível indicar as seguintes hibridações.

As cultivares BMX Desafio RR e a BRS 7380 RR, que possuem resistência à nematoide das galhas (*Meloidogyne javanica* e *Meloidogyne incognita*), poderiam ser cruzadas com o genótipo progênie UFUS 52, que possui a maior distância geral e compoendo unicamente um grupo genético.

Da mesma forma a Cultivar TMG 1179 RR que também possui resistência à nematóide das galhas poderia ser utilizada como progenitor com os genótipos UFUS 5 e UFUS 44.

7 REFERÊNCIAS

- ALBUQUERQUE, J.R.T et al. Influence of genotypic environment interaction on soybean (*glycine max.L*) genetic divergence under semiarid conditions. **Revista de la Facultad de ciencias agrarias – UNCuyo** | Tomo 54-1. 2022
- ALVES, G.F. et al. Stability of the hypocotyl length of soybean cultivars using neural networks and traditional methods. **Ciência Rural, Santa Maria**, V.49:03, e20180300, 2019
- BARROSO, L.P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 151p. 2003
- BASTIAANSE, H.; ZINKGRAF, M.; CANNING, C.; TSAI, H.; LIEBERMAN, M.; COMAI, L.; HENRY, I.; GROOVER, A. A comprehensive genomic scan reveals gene dosage balance impacts on quantitative traits in Populus trees. **Proceedings of National Academy Science of United States America**. 16: 13690-13699. 2019 DOI: 10.1073/pnas.1903229116.
- BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.12, p.279-286, 2006.
- BEYENE, D. G., & JALATA, Z. Diversity of soybean (*Glycine max L.*) genotypes based on agromorphological parameters. **Journal of Pure and Applied Agriculture**, 7(2), 30-37. 2022
- BEZERRA, A.R.G.; et al. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) Soja: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, 2015, p. 09-26. BORÉM, A. (Ed.) Soja: do plantio à colheita. UFV, Viçosa, p. 09-26. 2015
- BRASIL. Ministério da Agricultura e do Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de soja (*Glycine max*) para inscrição no registro nacional de cultivares - RNC** Disponível em: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/sementes-e-mudas/registro-nacional-de-cultivares-2013-rnc-1/valor-de-cultivo-e-uso-2013-vcu> >. Acesso em: 18 jun. 2023.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. Oficina de Textos, 2021.
- CAMARGOS, T.V.C.; CAMPOS, N.S.; ALVES, G.F.; FERREIRA, S.C; MATSUO, E. The effect of soil volume, plant density and sowing depth on soybean seedlings characters. **Agronomy science and biotechnology**, Volume 5, Issue 2, pages 47-48, 2019.
- 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** 15: 1-13. 2016
- CECCARELLI, S. et al. **Plant breeding and farmer participation**. Roma: Fao, 2009. 671 p. Relatório da FAO. Disponível em: . Acesso em: 06 jan. 2023.
- CEPEA. PIB do agronegócio. Disponível em: <<http://www.cepea.esalq.usp.br/pib/>>. Acesso em: 05 jul. 2022.

CHAVES, M. V. A., SILVA, N. S., SILVA, R. H. O., JORGE, G. L., SILVEIRA, I. C., MEDEIROS, L. A., HAMAWAKI, C. D. L., MEDEIROS, L. A., HAMAWAKI, R. L., HAMAWAKI, O. T., & NOGEUIRA, A. P. O. Genotype x environment interaction and stability of soybean cultivars for vegetative-stage characters. **Genetics and Molecular Research**, 16 (3), 1–10, 2017. doi: <https://doi.org/10.4238/gmr16039795>

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. AgroConab, Brasília, DF, v. 3, n. 1, jan./2023

CRUZ C. D.; CASTOLDI F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.38 n.219 p. 422-430, 1991.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. v. 1, 3 ed., Viçosa: UFV, 480p. 2004.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

CRUZ, C. D. Genes Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

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

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

CUI, Z.; CARTER, J.T.E.; BURTON, J.W. **Genetic base of 651 Chinese soybean cultivars released during 1923 to 1995**. *CropSci*40:1470-1481. 2000a

DIAS, S.H.B. et al. Repeatability analysis on morphological descriptors in the early stages of development. **African Journal of Agricultura Research**, V. 12(30), P 2442-2451, 27 julho, 2017

EMBRAPA. Base Genética: **Um patrimônio Nacional**. Disponível em: < Base genética - Portal Embrapa >. Acesso em: 06 jan. 2023.

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

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of United Nations. Disponível em: < <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QV> > Acesso em: 15/06/2023

FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. Stages os soybean development. AMES: Iowa State **University of Science and Technology**, 110. 1977

FOLLMANN., et al. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. **Plant Breeding**. V. 78, n. 2, p.197-207, 2019.

FPA, Frente Parlamentar para a Agropecuária. Importância da Soja para o Brasil. 5 de novembro, 2021. Disponível em: < Importância da Soja para o Brasil - FPA (fpagropecuaria.org.br)>. Acesso em: 06 jan. 2023.

GAZZONI, D. L. **A Soja no Brasil é movida por inovações tecnológicas.** Universidade Estadual de Campinas – Unicamp. Setembro. 2018 <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>

GONTIJO, W.D.R.; SOUSA, P.H.S.; MATSUO.E.; RESENDE. J.C.; BARROS. P.H.F.C.; BOMTEMPO.G.L. Epicotyl length in seedlings of soybean cultivars subjected to reduced inter-row spacing. **Agronomy Science and Biotechnology**, Rec. 132, Volume 7, pages 1-7, 2021.

HANYU, J.; FERREIRA, S.C.; CECON, P.R.; MATSUO, E. Genetic parameters estimate and characters analysis in phenotypic phase of soybean during two evaluation periods. **Agronomy Science and Biotechnology**, V.6, P 1-12, 2020

HIRAKURI, M.H.; LAZZAROTTO, J.J. O agronegócio da Soja nos contextos mundial e brasileiro. **EMBRAPA Soja**, Junho, 2014.

JANDONG, E. A.; UGURU, M. I.; OKECHUKWU, E. C. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for agronomic and yield traits in soybean (*Glycine max L.*). **Academic Journals**. V19, n. 4, p. 201-206, 2020.

JUNIOR, J.A.F.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ESPÍNDOLA, S.M.C.G.; VIANNA, V.F.; MAURO, A.O.D. Genetic diversity in advanced soybean strains derived from biparental, four-way and eight-way crosses. **Revista Ciência Agrônômica**, Junho, 2015

JUNIOR, R.M. et al. Use of milimeter ruler as an alternative tool i the phenotyping of potencial descriptors os soybean. **African Journal of Agricultura Research**, V.13(28), P 1425-1429, 12 Julho, 2018.

KACHARE, S.; TIWARI, S.; TRIPATHI, N.; THAKUR, V. V. Assessment of Genetic Diversity of Soybean (*Glycine max*) Genotypes Using Qualitative Traits and Microsatellite Markers. **Agric. Res.**, v. 9, n. 1, p. 23-34, 2020.

KHAN, N.A.; ISLAM, M.S.; BHUIYAN, S.H.; HASAN, K.M.M.; HASAN, M.K. Evaluation os yield contributing characters and cluster analisys of soybean genotypes. **Algerian Journal os Biosciences**, 2022.

KARASAWA, M. et al. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.1000-1005, 2005.

LEITE WDS, Unêda-Trevisoli SH, Silva FMD, Silva AJD, Mauro AOD. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciência Agrônômica** 49:491-500, 2018.

LEITE, et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de Soja. **Comunicata Scientiae**, v.7, n.3, p.302-310,

outubro, 2016.

MAHALANOBIS, P.C. On the generalised distance in statistics. **Proceedings of the National Institute of Sciences of India**. 2 (1): 49–55, 1936.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Registros e Autorizações: Formulários para Proteção de Cultivares. Brasília. 2022. Disponível em: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protacao-de-cultivar/formularios-para-protacao-de-cultivares> >. Acesso em: 14 de Fevereiro, 2023.

MATSUO, E., SEDIYAMA, T., CRUZ, C. D., OLIVEIRA, R. C. T., & CADORE, L. R. Estimates of the genetic parameters, optimum sample size and conversion of quantitative data in multiple categories for soybean genotypes. **Acta Scientiarum Agronomy**, 34 (3), 265-273. 2012. doi: <https://doi.org/10.1590/S1807-86212012000300006>

MEDEIROS, G.S. **Estimativa da Diversidade genética entre cultivares de soja baseado em caracteres quantitativos**. Instituto de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – IF Goiano, Janeiro, 2021.

MOJENA, R. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** 20: 359-363. 1977

MOURA, N. B.; CARVALHO, I. R.; HUTRA, D. J.; FURLAN, R. D. P.; MALLMANN, G.; STASIAK, G.; MACIEL, D. G.; MELO, W. L. F.; LOPES, P. F.; LAUTENCHLEGER, F. Quali-quantitative genetic dissimilarity of soybean. **Functional Plant Breeding Journal**, v. 3, n. 1, 2021.

MURARO, FELIPE. **Divergência genética entre cultivares de soja através do marcador molecular AFLP**. Universidade Estadual de Ponta Grossa / Departamento Fitotecnia e Fitossanidade, 2019.

NETO, A.A.O. **A produtividade da Soja: Análise e Perspectivas**. Superintendência de informações do agronegócio, Diretoria de Política Agrícola e Informações, v. 10, 2017.

NETO, F. A.; TAVARES, S. O.; LEITE, W. S.; SILVA, J. A. L.; FILHO, C. H. A. M.; GRAVINA, F. A. Grain yield, adaptability and stability of soybean genotypes in different Cerrado environments of Piauí, Brazil. **Comunicata Scientiae**, v. 9, n. 2, p. 226-234, 2018. <https://doi.org/10.14295/cs.v9i2.2674>

NEUMAIER, N; NEPOMUCENO, A.L; FARIAS, J.R.B; OYA, T. Estádios de Desenvolvimento da Cultura de Soja. **EMBRAPA**, 2000

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, ; B.; HAMAACKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; JANGARELLI. M.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise

discriminante. **Ciência Rural**, v. 38, n. 9, 2008.

ODA, M.C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G.; FERREIRA, M.F.S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, V.1, P 1-9, 2015

OLIVEIRA, V. M . et al. Selection for wide adaptability and high phenotypic stability of Brazilian soybean genotypes. **Genetics and molecular research: GMR**, v. 15, n. 1, 2016.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; ARANTES, N.E.; CONTEL, E.P.B. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genet Mol Biol** 25:185-193. 2002

PRIOLLI, et al. **Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no brasil**. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.39, n.10, p.967-975, out. 2004

PRIOLLI, R.H.G.; PINHEIRO, J.J.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of biology and Technology**. V. 53, n. 3,p. 519-531, 2010.

RAHAMA, M.A.; SARKAR, A.; MODAK, S.; HASAN, M.M.; ZEBA, N. Genetic diversity of agro-morphogenic traits in soybean (*Glycine max L. Merr*). **Asian Journal of Biochemistry, Genetic and Molecular Biology**, V.12, P. 37-47, October 2022

ROSA, D. P. **Diversidade fenotípica e molecular e relações entre caracteres de soja adaptada às regiões sul, centro-oeste, norte e nordeste**. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro, 2017.

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B. Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F2 de soja no Distrito Federal, Brasil. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 14, n.1, 2019. DOI: <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>

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

SILVA, F. C. S., SEDIYAMA, T., SILVA, A. F., BEZERRA, A. R. G., ROSA, D. P., FERREIRA, L. V., & CRUZ, C. D. Identification of new descriptors for differentiation of soybean genotypes by Gower algorithm. **African Journal of Agricultural Research**, 11 (11), 961–966. 2016. doi: <https://doi.org/10.5897/ajar2015.10158>

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

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

SONG, Q.J.; MAREK, L.F.; SCHOEMAKER, R.C.; LARK, K.G.; CONCIBIDO, V.C.; DELANNAY, X.; SPECHT, J.E.; CREGAN, P.B. A new integrated genetic linkage map of soybean. **Theoretical and Applied Genetic**, v. 109,0. 122-128, 2004.

SOUZA, A.L. **Componentes Principais, Variáveis Canônicas e Correlações Canônicas.** Manejo Florestal – DEF/UFV , p.26. 2014.

STÜLP, V. J.; PLÁ, J. A. **Estudo do setor agroindustrial da soja.** Porto Alegre: UFRGS, 168 p. 1992.

TEIXEIRA, F.G.; HAMAWAKI, O.T.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C.L.; MACHADO, B.Q.V.; SANTANA, A.J.O. Genetic parameters and selection of soybean lines base do selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017b.DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

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

URBEN FILHO, G.; SOUZA, P. I. de M. de. **Manejo da cultura da soja sob cerrado: época, densidade e profundidade de semeadura.** In: ARANTES, N.E.; SOUZA, P.I. de M. de (Ed.). Cultura da soja nos cerrados. Piracicaba: Potafos, p.267-298. 1993.

VAL, B.H.P.; DA SILVA, F.M.; BIZARI, E.H., LEITE, S.W.; GROLI, E.L.; PEREIRA, M.E. et al. Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. **African Journal of Biotechnology** 8: 328-336, 2017.

VALLIYODAN, B.; YE, H.; SONG, L.; MURPHY, M.; SHANNON, J.G.; NGUYEN, H.T. Genetic diversity and genomic strategies for improving drought and waterlogging tolerance in soybeans. **Journal os Experimental Botany**, V.68, 1 april, 2017

VIEIRA JUNIOR, P. A.; VIEIRA, A. C. P.; BUAINAIN, A. M.; LIMA de, F.; CAPACLE, V. H. **Análise da governança da cadeia da soja.** In: CONGRESSO BRASILEIRO DE ECONOMIA E SOCIOLOGIA RURAL, 44., 2006, Fortaleza. **Anais...**, Fortaleza: SOBER, 2006. 1 CD-ROM.

VILLELA, O.T.; TREVISOLI, S.H.U.; SILVA, F.M.; JUNIOR, L.S.B.; MAURO, O.D. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**. Vol. 13(26), pp. 2613-2625, 25 June, 2014.

VOLPATO, L., ALVES, R. S., TEODORO, P. E., VILELA DE RESENDE, M. D., NASCIMENTO, M., NASCIMENTO, A. C. C., LUDKE, W. H.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. **Multi-trait multi-environment models in the genetic selection of segregating soybean progeny.** PloS one, v. 14, n. 4, p. e0215315, 2019. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215315>

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

XAVIER, A.; MUIR, W.M.; RAINEY, K.M. **Assessing predictive properties of genome-wide selection in soybeans.** G3: Genes, Genomes, Genetics, 6:2611-2616. 2016

YAMANAKA N.; SATO H.; YANG Z.; XU D.H.; CATELLI L.L.; BINNECK E.; ARIAS C.A.A.; ABDELNOOR R.V.; NEPOMUCENO A.L. Genetic relationships between Chinese, Japanese, and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. **Genet Mol Biol** 30:85-88. 2007

Xu, Y., WANG, C., ZHANG, R., MA, C., DONG, S., & GONG, Z. The relationship between internode elongation of soybean stems and spectral distribution of light in the canopy under different plant densities. **Plant Production Science**, v. 24, n. 3, p. 326-338, 2021.

ZAFAR, S.A.; ASLAM, M.; KHAN, H.Z.; SAWAN, S.; REHMAN, R.S. et al. Estimation of genetic divergence and character association studies in local and exotic diversity panel of soybean (*Glycine max L.*) genotypes. **International Journal of Experimental Botany**, 29 january, 2023

ZUFFO, et al. Correlações e análises de trilha em cultivares de soja cultivadas em diferentes densidades de plantas. **Cultura Agrônômica**, Ilha Solteira, v.27, n.1, p.78-90, outubro, 2018.