



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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS,
CORRELAÇÕES E DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES F3 E F4 DE SOJA**

Aluna: Suelen Oliveira Arantes

Orientadora: Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Co-orientadora: Profa. Dra. Polianna Alves Silva Dias

UBERLÂNDIA – MG

2022



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

**ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS,
CORRELAÇÕES E DIVERSIDADE GENÉTICA EM PROGÊNIES F3 E F4 DE SOJA**

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

Aluna: Suelen Oliveira Arantes

Orientadora: Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

Co-orientadora: Profa. Dra. Polianna Alves Silva Dias

UBERLÂNDIA – MG

2022

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

A662e Arantes, Suelen Oliveira, 1984-
2022 Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, correlações e diversidade genética em progênies F3 e F4 de soja [recurso eletrônico] / Suelen Oliveira Arantes. - 2022.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.

Coorientadora: Polianna Alves Silva Dias.

Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica.

Modo de acesso: Internet.

Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2023.8064>

Inclui bibliografia.

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

CDU: 575

André Carlos Francisco
Bibliotecário - CRB-6/3408



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



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Genética e Bioquímica				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico/PPGGB				
Data:	Trinta de maio de dois mil e vinte e dois	Hora de início:	15:15h	Hora de encerramento:	15:45h
Matrícula do Discente:	11922GBI012				
Nome do Discente:	Suelen Oliveira Arantes				
Título do Trabalho:	Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, correlações e análise de diferentes estratégias de seleção em progênies F3 e F4 de soja.				
Área de concentração:	Genética				
Linha de pesquisa:	Genética, Epigenética, Biologia e Melhoramento de Plantas e Animais.				
Projeto de Pesquisa de vinculação:	Desenvolvimento e validação de técnicas de inteligência artificial para seleção de genótipos de soja resistentes a Ferrugem Asiática por fenotipagem por imagem.				

Aos trinta dias do mês de maio de dois mil e vinte e dois, às 15:15 horas, reuniu-se via web conferência pela plataforma *Cisco Webex*, pela Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Genética e Bioquímica, assim composta: Professores Doutores: Ana Paula Oliveira Nogueira (Orientadora), Gustavo da Silveira e Osvaldo Toshiyuki Hamawaki. A participação dos dois últimos se deu por epístola. Iniciando os trabalhos o (a) presidente Dr (a). Ana Paula Oliveira Nogueira apresentou a Comissão Examinadora e o candidato(a), agradeceu a presença dos participantes, e concedeu ao Discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do Discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa. A seguir o senhor(a) presidente procedeu a leitura das epístolas enviadas pelos membros da banca. Em seguida os membros presentes, passaram a arguir o(a) candidato(a). Ultimada a leitura das epístolas e a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando o(a) candidato(a):

(A) PROVADO.

Esta defesa de Dissertação de Mestrado é parte dos requisitos necessários à obtenção do título de Mestre. O competente diploma será expedido após cumprimento dos demais requisitos, conforme as normas do Programa, a legislação pertinente e a regulamentação interna da UFU. Nada mais havendo a tratar foram encerrados os trabalhos. Foi lavrada a presente ata que após lida e achada conforme foi assinada pela Banca Examinadora.

Documento assinado eletronicamente por **Ana Paula Oliveira Nogueira, Professor(a) do Magistério Superior**, em 30/05/2022, às 16:12, 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 **Gustavo da Silveira, Usuário Externo**, em 31/05/2022, às 18:46, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Tosiuyuki Hamawaki, Professor(a) do Magistério Superior**, em 03/06/2022, às 10:44, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0, informando o código verificador **3563233** e o código CRC **F5397C59**.

DEDICO

Ao meu amado esposo Leandro, por todo o amor, carinho e parceria ao longo de todos esses anos juntos, e por não poupar esforços para que esse meu projeto de mestrado se tornasse realidade.

OFEREÇO

Aos meus amados: Pais Lúcia e Ecy, irmã Luciana, cunhado Adriel, sogros Magna e Luiz Paulo, pela ajuda, amor e orações para que eu nunca desistisse ao longo de minha caminhada profissional.

AGRADECIMENTOS

À Deus, pelo privilégio de estar viva, com saúde e em paz;

À Nossa Senhora de Fátima, minha protetora, que nunca me deixou sozinha nos momentos de dificuldade ao longo da caminhada;

Ao Leandro, meu esposo, por ser a pessoa mais incrível do mundo e estar sempre ao meu lado;

À minha família e à família do meu esposo, pelas orações e carinho;

Às professoras Dra. Ana Paula e Dra. Polianna, pela amizade, orientação, atenção, suporte e ensinamentos transmitidos;

Aos membros da banca examinadora, Dr. Osvaldo e Dr. Gustavo, pela disponibilidade de participação e contribuição na melhoria do meu trabalho;

Aos alunos de pós-graduação Fábio e Douglas que contribuíram muito para realização desta pesquisa;

A Livia Gabriela e a Bárbara pela grande ajuda nas avaliações de campo;

Ao Eric Vinicius e Camila pela ajuda com as análises estatísticas;

Aos amigos Borges e Francisco, funcionários do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, e toda equipe da Fazenda Capim Branco, pela atenção e ajuda durante a condução do meu experimento;

Ao Dr. Vanderlei Varisi, melhorista e meu gestor na empresa BASF, pelos ensinamentos, apoio e incentivo para que eu não desistisse de fazer o mestrado, mesmo após 10 anos da minha graduação;

Ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Bioquímica, ao Programa de Melhoramento Genético de Soja e à Universidade Federal de Uberlândia, pelo suporte acadêmico, pela oportunidade de realizar o curso de Mestrado, pelas instalações e serviços prestados;

A Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo fornecimento da bolsa de estudos, durante quase um ano;

A todas as pessoas que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho e para minha formação profissional.

A todos, meu sincero MUITO OBRIGADA!

“Não há inteligência alguma, nem conhecimento algum, nem estratégia alguma
que consiga opor-se a vontade do Senhor.”
(PROVÉRBIOS, 21:30)

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1. Descrição das progênies utilizadas como genitores e como testemunhas do experimento para avaliação de 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas na safra 2020/2021 em Uberlândia/MG.	37
Tabela 2. Progênies avaliadas no experimento, e suas respectivas populações de origem, cultivadas na safra 2020/2021 em Uberlândia/MG.....	38
Tabela 3. Análises químicas do solo da área experimental na camada de 0-20 cm, e 20-40 cm, Uberlândia/MG, safra 2020/2021.....	40
Tabela 4. Defensivos agrícolas e fertilizantes foliares aplicados durante a condução do experimento em Uberlândia/MG, safra 2020/2021.....	41
Tabela 5. Estimativa de dissimilaridade genética entre 68 genótipos de soja na fase V2, pela Distância generalizada de Mahalanobis (D^2).....	53
Tabela 6. Agrupamento de progênies de soja F3 e F4 no estágio vegetativo (V2) pelo método de otimização de Tocher	56
Tabela 7. Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas para 68 genótipos de soja avaliados no estágio vegetativo (V2).....	59
Tabela 8. Contribuição relativa de caracteres agronômicos em 68 genótipos de soja caracterizados no estágio vegetativo (V2), conforme o critério de Singh (S.j.) (1981).....	62
Tabela 9. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos associados a 12 caracteres agronômicos de progênies F3 e F4 de soja cultivadas em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.	64
Tabela 10. Correlações genotípicas (r_g) e fenotípicas (r_f) entre doze caracteres agronômicos, avaliados em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.	70
Tabela 11. Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção direta (GSD) e indireta (GSI), para diferentes caracteres agronômicos, a uma proporção de seleção (PS) ² / de 25%, em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.	74
Tabela 12. Definição dos pesos econômicos com base na variabilidade genética conforme sugerido por Cruz (1990), em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.	77
Tabela 13. Estimativa de ganhos genéticos esperados pela seleção pelos Índices Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) e Mulamba & Mock (1978) (M&M e M&M2), em diferentes caracteres agronômicos, para 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.	78
Tabela 14. Progênies selecionadas com uma proporção de seleção (PS) de 25%(*), pelos métodos de Seleção Direta (SD) para aumento de produtividade, pelo Índice Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), e pelo Índice da Soma de	

“Ranks” de Mulamba & Mock (1978) (M&M) e Índice da Soma de “Ranks” de Mulamba & Mock (1978) (M&M2) com a não definição dos pesos econômicos, em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas em Uberlândia/MG na safra 2020/2021..80

SUMÁRIO

RESUMO	11
ABSTRACT	13
1. INTRODUÇÃO	15
1.1. A cultura da Soja: Breve histórico, situação atual e perspectivas para o Brasil	15
1.2. Botânica, morfologia e desenvolvimento da cultura da soja.....	18
1.3. Avaliação da diversidade genética entre genótipos de soja com base em caracteres fenotípicos da fase vegetativa	19
1.4. Melhoramento genético aplicado à cultura da soja	24
1.5. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos	25
1.6. Processo seletivo através da utilização da metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP).	28
1.7. Correlação no melhoramento genético da soja	31
1.8. Estratégias de seleção para obtenção de ganhos genéticos e avanço de progênes superiores.....	32
2. OBJETIVOS	35
3. MATERIAL E MÉTODOS	36
3.1. Caracterização da área experimental	36
3.2. Caracterização do material genético.....	37
3.3. Esquema experimental	38
3.4. Instalação do Experimento.....	39
3.5. Manejo Fitossanitário	40
3.6. Avaliações fenotípicas na fase vegetativa	41
3.6.1. Estádio V2 (Vegetativo).....	41
3.6.2. Avaliações dos caracteres agronômicos nos estádios R1 (Florescimento) e R8 (Maturação).....	42
3.7. Estabelecimento dos critérios de seleção	43
3.8. Análises genéticas do estágio V2	44
3.8.1. Distância Generalizada de Mahalanobis	44
3.8.2. Método de otimização de Tocher	45
3.8.3. Método Hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA).....	46
3.8.4. Variáveis canônicas.....	46
3.8.5. Importância relativa dos caracteres.....	48

3.9.	Análises genético estatísticas dos caracteres agronômicos	48
3.10.	Estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos.....	49
3.11.	Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica .	50
3.12.	Estimativas dos índices de seleção.	51
3.13.	Estimativa do ganho esperado com a seleção direta	52
3.14.	Estimativa do ganho esperado com a seleção indireta.....	52
3.15.	Estimativa do ganho esperado por meio dos índices de seleção	53
4.	RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
4.1.	Estádio V2.....	53
4.1.1.	Distância generalizada de Mahalanobis	53
4.1.2.	Método de otimização de Tocher	56
4.1.3.	Método de agrupamento UPGMA	57
4.1.4.	Método das variáveis canônicas	59
4.1.5.	Dissimilaridade genética.....	61
4.2.	Caracteres Agronômicos.....	62
4.2.1.	Parâmetros genéticos e fenotípicos	62
4.2.2.	Precisão experimental	67
4.2.3.	Herdabilidade	68
4.2.4.	Correlações genéticas e fenotípicas	69
4.2.5.	Ganhos com a seleção direta e indireta	72
4.2.6.	Ganhos por meio dos Índices de Seleção	76
4.2.7.	Seleção das progênies superiores	79
5.	CONCLUSÕES	82
6.	REFERÊNCIAS	83

RESUMO

No mercado global de *commodities* agrícolas, a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é a principal oleaginosa cultivada no mundo. O Brasil na safra 2019/2020 passou a ser o maior produtor e exportador mundial de grãos desta espécie. O estudo da diversidade genética é uma forma preditiva para a escolha de genitores, e a obtenção das estimativas de parâmetros genéticos permite o melhorista analisar estratégias de seleção e prever os ganhos de seleção, auxiliando por consequência na identificação e seleção de genótipos superiores. Assim, objetivou-se com este estudo identificar grupos de genótipos de soja com base em caracteres da fase vegetativa visando selecionar genitores para hibridação artificial em soja e indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados para a dissimilaridade genética; estimar parâmetros genéticos e fenotípicos, avaliar a associação entre caracteres agronômicos via correlações fenotípicas e genotípicas, analisar estratégias de seleção via seleção direta e índices de seleção e selecionar progênies superiores. O experimento foi conduzido em campo na fazenda experimental Capim Branco pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), em delineamento de blocos completos ao acaso (DBC), com três repetições. Foram avaliados seis caracteres fenotípicos durante a fase vegetativa (V2) da cultura: Comprimento de hipocótilo (CH), comprimento de epicótilo (CE), comprimento do primeiro internódio (CI), Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU), comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliada (CPFT), altura de planta (APV), e doze caracteres agronômicos: número de dias para o florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de nós na haste principal no florescimento (NNF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), número de nós na haste principal na maturidade (NNM), número de nós produtivos na maturidade (NNPM), número de vagens por planta (NVP), altura da inserção da primeira vagem (AIV), acamamento (ACM), produção de grãos por planta (PGP), produtividade de grãos em kg ha⁻¹ (PROD). Os dados obtidos no estádio V2 foram analisados com o auxílio do *software* GENES, e a diversidade genética entre as progênies foi estimada pelos métodos: otimização de Tocher, UPGMA e variáveis canônicas. Os caracteres agronômicos foram avaliados com o auxílio do *software* R, via abordagem de modelos mistos (REML/BLUP), em que foram estimados os parâmetros genéticos e fenotípicos, as correlações fenotípicas e genotípicas, os índices de seleção, ganho com a seleção direta, indireta e por meio de índices de seleção (Clássico, Soma de "Ranks" - M&M e Soma de "Ranks" com a não definição dos pesos econômicos - M&M2). Os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103 apresentam maior dissimilaridade genética em relação aos demais, e PMGS_UFU100 e PMGS_UFU104 são genótipos muito similares. Em contrapartida os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103 mostram-se bastante divergentes dos demais, mostrando ser importantes recursos genéticos para explorar a máxima heterose em futuros cruzamentos. Apesar dos métodos de Tocher, UPGMA e Variáveis canônicas não corroborarem nos agrupamentos, eles são eficientes para representar a diversidade genética, sendo CE a característica que mais contribui para a o estudo da diversidade genética em germoplasma de soja na fase vegetativa. Para os caracteres agronômicos detectou-se existência de variabilidade genética pelo teste de verossimilhança, aos níveis de 0,01% e 0,001%

para todos os caracteres analisados e as estimativas de herdabilidade oscilaram de 0,48 a 0,96, evidenciando condições favoráveis para o processo seletivo. O caráter PGP apresenta correlação positiva e de alta magnitude com os caracteres NNM, NNPM e NVP, indicando que a seleção sobre estes caracteres pode contribuir indiretamente para o aumento de PGP. NDM também apresentou correlação positiva e de alta magnitude com os caracteres NNM, NNPM e NVP, indicando que a seleção visando precocidade (reduzir NDM) pode ocasionar quedas na média destes caracteres. O índice da soma de “ranks” com a não definição dos pesos econômicos mostra ser a melhor estratégia de seleção, e as progênies selecionadas por este índice foram escolhidas para avançar no programa de melhoramento, que são: PMGS_UFU004, PMGS_UFU007, PMGS_UFU009, PMGS_UFU011, PMGS_UFU017, PMGS_UFU018, PMGS_UFU019, PMGS_UFU021, PMGS_UFU022, PMGS_UFU025, PMGS_UFU028, PMGS_UFU029, PMGS_UFU076, PMGS_UFU094.

Palavras chave: Glycine max, diversidade genética, correlação, ganho de seleção.

ABSTRACT

In the global market for agricultural commodities, soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] is the main oilseed crop grown in the world. In the 2019/2020 season, Brazil became the world's largest producer and exporter of grains of this species. The study of genetic diversity is a predictive way to choose parents, and obtaining estimates of genetic parameters allows breeders to analyze selection strategies and predict selection gains, consequently helping to identify and select superior genotypes. Thus, the objective of this study was to identify groups of soybean genotypes based on characters from the vegetative stage, in order to select parents for artificial hybridization in soybean and to indicate the relative contribution of the evaluated characters to genetic dissimilarity; estimate genetic and phenotypic parameters, evaluate the association between agronomic traits via phenotypic and genotypic correlations, analyze selection strategies via direct selection and selection indices, and select superior progenies. The experiment was conducted in the field at the Capim Branco experimental farm belonging to the Federal University of Uberlândia (UFU), in a randomized complete block design (RCB), with three replications. Six phenotypic characters were evaluated during the vegetative phase (V2) of the crop: hypocotyl length (CH), epicotyl length (CE), first internode length (CI), unifoliate leaf petiole length (CPFU), petiole length of the first trifoliate leaf (CPFT), plant height at vegetative stage (APV), and twelve agronomic characters: number of days to flowering (NDF), plant height at flowering (APF), number of nodes on the main stem at flowering (NNF), number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (APM), number of nodes on the main stem at maturity (NNM), number of productive nodes at maturity (NNPM), number of pods per plant (NVP), first pod insertion height (AIV), lodging (ACM), grain yield per plant (PGP), grain yield in kg ha⁻¹ (PROD). The data obtained at the V2 stage were analyzed using the GENES software, and the genetic diversity among the progenies was estimated using the methods: Tocher optimization, UPGMA and canonical variables. The agronomic traits were evaluated with the aid of the R software, via the mixed models approach (REML/BLUP), in which the genetic and phenotypic parameters, phenotypic and genotypic correlations, selection indices, gain from direct selection, indirectly and through selection indices (Classic, Sum of "Ranks" - M&M and Sum of "Ranks" with no definition of economic weights - M&M2). The PMGS_UFU081 and PMGS_UFU103 genotypes show greater genetic dissimilarity in relation to the others, and PMGS_UFU100 and PMGS_UFU104 are very similar genotypes. On the other hand, the PMGS_UFU081 and PMGS_UFU103 genotypes are quite different from the others, proving to be important genetic resources to explore maximum heterosis in future crosses. Despite the methods of Tocher, UPGMA and Canonical Variables not corroborating the groupings, they are efficient to represent the genetic diversity, with CE being the characteristic that most contributes to the study of genetic diversity in soybean germplasm in the vegetative phase. For the agronomic traits, the existence of genetic variability was detected by the likelihood test, at levels of 0, 01% and 0,001% for all analyzed traits and the heritability estimates ranged from 0,48 to 0,96, evidencing favorable conditions for the selection process. The PGP character presents a positive and high magnitude correlation with the NNM, NNPM and NVP characters, indicating that the selection on these characters can indirectly contribute to the increase of PGP. NDM also showed a positive correlation of high

magnitude with the characters NNM, NNPM and NVP, indicating that selection aiming at precocity (reducing NDM) can cause decreases in the average of these characters. The index of the sum of "ranks" with the non-definition of economic weights proves to be the best selection strategy, and the progenies selected by this index were chosen to advance in the breeding program, which are: PMGS_UFU004, PMGS_UFU007, PMGS_UFU009, PMGS_UFU011, PMGS_UFU017, PMGS_UFU018, PMGS_UFU019, PMGS_UFU021, PMGS_UFU022, PMGS_UFU025, PMGS_UFU028, PMGS_UFU029, PMGS_UFU076, PMGS_UFU094.

Keywords: Glycine max, genetic diversity, correlation, selection gain.

1. INTRODUÇÃO

1.1. A cultura da Soja: Breve histórico, situação atual e perspectivas para o Brasil

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das mais importantes *commodities* do mercado internacional, sendo o principal grão cultivado no Brasil e no mundo (TANCREDI et al., 2021). Essa presença em diversos setores numa escala mundial se deve ao fato dessa cultura ser uma excelente fonte de óleo e proteína vegetal, com teores em torno de 20 e 40% respectivamente (SILVA et. al., 2017).

A soja tem centro de origem no nordeste da China (entre 45° e 50° N), latitude que, nas Américas, corresponde ao Sul da Patagônia e, no Hemisfério Norte, corresponde ao Norte dos Estados Unidos da América e Sul do Canadá e seu consumo e comércio foram inicialmente somente na Ásia, e que a China era a maior produtora e o Japão o maior consumidor do grão (GAZZONI, DALL'AGNOLL, 2018). Colwell (2017) afirma que cerca de 70% de toda a soja produzida no mundo era de origem chinesa entre os anos 1909-1913, e na segunda metade do século XX o grão passou a ganhar importância no mercado internacional, tendo seu principal uso como “adubo verde ou planta forrageira”, sendo explorada comercialmente somente posteriormente.

Segundo a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA, 2013), no ano de 1882 a soja foi introduzida no Brasil, no estado da Bahia, acompanhada de outras culturas trazidas da América do Norte e da Europa. Por se tratar de uma planta naturalmente sensível ao fotoperíodo, seu desempenho não foi satisfatório na região Nordeste e sua produção foi desestimulada. Posteriormente, no ano de 1935, a soja começou a ter maior expressão econômica no Rio Grande do Sul, que possuía condições edafoclimáticas semelhantes às do Sul dos Estados Unidos, o que proporcionou boa resposta das cultivares (GAZZONI; DALL'AGNOL, 2018). De acordo com Silva et al. (2021a) a principal finalidade da produção de grãos neste período era a alimentação de suínos.

Em anos posteriores, a produção de soja cresceu muito para a região Centro-Oeste do Brasil, fato este, devido aos incentivos fiscais dados aos produtores rurais para que abrissem novas áreas de plantio. E também fatores

como o regime de chuvas, o menor preço das terras, e as condições físicas do solo nessa região, foram preponderantes para expansão da produção dessa cultura nas décadas de 1960, 1970 e 1980, passando assim a estar amplamente estabelecida nesta região nos dias atuais (GAZZONI; DALL'AGNOL, 2018).

Essa expansão da soja nas regiões de baixas latitudes, que antes eram consideradas inaptas para seu cultivo, foi impulsionada pelo desenvolvimento das cultivares com período juvenil longo, ou seja, a planta de soja não floresce e se desenvolve, mesmo que as condições de fotoperíodo não sejam adequadas, resultando em alta produtividade de grãos (SILVA et al., 2021a)

Essas cultivares de período juvenil longo, também eram mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, mais tolerantes a acidez do solo e a chuva na colheita possibilitando a expansão das fronteiras agrícolas do Cerrado, na década de 1970, e também a incorporação de novas regiões produtivas, como o MATOPIBA (Maranhão, Tocantins, Piauí e Bahia) (SILVA et. al., 2017).

Segundo Shahbandeh (2022) houve um grande aumento da produção mundial desta espécie nos últimos 10 anos, a qual saiu de 273,67 milhões de toneladas de grãos produzidas na safra 2012/2013 para 363,86 milhões de toneladas na safra 2021/2022, o que significa um incremento de 25% na produção desta espécie no mundo, sendo o Brasil considerado um dos principais *players* no mercado internacional de *commodities* agropecuárias, contribuindo significativamente para esse cenário de crescimento.

Os anos de 2020 e 2021 foram extremamente desafiadores para a economia mundial devido a pandemia causada pelo Coronavírus (COVID-19), e a cadeia brasileira do agronegócio foi de extrema importância para que essa grande crise econômica fosse minimizada em nosso país. Hoje o Brasil é um dos principais ofertantes de produtos agrícolas no mercado internacional, tendo a soja como uma das principais fontes geradoras de riqueza para o país (GAIA et al., 2021).

Em uma projeção do Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento (MAPA) realizada no ano de 2015, o Brasil alcançaria na safra 2024/2025 a produção nacional de 126,2 milhões de toneladas do grão. Porém, o que se viu foi uma realidade muito melhor, pois de acordo com Shahbandeh (2022) esta marca foi ultrapassada já na safra 2019/2020, ano em que a produção foi de 128,50 milhões de toneladas de grãos. Considerado um novo recorde, esse número

concedeu ao Brasil o primeiro lugar no mundo em produção e exportação de grãos de soja, ultrapassando os Estados Unidos da América (EUA), o maior produtor até aquele momento.

Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2022), o Brasil, agora reconhecidamente o maior produtor mundial de soja, teve na safra 2021/2022 uma área plantada de cerca de 40,80 milhões de hectares com uma produção de 122,4 milhões de toneladas de grãos.

Nas últimas três safras, o Brasil apresentou uma média de produtividade de grãos de soja de 3.450 kg ha⁻¹, média maior que os EUA que foi de 3.357 kg ha⁻¹ e da Argentina 2.837 kg ha⁻¹, segundo e terceiro colocados respectivamente no ranking mundial de produção (USDA, 2022).

De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2022) houve uma redução de 11,4% na produção de grãos, em relação à safra anterior devido a problemas com déficit hídrico nos estados do Rio Grande do Sul, seguido por Paraná e Mato Grosso do Sul. Porém, a maioria dos outros estados conseguiu produtividades superiores às obtidas na última safra, com destaque para o Piauí, com rendimento positivo de 12,7%.

Em relação às exportações, dados disponibilizados pelo MAPA (2022), mostram que em 2021 o total exportado pelo agronegócio brasileiro resultou em US\$ 120,59 bilhões, alta de 19,7%, em relação ao ano anterior, representando uma participação de 43% do total exportado pelo país, o que segundo o Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (2022), ocasionou um superávit para a balança comercial do agronegócio em US\$ 105,1 bilhões.

De acordo com a Associação Nacional dos Exportadores de Grãos (ANEC, 2022), a cultura da soja tem grande parte nesta conquista do agronegócio nas exportações brasileiras. Segundo eles, as exportações de grãos de soja saltaram nos últimos 10 anos de 32,98 para 87 milhões de toneladas de grãos, sendo a China o maior parceiro comercial, comprando cerca de 70% do total exportado pelo Brasil.

Um relatório feito pelo Instituto de Pesquisa Econômica Aplicada (IPEA, 2022) mostrou que a soja em grãos, principal produto das exportações do agronegócio, apresentou em 2021, aumento de 3,8% em quantidade e 35,2% em

valor diante de 2020. O preço médio por tonelada teve alta de 30,3% se comparado ao ano anterior.

Dentro deste contexto, Coêlho e Ximenes (2020) afirmam que a sojicultura brasileira tem boas perspectivas futuras devido a alguns fatores: 1- uma demanda internacional cada vez maior; 2- o Brasil possuir um clima e solo favoráveis tendo perspectivas de alta de produção de grãos, e com pequena projeção de aumento de área nos próximos anos, o que é resultado do alto grau de profissionalização e de inovação tecnológica do produtor brasileiro; 3- órgãos de pesquisa e de financiamento fomentam a inovação da cadeia produtiva, superando os desafios relacionados a novas pragas, elevação da produtividade de grãos os investimentos necessários.

Apesar das favoráveis perspectivas para o futuro da cadeia produtiva da soja no Brasil, ainda existem muitos entraves em relação à logística de transporte e de armazenamento, em que estradas precárias e as longas distâncias prejudicam o escoamento da produção. Além disso, a ocorrência de veranicos durante a fase de crescimento da planta, problema comum na Bahia, Piauí e no Sul do país, onde a instabilidade climática é maior, ocasionando quebras na produção (COÊLHO e XIMENES, 2020).

Considerando todos esses aspectos, para que a cultura da soja se mantenha com grande participação no agronegócio brasileiro e mundial, é necessário que os esforços sejam contínuos por parte das instituições públicas e empresas privadas, possibilitando que cada vez mais sejam encontradas cultivares adaptadas às diferentes regiões do país, entregando aos produtores altos potenciais produtivos e, conseqüentemente, maior rentabilidade.

1.2. Botânica, morfologia e desenvolvimento da cultura da soja

Para uma correta avaliação dos caracteres da soja, é necessário compreender a morfologia e o desenvolvimento da cultura, dando assim ao melhorista a capacidade de reconhecer as variações entre as cultivares, o que é fundamental para a seleção de plantas com características fenotípicas favoráveis,

buscando os aumentos de produtividade de grãos, o manejo integrado e a preservação ambiental (MATSUO et al., 2017).

A soja é uma planta herbácea da classe Magnoliopsida (Eudicotiledônea), ordem Fabales, família Fabaceae, subfamília Faboideae, gênero *Glycine* L, (SEDIYAMA et al., 2016). Tem sistema radicular constituído de raiz principal e raízes secundárias e apresenta nódulos ligados à epiderme por filamentos, os quais são consequência da presença de bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *B. elkanii* localizadas no seu interior e são capazes de fixar o nitrogênio do ar atmosférico (SEDIYAMA et al., 2016).

A soja possui nas cultivares comerciais predominantemente três tipos de folhas: duas cotiledonares, duas folhas unifoliadas e folhas trifoliadas. As flores são completas, e o fruto é tipo vagem e contém de um a cinco sementes (SEDIYAMA et al., 2016). Já quanto ao crescimento, ela é classificada em diferentes tipos: determinado, semi-determinado e indeterminado (MATSUO et al., 2015).

De acordo com Fehr e Caviness (1977) o desenvolvimento fenológico da cultura pode ser dividido em: Fase Vegetativa (V) e fase Reprodutiva (R). As duas fases apresentam subdivisões ou estádios, sendo: V1, V2, até Vn, com exceção dos dois primeiros estádios, conhecidos como Ve (emergência) e Vc (estádio de cotilédone). A fase reprodutiva compreende o florescimento (estádios R1 e R2), o desenvolvimento da vagem (R3 e R4), o desenvolvimento da semente (R5 e R6) e a maturidade da planta (R7 e R8).

1.3. Avaliação da diversidade genética entre genótipos de soja com base em caracteres fenotípicos da fase vegetativa

Em programas de melhoramento a seleção e a recombinação de cultivares, são estratégias suportadas por métodos teóricos e técnicos, sendo a principal maneira de aumentar ou decrescer a média dos caracteres agrônômicos nas espécies cultivadas (BORÉM; MIRANDA, 2013; SILVA et al., 2017).

Visando a seleção para uma possível recombinação entre diferentes genótipos, faz-se necessário o estudo da diversidade genética, a qual é uma forma preditiva para a escolha de genitores, com base na dissimilaridade genética e

comportamento per se. O conhecimento da dissimilaridade genética de um germoplasma possibilita a identificação de genitores distintos, que quando cruzados, geram maior efeito heterótico, possibilitando a obtenção de genótipos superiores, e maior variabilidade nas populações (CRUZ et al., 2011; GOMES et al., 2021).

As técnicas multivariadas possibilitam analisar a dissimilaridade genética de um germoplasma através de informações obtidas pela caracterização com base em descritores pré-estabelecidos. A partir dessas informações são calculadas as estimativas das medidas de dissimilaridade, e posteriormente a representação dessas medidas por diferentes métodos. Dentre as medidas de dissimilaridade se destacam a partir da distância euclidiana média ou a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2012). E a diversidade genética pode ser representada pelos métodos de agrupamento de otimização, dispersão gráfica e dendrogramas (CRUZ et al., 2012).

Os programas de melhoramento apresentam um grande número de genótipos em avaliação, dessa forma, as estimativas de dissimilaridade passam a não ser suficientes para quantificar a semelhança ou diferença entre os genótipos. Assim, numa tentativa de simplificar a interpretação, são utilizados os métodos de agrupamento, os quais tem o principal objetivo de formar grupos de genótipos distintos entre si (heterogêneos) compostos por genótipos mais similares. Há vários métodos de agrupamento para os estudos de divergência genética, e os comumente utilizados são os métodos de otimização e os hierárquicos (CRUZ et al., 2012).

Um dos métodos mais utilizados em estudos de divergência em soja é o método de otimização de Tocher. Esse método separa os genótipos em grupos não vazios e mutuamente exclusivos formando primeiramente um grupo inicial com o par de genótipos mais similares e, posteriormente, verifica-se a possibilidade de inclusão de novos genótipos (CRUZ et al., 2012). Para isso, considera-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ, et al. 2011).

Com os métodos hierárquicos há a formação de um dendograma ou um diagrama de árvore através do agrupamento dos genótipos. Dentre os métodos hierárquicos que têm sido utilizados em soja, o principal é o UPGMA (método da

ligação média não ponderada entre grupos). Este método utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de distância, evitando caracterizar a distância por valores extremos (mínimo e máximo) entre os indivíduos considerados. Para tanto, a distância entre um indivíduo K e um grupo, formado pelos indivíduos i e j, é dada pela média do conjunto das distâncias de pares de indivíduos (i e k) e (j e k) (CRUZ et al, 2011).

O método das variáveis canônicas consiste no resumo de a informações em poucas variáveis, permitindo a simplificação do conjunto de dados. Essas poucas variáveis, tem a propriedade de reterem o máximo da variação originalmente disponível e também são independentes entre si. Como este método se baseia nas informações entre e dentro dos genótipos, demanda dados com repetições. Como as variáveis possuem escalas diferentes, na análise por variáveis canônicas é realizada a transformação em variáveis padronizadas e não correlacionadas, de modo que a matriz de dispersão se iguale a identidade. Para tanto, comumente utiliza-se a condensação pivotal (CRUZ et al., 2012).

Os estudos de diversidade genética em soja podem ser realizados utilizando-se características fenotípicas, moleculares ou por meio do coeficiente de parentesco. Pelo coeficiente de parentesco há um complicador visto que as empresas não estão mais divulgando os genitores parentais das cultivares. Já o uso de marcadores moleculares requer que o programa de melhoramento tenha a disposição um laboratório de biologia molecular e também recursos financeiros para que sejam realizadas as análises. Neste aspecto, os caracteres fenotípicos são muito úteis porque são dados que podem ser facilmente obtidos. Rotineiramente em estudos de diversidade genética em soja, tem sido utilizado caracteres agrônômicos importantes para o melhoramento genético da soja, como por exemplo ciclo, altura de planta, número de vagens, produção de grãos, dentre outros. Contudo, estes estudos podem ser melhorados ao se incluir mais características para aumentar a qualidade dos estudos de diversidade genética nesta cultura.

Ao se fazer uma breve revisão de literatura, verifica-se que diferentes autores publicaram nos últimos anos, artigos relacionados ao estudo da diversidade genética na cultura da soja. Inúmeros deles tratam de estudos relacionados aos caracteres da fase reprodutiva da cultura (ALMEIDA et al., 2011; COSTA, et al.,

2018; DARONCH, et al., 2019; FERREIRA, et al., 2015; MATSUO, et al., 2011; RIGON, et al., 2012; SANTOS, et al., 2013; TORRES et al., 2015) e aos caracteres relacionados a semente (DELLAGOSTIN, et al., 2011; LIMA; PELUZIO, et al., 2015; LOPES, et al. 2014; OLIVEIRA, et al. 2019(b); SANTOS, et al., 2012).

Quanto ao estudo de diversidade genética utilizando os caracteres da fase vegetativa, há relatos em diversas culturas. Por exemplo, Oliveira et al. (2019a) ao avaliar a divergência genética em 65 acessos de pimenta na fase de plântulas, comparando diferentes técnicas de agrupamento (Otimização de Tocher, UPGMA, e componentes principais) verificaram que houve variabilidade genética entre os 65 acessos avaliados e que os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA foram eficientes para identificar grupos distintos na fase de plântula em pimenta.

Em contrapartida Costa; Godinho e Moreira (2019), ao avaliarem a diversidade genética pelo método UPGMA em mudas de Café arábica, relataram que houve pouca variabilidade genética entre os genótipos estudados e que o método UPGMA corroborou com este dado, pois houve a formação de apenas dois grupos distintos.

Siqueira et al. (2020) verificaram em um estudo de diversidade genética com diferentes genótipos de arroz, submetidos à salinidade na fase de plântula, que os métodos UPGMA e otimização de Tocher, baseados na distância de Mahalanobis, seguiram a mesma tendência de agrupamentos, formando grupos parcialmente distintos, sendo que o caráter Índice de velocidade de emergência (IVE-%) foi o que mais contribuiu para a dissimilaridade genética entre os genótipos avaliados.

Em um ensaio para avaliar a divergência genética entre progênies de maracujazeiro-amarelo com base em características de plântulas pelo método de agrupamento de Tocher (baseado na distância de Malahanobis) e pelo método de variáveis canônicas, Negreiros et al. (2008) constataram que as características que mais contribuíram para a dissimilaridade genética foram a porcentagem de germinação, número de folhas e velocidade de emergência. E também, afirmaram que uma das populações estudadas (a população 20), poderia ser recomendada para hibridação com outras populações devido a sua alta divergência genética.

Em soja, os estudos de diversidade genética com caracteres da fase vegetativa, além de demonstrar a existência de variabilidade genética, vem mostrando também que estes caracteres são muito úteis para que os melhoristas

possam diferenciar os genótipos. Neste sentido, a inclusão de mais características em estudos de diversidade genética além dos caracteres agrônômicos torna-se uma vantagem adicional.

Hanyu et al. (2020) ao estimar parâmetros genéticos e analisar caracteres da fase vegetativa (V2 e V3) em 28 genótipos de soja, durante dois períodos de avaliação em casa de vegetação, verificaram que foi possível diferir os genótipos de soja quanto ao comprimento de hipocótilo e epicótilo e altura de planta.

Alves et al. (2019) ao estudar o comportamento do comprimento do hipocótilo em 16 cultivares de soja, ao longo de vários períodos através de redes neurais e metodologias de adaptabilidade e estabilidade, confirmaram que as cultivares BRS810C, BRSMG760SRR, TMG1175RR e BMX Tornado RR apresentaram menores médias, alta estabilidade e adaptabilidade geral quanto ao comprimento do hipocótilo, enquanto que a cultivar BG4272 apresentou maior média, alta estabilidade e adaptabilidade geral.

Ao estudar o efeito do volume de solo, da densidade de plantas por vaso, e profundidade de semeadura no comprimento do hipocótilo, do epicótilo e na altura de mudas de soja nos estádios vegetativos V2 e V3 em 4 diferentes experimentos, Camargos et al. (2019) verificaram que somente a altura de plantas foi influenciada por estes tratamentos e que as cultivares de soja apresentaram distinção quanto ao comprimento de hipocótilo e epicótilo nos estádios V2 e V3, sendo consideradas potenciais descritores de soja.

Já Gontijo et al. (2021) avaliando o comprimento do epicótilo de cultivares de soja no estágio V2, em dois experimentos a campo, verificaram que o comprimento do epicótilo não foi influenciado após submeter as cultivares ao adensamento de plantas com a redução do espaçamento entre as linhas de semeadura.

Com o objetivo de avaliar o desempenho da régua milimetrada na medição dos comprimentos de hipocótilo e epicótilo em plantas de soja nos estádios V2 e V3 em casa de vegetação e compará-lo com o método baseado no uso de paquímetro, Junior et al. (2018) verificaram que esta ferramenta obteve um ótimo desempenho e que pode ser uma alternativa na medição de mudas de soja nos diferentes estádios de desenvolvimento da cultura da soja.

Diante de todos estes dados, pode-se afirmar que obter informações a respeito da diversidade genética na fase vegetativa da cultura da soja permitirá a diferenciação entre as cultivares, além de conhecer os agrupamentos das diferentes progênies em grupos heterogêneos entre si, dando ao melhorista a possibilidade de prever combinações híbridas para obtenção de genótipos superiores já na fase inicial da cultura, havendo, portanto, economia de tempo e dinheiro, o que é um dos pontos-chaves para o sucesso de um programa de melhoramento genético.

1.4. Melhoramento genético aplicado à cultura da soja

Ao atingir o status de maior produtor de grãos de soja, foi comprovado o alto potencial e a grande aptidão do Brasil para o cultivo desta oleaginosa. Para que esse resultado fosse alcançado, grande esforço foi realizado por instituições públicas e privadas no passado para a implantação de programas de melhoramento genético no Brasil (SILVA et al., 2017).

A evolução do melhoramento genético da soja no Brasil ocorreu em duas etapas. Desde a chegada da cultura ao país até os anos 80, maior parte da mobilização para transferência de tecnologia e desenvolvimento de novas cultivares foi realizada por órgãos públicos, época essa em que foram desenvolvidas variedades adaptadas às condições de Cerrado e regiões de baixa latitude, e também variedades resistentes às diversas doenças (SILVA et al., 2017).

Já a segunda etapa do melhoramento ocorreu a partir dos anos 1990, com a globalização e promulgação da Lei 9456/1997 de proteção de cultivares, iniciando uma nova fase em que grandes corporações de capital internacional como Monsanto (atualmente incorporada a Bayer), Pioneer (Atualmente Corteva), Syngenta, Basf, Bayer, Dow (hoje denominada Long Ping High Tech) passaram a participar do desenvolvimento de novas cultivares, porém agora buscando genótipos de maior valor de mercado por meio do uso da biotecnologia para introdução de eventos transgênicos (SILVA et al., 2017).

De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012) existem três métodos utilizados na obtenção de novas cultivares, que são a introdução, seleção e

hibridação. As primeiras cultivares da região sul do país, em sua grande maioria, foram obtidas por introdução de cultivares de outros países. A seleção consiste em identificar e obter sementes de plantas superiores a partir de uma população heterogênea, as quais darão origem à nova população selecionada, com atributos agrônômicos e médias superiores às da população original. Por fim, a hibridação é a metodologia que possibilita a união de caracteres desejáveis em uma mesma planta e, conseqüentemente, ampliando a variabilidade genética existente.

A hibridação consiste na fusão de gametas geneticamente diferentes, resultando em indivíduos heterozigóticos para um ou mais locos, o que permite a obtenção de linhagens que reúnam melhores caracteres e maior concentração de alelos favoráveis (RAMALHO et al., 2012). Ela inicia-se com a seleção de genitores e cruzamento entre eles, obtendo-se posteriormente populações segregantes com variabilidade genética, sendo assim possível se alcançar genótipos com qualidade superior e posteriormente desenvolver cultivares mais produtivas e mais resistentes (MATSUO et al., 2015).

Existem vários métodos de condução de populações segregantes, e é de responsabilidade do melhorista, adotar a estratégia de condução que proporcione maiores ganhos diretos, indiretos ou simultâneos, em menor período e com custos mais baixos. Os principais métodos são: Método Genealógico (Pedigree), Teste de Geração Precoce, Método da População (Bulk), Método Bulk dentro de famílias, Método Descendente de uma Única Semente (SSD) e Método Descendente de uma única Vagem (SPD) (SILVA et al., 2017). Cada um destes métodos tem o objetivo de reduzir a heterozigose gerada na população F2 e aumentar o nível de homozigose (SEDIYIAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Ao fim do processo, passa-se então para os estudos de interação genótipos x ambientes, de estabilidade e adaptabilidade, para que se possa fazer a correta recomendação destas cultivares para o cultivo em regiões amplas ou específicas, (CRUZ et al., 2017).

1.5. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos

Sabe-se que, na maioria das vezes, o objetivo dos melhoristas de soja, é melhorar a expressão fenotípica de vários caracteres. Essa expressão fenotípica

depende do efeito ambiental e da presença e expressão de vários genes envolvidos no controle genético destes caracteres (SILVA et. al., 2017). E, para que um programa de melhoramento genético seja considerado de sucesso para qualquer caráter, este deve ser herdável e deve também haver variação genética na população em que se pratica a seleção (CRUZ, 2012).

No estudo da herança e da variação de caracteres quantitativos, adota-se o modelo básico $F = G + M$, que define o valor fenotípico (F), estimado a partir dos dados diretamente mensurados nos indivíduos, como resultado da ação do genótipo (G), ou valor genotípico, sob influência do meio (M). De modo análogo, a variância fenotípica é composta pela variância genotípica (VG ou σ_G^2) e pela variância atribuída aos desvios proporcionados pelo ambiente (VM ou σ_e^2) (CRUZ, 2012).

Assim, quando parâmetros genéticos de uma população são estimados, é possível calcular as correlações genéticas e fenotípicas e os ganhos com a seleção, possibilitando ao melhorista realizar inferências sobre a variabilidade da população em estudo, o que aumenta a acurácia do processo de seleção de genótipos superiores (SANTOS et al., 2018).

Um parâmetro de grande utilidade para os melhoristas é a herdabilidade (h^2). Ela mede a correspondência entre o fenótipo e o genótipo (RODRIGUES et al., 2011). Ramalho et al. (2012) conceitua a herdabilidade como a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total.

É possível estimar dois tipos de herdabilidade: i) a herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) e a herdabilidade no sentido restrito (h_r^2). A herdabilidade no sentido amplo é definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica. Já a herdabilidade no sentido restrito, como a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica (RAMALHO et al., 2012).

Estimar a herdabilidade é importante, pois ela é diretamente relacionada com a prática da seleção de indivíduos superiores. Sabe-se que, quando a herdabilidade é considerada alta, é possível fazer seleção em gerações iniciais, porém se for baixa, é necessário que se realize a seleção apenas nas gerações mais avançadas, pois o aumento da homozigose, devido à autofecundação, propicia um incremento na herdabilidade no sentido restrito (FALCONER; MACKAY, 1996; FEHR, 1987).

Variando de zero a um, o coeficiente de herdabilidade com valores próximos ou iguais a um, demonstram que as diferenças vistas no campo, ou seja, fenotípicas, são causadas por diferenças genéticas entre os genótipos. Porém, quando os valores são próximos ou iguais a 0%, isso mostra que a variabilidade do caráter não tem origem genética (FALCONER, 1987). Ramalho et al. (2012) afirmam que coeficientes de herdabilidade podem ser considerados altos quando são acima de 70%.

Muito embora seja possível obter diferentes estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos para um mesmo caráter, a literatura evidencia que cada caráter apresenta uma amplitude de valores que lhe é peculiar. De maneira geral, a produção de grãos é um caráter que apresenta baixa herdabilidade, e pode ser atribuída ao seu comportamento quantitativo, por ser controlado por um grande número de genes, permitindo maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre a variância genética e fenotípica (RAMALHO et al., 2012).

Bhuiyan et al. (2021) com o objetivo de aumentar o desempenho de rendimento de quinze genótipos de soja induzidos por mutação, encontraram valores de herdabilidade no sentido amplo elevadas para dias para a maturidade (0,90), para altura de planta (0,91), número de nós por planta (0,84) e número de vagens (0,79), e um valor médio para produtividade de grãos (0,62).

Santos et al. (2018) avaliando progênies F₂ de soja originadas de cruzamentos biparentais, encontraram herdabilidade no sentido amplo elevadas para os caracteres altura da planta na maturidade (0,91), número de dias para maturidade (0,90), e baixas, para altura de inserção da primeira vagem (0,46); número de vagens por planta (0,57) e rendimento de grãos (0,57).

Carneiro et al. (2021) ao avaliar duas populações F_{2:3} segregantes de soja, obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo para número de dias para o florescimento de 0,44 e 0,56; para número de dias para a maturidade de 0,42 e 0,55 e número total de vagens de 0,59 e 0,36.

1.6. Processo seletivo através da utilização da metodologia dos modelos mistos (REML/BLUP).

Devido à grande competição existente no mercado de sementes de soja no Brasil, há um grande investimento por parte das empresas nacionais e multinacionais para obtenção de novas cultivares. Para que uma empresa se torne competitiva, a equipe de melhoristas trabalha anualmente com centenas de novas populações, conseguindo milhares de progênies todo ano, e avaliam essas progênies por vários anos. As melhores linhagens vão para os ensaios de “Valor de Cultivo e Uso” (VCU), as quais são cultivadas e avaliadas na maior quantidade de ambientes possível (RESENDE et al., 2017).

Com isso, as diferenças a serem detectadas entre as linhagens são cada vez menores, obrigando os programas de melhoramento a serem cada vez mais rigorosos na fenotipagem das progênies e linhagens (RESENDE et al., 2017). Por isso, a utilização de procedimentos genéticos estatísticos mais refinados, como por exemplo, a metodologia de modelos lineares mistos se faz necessária. Com essa metodologia é possível acessar parâmetros adicionais extremamente relevantes que possibilitem aos melhoristas identificarem os genótipos superiores (PIMENTEL et al., 2014).

A metodologia de modelos lineares mistos foi trazida em 1973 por Henderson, porém sabe-se que em 1949 o mesmo autor ao resolver um problema estatístico simples já havia criado esta metodologia, utilizando a melhor predição linear não viesada (BLUP) (GONÇALVES; FRISTCHE NETO, 2012). O BLUP pode ser utilizado dentro de diferentes etapas do melhoramento, propiciando um ganho extra, sem nenhum custo adicional ao programa (RESENDE, 2017).

Já no ano de 1971, dois pesquisadores da Inglaterra (Desmond Patterson; Robin Thompson) criaram o procedimento da Máxima Verossimilhança Restrita (REML), a qual atualmente é vista como uma metodologia padrão para análises estatísticas em uma grande gama de aplicações. Ele se trata, de uma generalização da análise de variância clássica, porém visando situações mais complexas (RESENDE, 2007).

Neste contexto, é visto que a experimentação de campo, geralmente, está associada ao desbalanceamento de dados, devido a inúmeros motivos. Por esta razão, as metodologias citadas anteriormente quando juntas, compõem o procedimento de “Máxima Verossimilhança Residual/Melhor Predição Linear não viesada” (REML/BLUP ou metodologia dos modelos mistos), que lida de forma natural com este desbalanceamento, levando o melhorista a estimativas e previsões mais precisas. Este procedimento apresenta outra vantagem, que é a possibilidade de combinação de múltiplas fontes de informação em um mesmo preditor de valores genéticos (RESENDE, 2017).

Ela apresenta vantagens frente às tradicionais análises de variância (ANOVA) e regressão, pois como estas técnicas têm como premissas básicas a independência dos erros e a independência entre os fatores de tratamento, elas não suportam dados muito complexos, como conjunto de dados com grande quantidade de informações, parentescos entre tratamentos e o desbalanceamento de dados (RESENDE, 2007).

Resende (1997) afirmou que ao se realizar simultaneamente e de forma dependente a duas etapas REML e BLUP, deu-se então a origem do termo denominado “avaliação genética”, pela qual os melhoristas tem acesso a todos os conceitos necessários para a tomada de decisão durante o processo seletivo.

Dentro desses conceitos, tem-se a covariância genética entre parentes, a estimação de componentes de covariância genética e parâmetros genéticos (herdabilidade, repetibilidade e correlações genéticas), estimação das médias (efeitos fixos), predição de valores genéticos (efeitos aleatórios), estimação da acurácia seletiva, do progresso genético e da tendência genética (RESENDE, 1997).

Resende et al. (1996) dando mais detalhes a respeito deste método afirmam que REML é uma ferramenta flexível para a estimação de componentes de variância e efeitos fixos, predição de efeitos aleatórios, tais quais os valores genéticos e análise estatística em geral. Já o BLUP é um procedimento que amplia a acurácia seletiva e analisa os efeitos genéticos aditivos (a), de dominância (d) e genotípicos (g).

O mesmo autor afirma que o teste de F usualmente utilizado na ANOVA não é utilizado em modelos mistos (fixos e aleatórios) desbalanceados, para casos

como esse, o teste recomendado é o teste de razão de verossimilhança (LRT), e para os efeitos fixos geralmente o recomendado é a análise de deviance (ANADEV) a qual se trata de um quadro similar à análise de variância.

A metodologia dos modelos mistos tem sido amplamente utilizada em programas de melhoramento animal e de espécies florestais, e recentemente em culturas anuais de interesse econômico (RESENDE et al., 2015).

Com o intuito de selecionar as melhores famílias, Batista et al. (2017) utilizaram a metodologia BLUP para avaliar 380 famílias de feijão comum [*Phaseolus vulgaris* (L.)] nas gerações F_{2:3}, F_{2:4} e F_{2:6} em diferentes locais, épocas de semeadura e anos de cultivo. Para uma análise foi ajustado um modelo estatístico que contemplava as múltiplas gerações, e para a outra apenas as informações da geração F_{2:6}.

Os autores compararam a eficiência da seleção realizada em múltiplas gerações com a seleção efetuada apenas na geração F_{2:6} e verificaram um ganho genético em porcentagem de 21% e 28% para os caracteres arquitetura de planta e rendimento de grãos, respectivamente. Os autores concluíram que o índice que contemplava no modelo estatístico as múltiplas gerações foi mais eficiente para a seleção das melhores famílias de feijão comum.

Bornhofen et al. (2018) por meio da metodologia de modelos mistos estimou o ganho genético obtido ao longo dos anos num programa de melhoramento de trigo. Utilizando os dados de 836 ensaios de valor de cultivo e uso, obtidos em 40 locais de avaliação entre os anos de 2004 a 2013 (os quais foram agrupados em quatro regiões com características edafoclimáticas semelhantes denominadas regiões 1, 2, 3. Os autores encontraram que ganho genético total obtido no programa foi de 61,59 kg ha⁻¹ ano⁻¹ (1,68%). Os maiores ganhos genéticos foram obtidos na região 1 (115,33 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ; 3,14 %), região 3 (51,67 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ; 1,66 %), região 2 (47,97 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ; 1,34 %) e região 4 (31,38 kg ha⁻¹ ano⁻¹ ; 0,57%).

Follman et al. (2019) utilizaram a metodologia REML/BLUP para avaliar 18 cultivares de soja em segunda safra, em três regiões diferentes no Rio Grande do Sul. Os autores por meio desta metodologia conseguiram encontrar que quatro cultivares se destacaram em relação ao rendimento de grãos, e outras duas cultivares foram identificadas como geneticamente distantes, baseando-se na

avaliação de caracteres qualitativos e quantitativos, indicando a possibilidade de serem utilizadas em hibridações buscando aumentar variabilidade genética.

Castro (2019) com o objetivo avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 48 linhagens experimentais de soja com a tecnologia LibertyLink® na região sul do país em cinco diferentes cidades, utilizaram a metodologia dos modelos mistos juntamente com o método da média harmônica da performance relativa do valor genotípico (MHPRVG). Eles encontraram que o método foi eficiente para estimar a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos avaliados, pois ao final do estudo, puderam sugerir para uso comercial, duas linhagens para as cinco regiões onde os estudos foram realizados. Estas linhagens reuniam os caracteres de alta adaptabilidade e estabilidade produtiva.

Silva et al. (2022) utilizaram a metodologia dos modelos mistos para estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e selecionar progênies $F_{3:4}$ e $F_{3:5}$ de soja em cinco ambientes que associassem alta produtividade de grãos e precocidade. Eles observaram que os componentes de variância genética e interação genótipos por ambiente foram significativos e que a herdabilidade oscilou de 50,14% para produtividade de grãos a 90,37% para maturidade plena. O ganho realizado com a maturidade variou de -0,17% a -2,57%, havendo também correlação positiva entre os três caracteres estudados que foram dias para o florescimento, dias para a maturidade e produtividade de grãos.

1.7. Correlação no melhoramento genético da soja

Em um programa de melhoramento, é de suma importância que se conheça a associação entre caracteres, em virtude principalmente, de alguns desses caracteres apresentarem dificuldades para a sua seleção devido à baixa herdabilidade, e, ou, aos problemas de medição e identificação dos mesmos (CRUZ et al., 2012).

Assim, a correlação fenotípica é aquela que pode ser diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos da população, sendo que esta correlação possui causas genéticas e ambientais, mas somente as genéticas são de natureza herdável, o que a torna, portanto

passível de ser utilizada na orientação de programas de melhoramento (CRUZ et al., 2012).

Falconer e Mackay (1996) afirmam que a correlação genética tem como causa principal a pleiotropia, porém os mesmos autores confirmam que também existe uma causa temporária, que é a ligação gênica.

Quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível que o melhorista possa selecionar genótipos favoráveis obtendo ganhos por meio da seleção indireta de outro caráter associado. Em alguns casos, essa seleção indireta, com base na resposta correlacionada, pode levar a progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. O contrário também é verdade, pois se um caráter se correlaciona de forma positiva com alguns e negativa com outros, deve-se tomar cuidado ao selecioná-lo, para não provocar mudanças indesejáveis em outros caracteres de interesse (CRUZ et al., 2012).

É preciso ter cautela na utilização da resposta correlacionada, pois, a seleção simultânea, pode levar a alterações desejáveis na população, contudo também a alterações indesejáveis. Uma forma de se minimizar esses problemas e de aumentar as chances de se fazer uma seleção simultânea de múltiplos caracteres, é a utilização da teoria dos índices de seleção, a qual parece ser uma alternativa eficiente, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, permitindo assim selecionar com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico (CRUZ et al., 2012).

1.8. Estratégias de seleção para obtenção de ganhos genéticos e avanço de progênes superiores

A possibilidade de se preverem ganhos obtidos por determinada estratégia de seleção é destaque dentre as diversas contribuições da genética quantitativa para o melhoramento de plantas. Isso implica que é possível traçar estratégias efetivas para o programa de melhoramento, prever o sucesso da metodologia de seleção adotada e determinar quais técnicas apresentam maior eficiência (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Em relação aos fatores que mais influenciam de maneira direta ou indireta no ganho obtido por seleção são: proporção de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido com a seleção está diretamente relacionado com o diferencial de seleção, que consiste na diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Assim, quanto mais rigorosa for a seleção, maior será o diferencial de seleção (RAMALHO et al., 2012).

Porém, caso seja adotado uma proporção de seleção muito rigorosa, ou seja, seleção de um número reduzido de indivíduos existe o risco de redução acentuada da variabilidade genética (RAMALHO et al., 2012).

O ambiente é outro fator que influencia o ganho obtido com a seleção. No caso de caracteres quantitativos, este apresenta grande influência sobre a expressão do fenótipo e se torna um complicador na seleção, uma vez que a variação decorrente do ambiente não é herdada (CRUZ et al., 2012).

Neste contexto, a seleção direta é uma estratégia de seleção importante, e os melhoristas buscam com o seu uso, a obtenção de ganhos máximos em um único caráter no qual se pratica a seleção. Porém, dependendo da relação desse caráter com outros caracteres de interesse, respostas tanto positiva quanto negativa, poderão ocorrer em caracteres de importância secundária (CRUZ, 2012).

Devido a isso, quando se faz a seleção direta em um caráter primário, conseqüentemente uma seleção indireta é realizada em outros caracteres, e isto pode trazer prejuízos ou benefícios ao processo de seleção. Prejuízos podem ocorrer, quando o caráter primário se relaciona negativamente com os caracteres secundários, e benefícios ocorrem quando o caráter primário se relaciona de forma positiva com os caracteres secundários (CRUZ, 2012).

Já a seleção por meio dos índices de seleção, é uma estratégia seletiva a qual vem tornando possível que os programas de melhoramento genético de soja alcancem cultivares com qualidade superior não só em produtividade, mas também em outros aspectos de interesse agrônômico, como ciclo, resistência ao acamamento, resistência à pragas e doenças, dentre outros (RAMALHO et al., 2012).

De acordo com Cruz et. al. (2012) os índices de seleção podem auxiliar os melhoristas na seleção baseada em múltiplos caracteres e que eles são alternativas de seleção que possibilitam a realização da combinação e análise conjunta de

diversos caracteres em apenas um valor numérico para cada unidade de seleção, o que segundo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012) permite a seleção simultaneamente de um conjunto de caracteres, independentemente da existência ou não de correlação entre estes.

Os principais índices de seleção utilizados no melhoramento da soja são: índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978), índice básico de Williams (1962), índice da distância genótipo-ideótipo (CRUZ et al., 2017), índice Clássico de Smith (1936) e Hazel (1943), índice baseados nos ganhos desejados de Pešek e Baker (1969).

No presente estudo, os índices utilizados foram o Clássico e o com base na soma de postos (ou ranks) de Mulamba e Mock. O primeiro consiste numa combinação linear dos vários caracteres de importância econômica, cujos coeficientes de ponderação são estimados de modo a maximizar a correlação entre o índice e o agregado genotípico. Sendo que, o agregado genotípico é estabelecido por outra combinação linear, envolvendo os valores energéticos, os quais são ponderados pelos respectivos valores econômicos (Smith, 1936) e (Hazel, 1943).

Já o índice de Mulamba e Mock, de acordo com Cruz et. al. (2012), classifica os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em uma ordem favorável ao melhoramento, que após classificados, são somadas as ordens de cada material genético referente a cada caráter, resultando em uma medida adicional tomada como índice de seleção.

Vieira et al. (2017) estudou diferentes índices de seleção em híbridos de morango e encontraram que o índice da soma de “ranks” e o índice Clássico apresentaram os melhores ganhos em relação aos caracteres estudados.

Bizari et al. (2017) quando compararam diferentes estratégias de seleção, seleção direta, índice baseado na soma de “ranks”, índice clássico de Smith e Hazel, índice base de Williams, índice baseado nos ganhos desejados de Pesek e Baker e índice da distância genótipo-ideótipo, verificaram que o índice baseado na soma de “ranks” proporcionou ganhos mais favoráveis ao estudo.

Castro et al. (2020) com o objetivo de selecionar em 196 linhagens de soja precoces e com alta produtividade para a região do Cerrado brasileiro, fizeram a comparação entre a seleção direta e por meio do índice de Mulamba & Mock. Os autores verificaram que houve ganhos genéticos com a seleção direta sobre o

rendimento de grãos da ordem 46,86% sobre este mesmo caráter, e ao se fazer a seleção utilizando índice de Mulamba & Mock considerando os pesos arbitrários como pesos econômicos, houve um ganho de 34,47% sobre o rendimento de grãos, e quando considerando como pesos econômicos os coeficientes de variação genotípica, houve um ganho de 34,47%. Eles também verificaram que, ao selecionar diretamente para altura de plantas e número de dias para o florescimento, houve um ganho negativo para o rendimento de grãos de -0,76% e -16,21% respectivamente.

Carneiro et al. (2021) ao avaliar 386 progênies F5 em sete populações segregantes de soja, obtiveram ganhos de seleção de 0,56% para número de dias para o florescimento; 2,13% para altura de planta no florescimento; 12,57% para número de vagens por planta; e 3,99% para peso de grãos por planta quando utilizado o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978).

2. OBJETIVOS

Objetivou-se, portanto, com este estudo:

- 1) Promover agrupamentos de progênies F3 e F4 de soja com base em caracteres fenotípicos da fase vegetativa visando a identificação de genótipos divergentes e indicar a contribuição relativa dos caracteres avaliados na fase vegetativa (V2) para a dissimilaridade genética;
- 2) Estimar parâmetros genéticos e fenotípicos de caracteres agrônômicos de soja determinados em progênies F3 e F4;
- 3) Avaliar a associação entre caracteres agrônômicos de soja via correlações fenotípicas e genotípicas;
- 4) Analisar estratégias de seleção via seleção direta e índices de seleção e selecionar progênies superiores de soja.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Caracterização da área experimental

O experimento foi conduzido em campo, no Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Experimental Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU), situada no município de Uberlândia – MG (18°52'S; 48°20'W e 805 m de altitude).

A área experimental possui Latossolo Vermelho Escuro distrófico, caracterizado por ser profundo e poroso, apresentando condições adequadas para o desenvolvimento da soja. A região é de clima do tipo Aw, de acordo com a classificação de KÖPPEN e GEIGER (1928), com verão chuvoso (de outubro a março). Possui clima tropical úmido e estação seca durante o inverno (abril a setembro). Os dados meteorológicos do ambiente experimental estão apresentados na Figura 1.

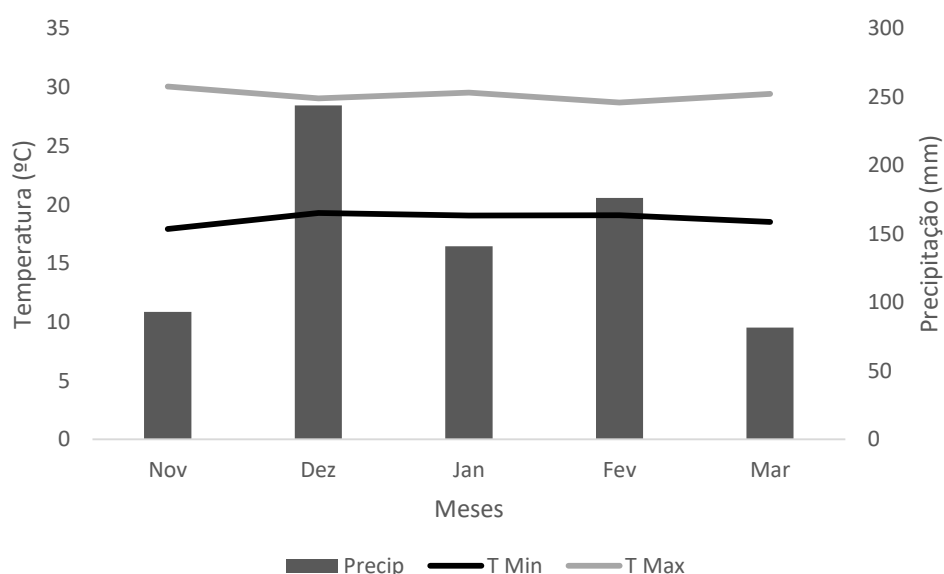


Figura 1: Temperatura média e precipitação nos meses de Novembro de 2020 a Março de 2021 em Uberlândia, MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

3.2. Caracterização do material genético

Foram analisadas 63 progênies de soja obtidas e selecionadas em estudos previamente realizados pelo Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Na Tabela 1, encontra-se a descrição das cultivares com as quais foram feitas hibridações artificiais para obtenção das progênies avaliadas. E estas mesmas cultivares foram utilizadas como testemunhas do experimento.

Tabela 1. Descrição das cultivares utilizadas como genitores e como testemunhas do experimento para avaliação de 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas na safra 2020/2021 em Uberlândia/MG.

Cultivar	Empresa Detentora
TMG 801	Tropical Melhoramento e Genética
UFUS 6901	Universidade Federal de Uberlândia
BRS GO 7560	Embrapa
BRS 7380 RR	Fundação Cerrados
TMG 1179 RR	Tropical Melhoramento e Genética

O programa de melhoramento de soja da Universidade Federal de Uberlândia tem como principal objetivo o desenvolvimento de cultivares que sejam produtivas, resistentes aos estresses bióticos e abióticos e que tenham adaptabilidade e estabilidade fenotípica. Assim, a escolha destas cultivares para hibridação e posterior geração de novas populações deram-se devido às mesmas possuírem elevado potencial produtivo, alta adaptabilidade e estabilidade para as regiões recomendadas, resistência total ou parcial à ferrugem da soja e aos principais fitonematóides desta cultura. Na Tabela 2 constam as progênies avaliadas e suas respectivas hibridações de origem.

Tabela 2. Progênies avaliadas no experimento, e suas respectivas populações de origem, cultivadas na safra 2020/2021 em Uberlândia/MG.

Hibridações					
BRS7380RRxTMG1179RR		UFUS6901xBRSGO7560		UFUS6901xTMG801	
Progênie	Geração	Progênie	Geração	Progênie	Geração
PMGS_UFU001	F4	PMGS_UFU072	F4	PMGS_UFU090	F4
PMGS_UFU002	F4	PMGS_UFU073	F4	PMGS_UFU091	F4
PMGS_UFU003	F4	PMGS_UFU074	F4	PMGS_UFU092	F4
PMGS_UFU004	F4	PMGS_UFU075	F4	PMGS_UFU093	F4
PMGS_UFU005	F4	PMGS_UFU076	F4	PMGS_UFU094	F4
PMGS_UFU006	F4	PMGS_UFU077	F4	PMGS_UFU095	F4
PMGS_UFU007	F4	PMGS_UFU078	F4	PMGS_UFU096	F4
PMGS_UFU008	F4	PMGS_UFU079	F4	PMGS_UFU097	F4
PMGS_UFU009	F4	PMGS_UFU080	F4	PMGS_UFU098	F4
PMGS_UFU010	F4	PMGS_UFU081	F4	PMGS_UFU099	F4
PMGS_UFU011	F4	PMGS_UFU082	F4	PMGS_UFU100	F4
PMGS_UFU012	F4	PMGS_UFU083	F4	PMGS_UFU101	F4
PMGS_UFU013	F4	PMGS_UFU084	F4	PMGS_UFU102	F4
PMGS_UFU014	F3	PMGS_UFU085	F4	PMGS_UFU103	F4
PMGS_UFU015	F3	PMGS_UFU086	F4	PMGS_UFU104	F4
PMGS_UFU016	F3	PMGS_UFU087	F4		
PMGS_UFU017	F3	PMGS_UFU088	F4		
PMGS_UFU018	F3	PMGS_UFU089	F4		
PMGS_UFU019	F3				
PMGS_UFU020	F3				
PMGS_UFU021	F3				
PMGS_UFU022	F3				
PMGS_UFU023	F3				
PMGS_UFU024	F3				
PMGS_UFU025	F3				
PMGS_UFU026	F3				
PMGS_UFU027	F3				
PMGS_UFU028	F3				
PMGS_UFU029	F3				
PMGS_UFU030	F3				

3.3. Esquema experimental

O experimento foi instalado em delineamento experimental de blocos completos ao acaso (DBC), com três repetições, sendo cada unidade experimental constituída de duas linhas de 3 metros de comprimento espaçadas em 0,5 m.

3.4. Instalação do Experimento

Foi realizada amostragem de solo (Figura 2-A) nas profundidades de 0-20 cm e 20-40 cm para obtenção de análises químicas (Tabela 3). Posteriormente, a área foi preparada convencionalmente com uma aração e duas gradagens, sendo a segunda gradagem realizada após a aplicação de calcário reativo na área (Figura 2-B) na dose de 2.000 kg ha⁻¹, promovendo a completa incorporação do produto em toda a extensão da área do experimento.



Figura 02: Atividades de campo realizadas até os 21 dias após a semeadura da cultura. A: Amostragem de solo; B: Aplicação de calcário; C: Semeadura; D: Aplicação de herbicida pré-emergente; E: Desbaste.

Tabela 3. Análises químicas do solo da área experimental na camada de 0-20 cm, e 20-40 cm, Uberlândia/MG, safra 2020/2021.

Camada	ph H ₂ O	P me ^{h-1}	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H + Al	M.O
	1:2,5	mg.dm ⁻³		-----cmolc.dm ⁻³ -----				dag.kg ⁻¹
0-20 cm	5,7	6,6	0,25	1,25	0,61	0,0	2,65	2,2
20-40cm	5,5	0,6	0,16	1,22	0,56	0,0	1,9	1,9

Quinze dias após a calagem da área, foi realizada de forma manual a adubação de base com o formulado NPK 04-14-08, na dose de 500 kg ha⁻¹.

A semeadura manual (Figura 2-C) ocorreu no dia 13 de novembro de 2020, em uma profundidade de 3 a 5 cm, a uma densidade de 25 sementes por metro linear. O desbaste (Figura 2-E) foi realizado 21 dias após a emergência, com o objetivo de manter uma densidade de 17 plantas por metro linear.

3.5. Manejo Fitossanitário

Previamente ao semeio, as sementes foram tratadas com Fipronil, Piraclostrobina e Tiofanato-metílico (inseticida e fungicida) e inoculadas com *Bradyrhizobium elkani* e *B. japonicum*. Imediatamente após a semeadura, foi realizada a aplicação dos herbicidas pré-emergentes (Figura 2-D) de princípios ativos SMetolaclo e Diquate, nas dosagens de 1,5 L ha⁻¹ e 2,0 L ha⁻¹ respectivamente, para contenção de plantas infestantes na fase inicial de desenvolvimento da cultura.

Durante a condução do experimento, foram realizadas três capinas manuais (03/12/2020, 04/01/2021 e 29/01/2021), e com auxílio de bomba manual com capacidade total de 20 L, foram realizadas aplicações de fertilizantes foliares e defensivos (Tabela 4).

Tabela 4. Defensivos agrícolas e fertilizantes foliares aplicados durante a condução do experimento em Uberlândia/MG, safra 2020/2021.

Ingrediente ativo	Dose ha ⁻¹	Função	Nº de Aplicações
Triflumuron	20 mL	Inseticida	03
Tiametoxan	100 gr	Inseticida	02
Manganês	100 mL	Adubo Foliar	02
Macro e Micro Nutrientes	20 mL	Adubo Foliar	02
Tiametoxan e Cipermetrina	300 mL	Inseticida	01
Triflumuron	20 mL	Inseticida	02
Haloxifope-p-metílico	500 mL	Graminicida	02
Lambda-cialotrina e Clorantraniliprole	300 mL	Inseticida	01
Fluxapiraxade e Piraclostrobina	300 mL	Fungicida	01
Mancozebe	1 kg	Fungicida	01
Clofenapir	100 mL	Inseticida	01
Protioconazol e Trifloxistrobina	400 mL	Fungicida	01

3.6. Avaliações fenotípicas na fase vegetativa

3.6.1. Estádio V2 (Vegetativo)

Foram avaliados seis caracteres fenotípicos durante a fase V2 da cultura.

- **Comprimento do hipocótilo (CH):** com uma régua milimetrada determinou-se a distância (cm) entre a superfície do solo até o nó de inserção dos cotilédones;
- **Comprimento do epicótilo (CE):** com uma régua milimetrada determinou-se a distância (cm) entre o nó de inserção dos cotilédones e o nó de inserção da folha unifoliolada;
- **Comprimento do primeiro internódio (CI):** com uma régua milimetrada determinou-se a distância (cm) entre o nó de inserção das folhas unifolioladas e o nó de inserção do primeiro trifólio;
- **Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU):** determinou-se o comprimento do pecíolo da folha unifoliolada, medindo com uma régua milimetrada desde a base da folha até sua união com o caule;
- **Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada (CPFT):** determinou-se o comprimento (cm) do pecíolo do primeiro trifólio; medindo com uma régua milimetrada desde a base do trifólio até sua união com o caule;

- **Altura da planta no vegetativo (APV):** altura (cm), com auxílio de régua milimetrada a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade do meristema apical.

3.6.2. Avaliações dos caracteres agronômicos

Avaliou-se 11 caracteres agronômicos a partir do florescimento até a pós-colheita conforme descrito a seguir:

- **Número de dias para o florescimento (NDF):** período de dias decorridos entre o estágio VE (emergência) no qual os cotilédones estão acima da superfície do solo até o aparecimento da primeira flor na haste principal em pelo menos 50% das plantas da parcela;
- **Altura da planta no florescimento (APF):** altura (cm) da superfície do solo até a extremidade do meristema apical, em cinco plantas na parcela quando atingiu-se o florescimento no estágio R1.
- **Número de nós na haste principal no florescimento (NNF):** obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar, no estágio R1.
- **Número de dias para a maturidade (NDM):** número de dias entre o estágio VE (emergência) até a maturidade quando 95% de vagens da soja atinge a cor de vagem madura em pelo menos 50% das plantas da parcela;
- **Altura da planta na maturidade (APM):** altura (cm) a partir da superfície do solo na haste principal até a extremidade do meristema apical no estágio R8;
- **Número de nós na haste principal na maturidade (NNM):** obtida pela contagem de todos os nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no estágio R8;
- **Número de Nós Produtivos na maturidade (NNPM):** número de nós ou ramos na haste principal que apresentaram vagens no estágio R8;
- **Número de vagens por planta (NVP):** Em cinco plantas selecionadas dentro de cada parcela, após a colheita determinou-se o número total de vagens por planta;
- **Altura da inserção da primeira vagem (AIV):** altura (cm) na haste principal a partir do colo da planta até a inserção da primeira vagem obtida;

- **Acamamento (ACM):** De acordo com a escala de Bernard et al. (1965) em que se atribuiu nota 1 com todas as plantas eretas e 5 com todas as plantas acamadas.
- **Produção de grãos por planta (PGP):** massa dos grãos em gramas (g), produzido em cinco plantas selecionadas dentro na parcela;
- **Produtividade (PROD) em kg ha⁻¹:** Obteve-se a produção de grãos colhidos nos 6 metros lineares de parcela. Em seguida foi realizada a padronização do peso de todas as amostras para 13% de umidade utilizando a fórmula:

$$\text{Peso kg} = \frac{\text{Peso da parcela (kg)} * (1 - \text{Umidade da parcela}/100)}{0,87}$$

Posteriormente, houve a conversão do peso da parcela em kg para kg ha⁻¹ através da fórmula:

$$\text{kg ha}^{-1} = \left(\frac{\text{Peso da parcela (kg)}}{6} \right) \times 10.000$$

Os estádios vegetativos e reprodutivos foram identificados com auxílio da escala de Fehr e Caviness (1977).

3.7. Estabelecimento dos critérios de seleção

Com o intuito de selecionar progênies mais adaptadas aos objetivos do Programa de Melhoramento de Soja da UFU, foram estabelecidos os critérios de seleção para cada um dos caracteres avaliados neste estudo. Essa etapa é muito importante em um programa de melhoramento, visto que por meio destes critérios é que serão baseadas as análises genético-estatísticas dos dados, as quais originarão posteriormente os parâmetros genéticos e fenotípicos, as correlações, os ganhos com a seleção, dentre outros.

Exposto isso, segue abaixo os critérios de seleção utilizados neste estudo:

- Número de dias para o florescimento (NDF): Seleção das progênies mais precoces;
- Altura da planta no florescimento (APF): Seleção das progênies mais baixas;

- Número de nós na haste principal no florescimento (NNF): Seleção das progênies com maior número de nós;
- Número de dias para a maturidade (NDM): Seleção das progênies mais precoces;
- Número de nós na haste principal na maturidade (NNM): Seleção das progênies com maior número de nós;
- Número de nós produtivos na maturidade (NNPM): Seleção das progênies com maior número de nós produtivos;
- Número de vagens por planta (NVP): Seleção das progênies com maior número de vagens;
- Altura da inserção da primeira vagem (AIV): Seleção das progênies com menor altura de inserção da primeira vagem;
- Acamamento (ACM): Seleção das progênies que possuem notas mais baixas para acamamento, próximo de um;
- Produção de grãos por planta (PGP): Seleção das progênies que possuem maior massa de grãos por planta em kilos;
- Produtividade (kg ha⁻¹): Seleção das progênies que possuem maior produtividade.

3.8. Análises genéticas do estágio V2

As análises dos dados coletados no estágio V2 da cultura foram realizadas utilizando o software GENES (Cruz, 2016).

3.8.1. Distância Generalizada de Mahalanobis

A distância generalizada de Mahalanobis estimada para cada par de genótipos foi obtida a matriz de dissimilaridade genética. Baseado na seguinte expressão:

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

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

3.8.2. Método de otimização de Tocher

A partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância generalizada de Mahalanobis, é realizada a otimização de Tocher (RAO, 1952). Inicialmente, realiza-se a partição do conjunto de genótipos em subgrupos não-vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de uma medida pré-estabelecida. Adota-se o critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre quaisquer grupos. No estabelecimento dos grupos, a distância entre o indivíduo k e o grupo formado pelos indivíduos ij é dada por:

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

A inclusão, ou não, do indivíduo k no grupo é feita considerando:

- a) Se $\leq \theta$ n d (grupo) k inclui-se o indivíduo k no grupo;
- b) Se $> \theta$ n d (grupo) k não inclui o indivíduo k no grupo.

Sendo n o número de indivíduos que constituem o grupo original e θ é o valor máximo da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada indivíduo.

3.8.3. Método Hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA)

O dendrograma representado pelo método hierárquico de ligação média não ponderada entre grupos (UPGMA), também é obtido através da matriz de dissimilaridade. Por ser um método não ponderado, o método de agrupamento hierárquico UPGMA gera o agrupamento dos genótipos analisados por meio da média aritmética dos valores de dissimilaridade, evitando que a dissimilaridade dos indivíduos sejam representadas por medidas extremas (mínima e máxima).

O método identifica a distância de um grupo em relação aos demais indivíduos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014), em que, a distância entre um genótipo k e um grupo formado pelos genótipos i e j é dada por:

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

Em que:

$d_{(ij)k}$ é dado pela média das distâncias dos pares de genótipos (i e k) e (j e k), gerando uma nova matriz com esses valores reduzindo a dimensionalidade passo a passo.

Com a construção do dendrograma, novas distâncias serão estimadas, de forma que, se um genótipo k for incorporado a um grupo (ij), a distância deste novo grupo (ij.k) em relação ao genótipo (l) ou a outro grupo (lm), é dada por:

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

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{im} + d_{jl} + d_{jk}}{4} \text{ e assim sucessivamente.}$$

3.8.4. Variáveis canônicas

As variáveis canônicas foram geradas com base na modificação das variáveis originais (caracteres avaliados) em um 66 conjunto novo, de forma que se estabeleça as proposições subsequentes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014):

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

$$Y_{ij} = a_1 X_{i1} + a_2 X_{i2} + \dots + a_n X_{in}$$

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

$$Y_{ij} = b_1 X_{i1} + b_2 X_{i2} + \dots + b_n X_{in}$$

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

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

Em que:

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

c) Dentre todas as variáveis canônicas:

$$\text{Variância } Y_{i1} > \text{variância } Y_{i2} > \dots > \text{variância } Y_{in}$$

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

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

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

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

Em que:

T = matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

E = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

3.8.5. Importância relativa dos caracteres

A contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos foi estabelecida pela Metodologia de Singh (1981), que se baseia na partição do total das estimativas das distâncias D^2 considerando todos os possíveis pares de indivíduos, para a contribuição referente a cada caráter. Considerando-se que:

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

Em que:

$\omega_{jj'}$ é o elemento da j -ésima linha e j' -ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

3.9. Análises genético estatísticas dos caracteres agronômicos

Os dados obtidos foram avaliados com o auxílio do *software* R (2017), via abordagem de modelos mistos (REML/BLUP) proposto por Bernardo (2010).

A análise de variância seguiu o modelo estatístico abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + \rho_i + b_j + e_{ij}$$

em que:

Y_{ij} : Valor de cada caráter em uma parcela que compreende a i -ésima progênie no j -ésimo bloco;

μ : Média geral do caráter;

ρ_i : Efeito aleatório da progênie i , $\rho_i \sim N(0, \sigma_p^2)$;

b_j : Efeito aleatório do bloco j ;

e_{ij} : Erro experimental aleatório associado à observação Y_{ij} , $e_{ij} \sim N(0, \sigma_e^2)$.

3.10. Estimativas dos componentes genéticos e fenotípicos

Estimaram-se os componentes da variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML). Para aferir a qualidade experimental, foram estimados o coeficiente de variação (CV%) e acurácia seletiva proposta por Resende (2007).

A acurácia seletiva (\hat{r}_{gg}) foi determinada pelo seguinte estimador (GEZAN; MUNOZ; 2014):

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \left(\frac{PEV}{\sigma_G^2} \right)}$$

em que:

PEV: variância do erro de predição dos BLUP;

σ_G^2 : variância genotípica.

Já os coeficientes de variação (CV%) foram estimados por:

$$CV (\%) = \frac{\sqrt{\sigma_E^2}}{\bar{Y}} * 100$$

em que:

σ_E^2 : variância ambiental;

\bar{Y} : média fenotípica geral

A estimativa de herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2), foi obtida utilizando-se o estimador abaixo:

$$\hat{h}_a^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_G^2 + \frac{\sigma_e^2}{r}}$$

em que:

σ_G^2 : Variância genotípica;

σ_e^2 : Variância residual;

r: número de repetições

3.11. Estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípicas e genotípicas foram obtidas utilizando-se os estimadores abaixo:

$$\text{Correlação fenotípica: } rF_{xy} = \frac{\text{COV}_F(xy)}{\sqrt{\sigma_{Fx..}^2 \sigma_{Fy}^2}}$$

Em que:

rF_{xy} : correlação entre os caracteres x e y;

$\text{COV}_{F(xy)}$: covariância entre os caracteres x e y;

σ_x^2 : Variância do caráter x;

σ_y^2 : Variância do caráter y.

$$\text{Correlação genotípica: } rG_{xy} = \frac{\text{COV}_G(xy)}{\sqrt{\sigma_{Gx..}^2 \sigma_{Gy}^2}}$$

Em que:

rG_{xy} : correlação entre os caracteres x e y;

$\text{COV}_{G(xy)}$: covariância entre os caracteres x e y;

σ_x^2 : Variância do caráter x;

σ_y^2 : Variância do caráter y.

3.12. Estimativas dos índices de seleção.

Para os índices de seleção, foram estimados o índice Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) e o índice de soma de postos de Mulamba e Mock (1978).

Para o cálculo do índice Clássico, foi utilizado o estimador abaixo:

$$I_i = \sum_k b_k \overline{BLUP}_{ik}$$

em que:

I_i : valor do índice calculado para a progênie i ;

b_k : coeficiente de ponderação do índice associado ao caráter k ;

\overline{BLUP}_{ik} : k é a média BLUP da progênie i relativa ao caráter.

Já o índice de soma de postos de Mulamba e Mock (1978), foi calculado pela expressão:

$$I_i = \sum_k ar_{ik}$$

em que:

a : pesos econômicos para cada caráter, calculada com base na variância genética da característica, ou assumidos como pesos iguais;

r_{ik} : posto da progênie i para o caráter k .

Os pesos econômicos utilizados para o cálculo do índice Clássico foi o coeficiente de variação genético, conforme sugerido por Cruz; Regazzi; Carneiro (2012). Para o índice de Mulamba e Mock (1978), foram consideradas duas opções de pesos econômicos: A primeira considerando o peso econômico diferente para cada caráter, com base no componente de variância genética (M&M), e a segunda considerando pesos iguais para todos os caracteres (M&M2), ou seja, não houve a definição dos pesos econômicos.

3.13. Estimativa do ganho esperado com a seleção direta

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado com a seleção direta (GSD) para todos os caracteres, considerando-se a proporção de seleção de 25%. Os ganhos esperados com a seleção foram estimados por:

$$GSD(\%) = \frac{\overline{BLUP'S}}{\bar{Y}} * 100$$

em que:

GSD (%): Ganho com a seleção direta;

$\overline{BLUP'S}$: Média dos BLUP's das progênes selecionadas;

\bar{Y} : Média geral das progênes na geração i ou em todas as gerações.

3.14. Estimativa do ganho esperado com a seleção indireta

Foram obtidas as estimativas do ganho esperado com a seleção indireta (GSI) para todos os caracteres, considerando-se a proporção de seleção de 25%. Os ganhos esperados com a seleção foram estimados por:

$$GSI_{y/y'} = \frac{BLUP'_{s_{y/y'}}}{\bar{y}} * 100$$

em que:

$GSI_{y/y'}$: Ganho com a seleção indireta;

$BLUP'_{s_{y/y'}}$: Média dos BLUP's das progênes para o caráter y pela seleção efetuada no caráter y';

\bar{y} : Média geral das progênes para o caráter y.

3.15. Estimativa do ganho esperado por meio dos índices de seleção

Foram também obtidas as estimativas do ganho esperado com a seleção para todos os caracteres utilizando os índices de seleção, tendo em vista uma proporção de seleção de 25%.

$$GS_{IS} = \frac{\overline{BLUP'S}_{IS}}{\bar{y}} * 100$$

em que:

GS_{IS} : Ganho com a seleção por meio dos índices;

$\overline{BLUP'S}$: Média do BLUP, de um dado caráter, das progênies selecionadas considerando o ranqueamento obtido por meio do índice de seleção;

\bar{Y} : Média geral das progênies na geração i ou em todas as gerações.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Estádio V2

4.1.1. Distância generalizada de Mahalanobis

A estimativa de dissimilaridade genéticas obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis variou de 0,36 a 99,81 (Tabela 5). A elevada magnitude entre as medidas de dissimilaridade é o indicativo de ampla variabilidade genética entre os genótipos de soja avaliados no estágio vegetativo (V2). Quanto maior o D^2 , maior a dissimilaridade entre os genótipos, em contrapartida quanto menor o D^2 há mais similaridade entre os genótipos (Rigon et al., 2012).

Tabela 5. Estimativa de dissimilaridade genética entre 68 genótipos de soja na fase V2, pela Distância generalizada de Mahalanobis (D^2)

Referência Genótipo	D^2		Genótipo	
	Maior	Menor	Mais distante	Menos distante
BRSGO7560	84,61	3,15	PMGS_UFU001	PMGS_UFU080

BRS7380_RR	52,07	0,76	PMGS_UFU081	PMGS_UFU011
TMG1179_RR	73,96	0,72	PMGS_UFU081	PMGS_UFU009
TMG801	44,10	2,62	TMG1179_RR	PMGS_UFU098
UFUS6901	52,79	1,83	PMGS_UFU103	PMGS_UFU072
PMGS_UFU001	99,81	3,04	PMGS_UFU081	PMGS_UFU007
PMGS_UFU002	60,49	0,40	PMGS_UFU081	PMGS_UFU017
PMGS_UFU003	61,32	2,09	PMGS_UFU103	PMGS_UFU023
PMGS_UFU004	63,80	2,01	BRSGO7560	PMGS_UFU005
PMGS_UFU005	60,81	1,12	PMGS_UFU081	PMGS_UFU024
PMGS_UFU006	63,43	1,06	PMGS_UFU081	PMGS_UFU026
PMGS_UFU007	79,36	2,19	PMGS_UFU081	PMGS_UFU017
PMGS_UFU008	76,99	2,25	PMGS_UFU103	PMGS_UFU027
PMGS_UFU009	64,86	0,69	PMGS_UFU081	PMGS_UFU019
PMGS_UFU010	54,81	2,32	PMGS_UFU103	PMGS_UFU028
PMGS_UFU011	51,34	0,76	PMGS_UFU081	BRS7380_RR
PMGS_UFU012	68,63	1,22	PMGS_UFU081	PMGS_UFU017
PMGS_UFU013	53,06	1,20	PMGS_UFU081	PMGS_UFU030
PMGS_UFU014	66,09	0,53	PMGS_UFU081	PMGS_UFU030
PMGS_UFU015	45,84	2,40	BRSGO7560	PMGS_UFU005
PMGS_UFU016	73,87	1,10	PMGS_UFU081	PMGS_UFU026
PMGS_UFU017	64,99	0,40	PMGS_UFU081	PMGS_UFU002
PMGS_UFU018	64,80	2,26	PMGS_UFU081	PMGS_UFU024
PMGS_UFU019	62,64	0,69	PMGS_UFU081	PMGS_UFU009
PMGS_UFU020	61,40	0,99	PMGS_UFU081	PMGS_UFU009
PMGS_UFU021	68,09	1,20	PMGS_UFU081	PMGS_UFU020
PMGS_UFU022	86,28	1,81	PMGS_UFU081	PMGS_UFU026
PMGS_UFU023	69,26	2,09	PMGS_UFU081	PMGS_UFU003
PMGS_UFU024	67,19	0,99	PMGS_UFU081	PMGS_UFU014
PMGS_UFU025	45,72	2,00	PMGS_UFU081	PMGS_UFU013
PMGS_UFU026	67,72	1,06	PMGS_UFU081	PMGS_UFU002
PMGS_UFU027	72,36	0,62	PMGS_UFU081	PMGS_UFU029
PMGS_UFU028	59,79	2,28	PMGS_UFU081	PMGS_UFU003
PMGS_UFU029	64,15	0,62	PMGS_UFU081	PMGS_UFU027
PMGS_UFU030	63,69	0,53	PMGS_UFU081	PMGS_UFU014
PMGS_UFU072	51,35	1,83	PMGS_UFU103	UFUS6901
PMGS_UFU073	52,74	4,04	PMGS_UFU001	PMGS_UFU085
PMGS_UFU074	43,63	0,91	PMGS_UFU103	PMGS_UFU074
PMGS_UFU075	37,97	0,91	PMGS_UFU001	PMGS_UFU074
PMGS_UFU076	41,48	0,36	PMGS_UFU103	PMGS_UFU093
PMGS_UFU077	45,36	1,00	PMGS_UFU001	PMGS_UFU096
PMGS_UFU078	42,87	3,04	PMGS_UFU103	PMGS_UFU074
PMGS_UFU079	61,41	3,56	PMGS_UFU103	PMGS_UFU003
PMGS_UFU080	66,17	3,15	PMGS_UFU001	BRSGO7560

PMGS_UFU081	99,81	9,50	PMGS_UFU001	PMGS_UFU095
PMGS_UFU082	47,79	2,89	PMGS_UFU001	PMGS_UFU084
PMGS_UFU083	58,26	0,58	PMGS_UFU001	PMGS_UFU097
PMGS_UFU084	41,95	1,36	PMGS_UFU001	PMGS_UFU085
PMGS_UFU085	50,77	0,76	PMGS_UFU001	PMGS_UFU097
PMGS_UFU086	51,14	1,83	PMGS_UFU001	PMGS_UFU083
PMGS_UFU087	61,15	2,19	PMGS_UFU001	PMGS_UFU097
PMGS_UFU088	57,95	2,73	PMGS_UFU001	PMGS_UFU095
PMGS_UFU089	34,98	0,99	PMGS_UFU001	PMGS_UFU091
PMGS_UFU090	55,20	4,00	PMGS_UFU081	PMGS_UFU005
PMGS_UFU091	34,48	0,95	PMGS_UFU103	PMGS_UFU094
PMGS_UFU092	39,89	2,10	PMGS_UFU081	PMGS_UFU094
PMGS_UFU093	42,94	0,36	PMGS_UFU103	PMGS_UFU076
PMGS_UFU094	33,75	0,95	PMGS_UFU081	PMGS_UFU091
PMGS_UFU095	56,69	1,88	PMGS_UFU001	PMGS_UFU077
PMGS_UFU096	40,13	1,00	PMGS_UFU001	PMGS_UFU077
PMGS_UFU097	54,29	0,58	PMGS_UFU001	PMGS_UFU083
PMGS_UFU098	38,84	1,95	PMGS_UFU001	PMGS_UFU101
PMGS_UFU099	38,64	3,76	PMGS_UFU103	PMGS_UFU093
PMGS_UFU100	42,33	4,91	PMGS_UFU001	PMGS_UFU104
PMGS_UFU101	34,92	1,95	PMGS_UFU001	PMGS_UFU098
PMGS_UFU102	42,33	4,15	BRSGO7560	TMG801
PMGS_UFU103	85,41	14,24	PMGS_UFU001	PMGS_UFU081
PMGS_UFU104	35,51	4,91	BRSGO7560	PMGS_UFU100

A maior distância (D^2) ocorreu entre PMGS_UFU001 e PMGS_UFU081, ademais esses dois genótipos foram mais distantes de 44,1% e 30,8% dos demais genótipos respectivamente. Esse resultado demonstra que esses genótipos podem apresentar a maior dissimilaridade genética entre os demais avaliados. Em contrapartida PMGS_UFU076 e PMGS_UFU093 apresentaram menor distância (D^2) evidenciando similaridade entre si.

A análise das estimativas de dissimilaridade possibilita a obtenção de informações promissoras para o programa de melhoramento genético da soja, favorecendo o direcionamento de cruzamentos entre genitores divergentes, possibilitando explorar a heterose. Entretanto a representação da diversidade genética pelos métodos de agrupamentos simplifica a interpretação sobre a dissimilaridade genética, podendo fazer inferências intergrupos e intra grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dentre as técnicas de agrupamento mais

empregadas, estão os métodos os hierárquicos, de otimização e dispersão gráfica (CORREA et al., 2020).

4.1.2. Método de otimização de Tocher

O método de otimização de Tocher tem como fundamento que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser inferior às distâncias médias quando comparadas entre os grupos, resultando na máxima homogeneidade dentro o grupo e máxima heterogeneidade entre os grupos. (CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2014). Por esse método os 68 genótipos de soja caracterizados no estágio vegetativo V2 foram separados em seis grupos distintos (Tabela 6).

Tabela 6. Agrupamento de progênies de soja F3 e F4 no estágio vegetativo (V2) pelo método de otimização de Tocher

Grupos	Genótipos
I	PMGS_UFU076, PMGS_UFU093, PMGS_UFU091, PMGS_UFU089, PMGS_UFU094, PMGS_UFU096, PMGS_UFU072, UFUS6901, PMGS_UFU078, PMGS_UFU092, PMGS_UFU084, PMGS_UFU077, PMGS_UFU074, PMGS_UFU082, PMGS_UFU099, PMGS_UFU097, PMGS_UFU086, PMGS_UFU083, PMGS_UFU085, PMGS_UFU088, PMGS_UFU087, PMGS_UFU080, PMGS_UFU095, PMGS_UFU075, PMGS_UFU098, PMGS_UFU101, PMGS_UFU073, PMGS_UFU025, PMGS_UFU010, PMGS_UFU028.
II	PMGS_UFU002, PMGS_UFU017, PMGS_UFU026, PMGS_UFU012, PMGS_UFU014, PMGS_UFU030, PMGS_UFU021, PMGS_UFU006, PMGS_UFU016, PMGS_UFU020, PMGS_UFU022, PMGS_UFU024, PMGS_UFU007, PMGS_UFU009, TMG1179_RR, PMGS_UFU027, PMGS_UFU029, PMGS_UFU005, PMGS_UFU013, PMGS_UFU018, PMGS_UFU019, BRS7380_RR, PMGS_UFU011, PMGS_UFU008, PMGS_UFU003, PMGS_UFU023, PMGS_UFU015, PMGS_UFU090, PMGS_UFU001, PMGS_UFU004, PMGS_UFU079 .

III	PMGS_UFU102, TMG801.
IV	PMGS_UFU100 ,PMGS_UFU104 .
V	PMGS_UFU081, PMGS_UFU103.
VI	BRSGO7560

No grupo I foram reunidos 44,1 % dos genótipos avaliados. O grupo II foi constituído de 45,5 % dos genótipos em estudo. O grupo III, IV e V foram constituídos por dois genótipos cada, sendo PMGS UFU102 e TMG801, PMGS_UFU100 e PMGS_UFU104, PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103, respectivamente. O grupo VI foi constituído por apenas BRSGO7560.

4.1.3. Método de agrupamento UPGMA

Para o método de agrupamento UPGMA, o corte no dendrograma foi realizado considerando 30% de variabilidade genética, o que possibilitou a divisão dos genótipos de soja em seis grupos distintos (Figura 3). Esse critério foi definido pela observação da mudança dos níveis de agrupamentos, conforme sugerido por Barroso e Artes (2003). Ademais o dendrograma obtido apresentou (CCC) igual a 0,74, significativo pelo teste de t, demonstrando ser uma metodologia eficiente na representação da diversidade genética desse germoplasma.

Dentre os seis grupos observados pelo método UPGMA , o grupo I e IV foram os mais numerosos, e alocaram 38,2% e 48,5% dos genótipos avaliados, respectivamente. O grupo II foi constituído pelos genótipos PMGS_UFU100 ,PMGS_UFU104, corroborando com o observado no grupo IV obtido pelo método de otimização de Tocher. O grupo III reuniu os genótipos PMGS_UFU098,

PMGS_UFU101, TMG801, PMGS_UFU099 e PMGS_UFU102. Por esse método os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103 formaram dois grupos isolados, divergindo do observado pelo método de otimização de Tocher.

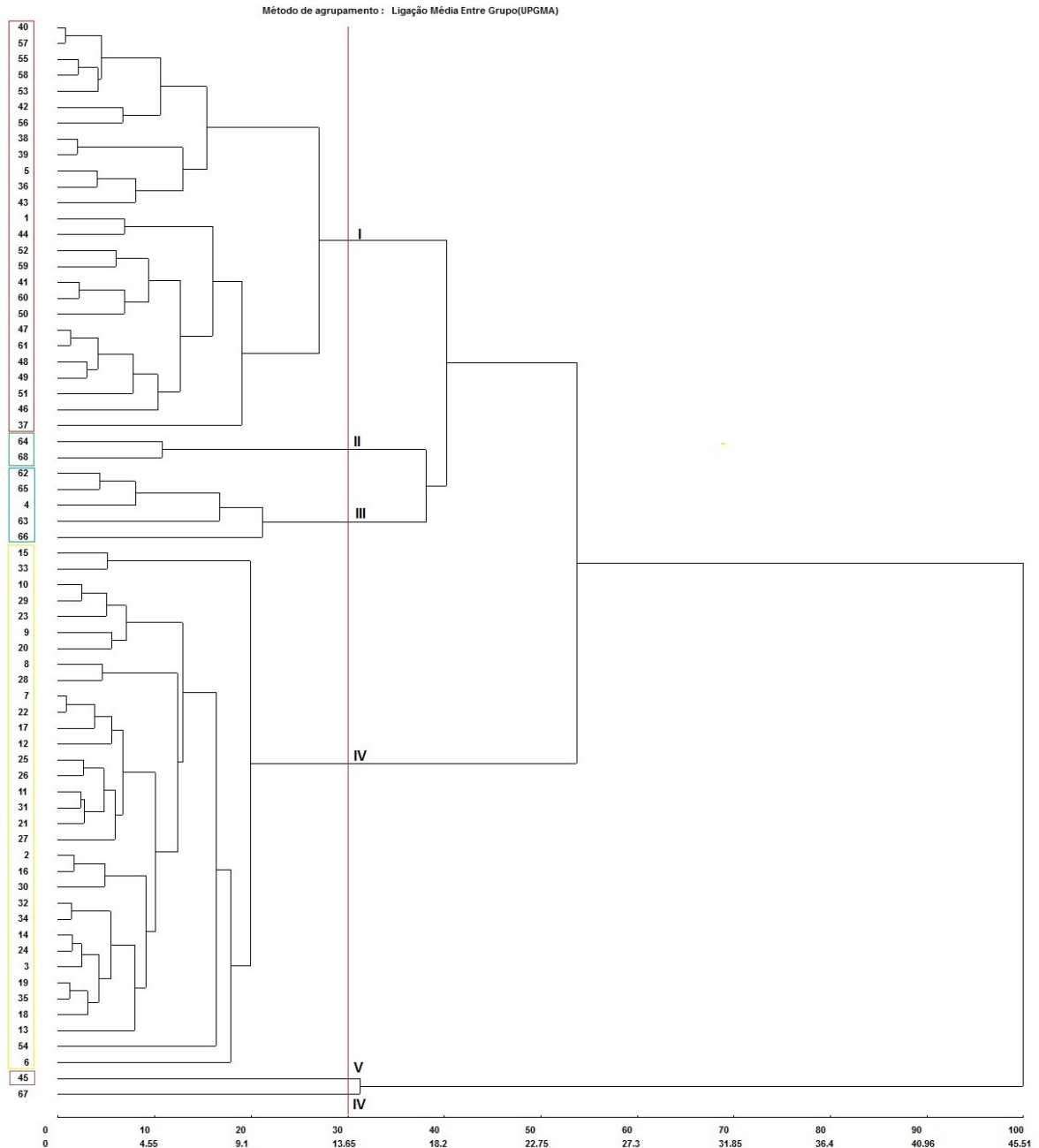


Figura 03: Dendrograma pelo método UPGMA com base na distância de Mahalanobis. 1-BRSGO7560, 2-BRS7380_RR, 3-TMG1179_RR, 4-TMG801, 5-UFUS6901, 6-PMGS_UFU001, 7-PMGS_UFU002, 8-PMGS_UFU003, 9-PMGS_UFU004, 10-PMGS_UFU005, 11-PMGS_UFU006, 12-PMGS_UFU007, 13-PMGS_UFU008, 14-PMGS_UFU009, 15-PMGS_UFU010, 16-PMGS_UFU011, 17-PMGS_UFU012, 18-PMGS_UFU013, 19-PMGS_UFU014, 20-PMGS_UFU015, 21-PMGS_UFU016, 22-PMGS_UFU017, 23-PMGS_UFU018, 24-PMGS_UFU019, 25-PMGS_UFU020, 26-PMGS_UFU021, 27-PMGS_UFU022, 28-PMGS_UFU023, 29-PMGS_UFU024, 30-PMGS_UFU025, 31-PMGS_UFU026, 32-PMGS_UFU027, 33-PMGS_UFU028, 34-PMGS_UFU029, 35-PMGS_UFU030, 36-PMGS_UFU072, 37-PMGS_UFU073, 38-PMGS_UFU074, 39-PMGS_UFU075, 40-PMGS_UFU076, 41-PMGS_UFU077, 42-PMGS_UFU078, 43-PMGS_UFU079, 44-PMGS_UFU080, 45-PMGS_UFU081, 46-PMGS_UFU082, 47-PMGS_UFU083, 48-PMGS_UFU084, 49-PMGS_UFU085, 50-PMGS_UFU086, 51-PMGS_UFU087, 52-PMGS_UFU088, 53-PMGS_UFU089, 54-PMGS_UFU089

090, 55-PMGS_UFU091, 56-PMGS_UFU092, 57-PMGS_UFU093, 58-PMGS_UFU094, 59-PMGS_UFU095, 60-PMGS_UFU096, 61-PMGS_UFU097, 62-PMGS_UFU098, 63-PMGS_UFU099, 64-PMGS_UFU100, 65-PMGS_UFU101, 66-PMGS_UFU102, 67-PMGS_UFU103, 68-PMGS_UFU104.

Apesar dos métodos de otimização de Tocher e UPGMA não corroborarem na constituição da maioria dos grupos, eles corroboram quanto ao número de agrupamentos obtidos. Entretanto essas variações nos agrupamentos demonstra a necessidade de comparação de mais de um método para representação da diversidade genética.

4.1.4. Método das variáveis canônicas

Além dos métodos de otimização de Tocher e UPGMA, as variáveis canônicas (VC) também é um método utilizado para representar a diversidade genética por meio de dispersão gráfica. Essa metodologia possibilita a simplificação do conjunto de dados diminuindo o número de características em alguns componentes que são independentes, visando reter a maioria da variação (MEIRA et al., 2019).

Segundo CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO (2014) para o estudo das VCs, as primeiras variáveis devem envolver, no mínimo, aproximadamente 80% da variação total dos progenitores, em que cada variável é uma combinação linear das variáveis originais analisadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014). Neste estudo as três primeiras variáveis explicaram 83,11% da variância total contida no conjunto das características (Tabela 7).

Tabela 7. Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas para 68 genótipos de soja avaliados no estágio vegetativo (V2)

Variável Canônica	Raiz	Raiz (%)	Acumulada (%)
1	5,46	59,09	59,09
2	1,44	15,58	74,67
3	0,78	8,44	83,11
4	0,77	8,30	91,41
5	0,50	5,41	96,82
6	0,29	3,18	100,00

Com as três primeiras VCs representando estimativas de autovalores superiores a 80% é possível explicar a variabilidade entre os genótipos e interpretar o fenômeno com considerável simplificação, por meio de uma representação gráfica tridimensional (Figura 4).

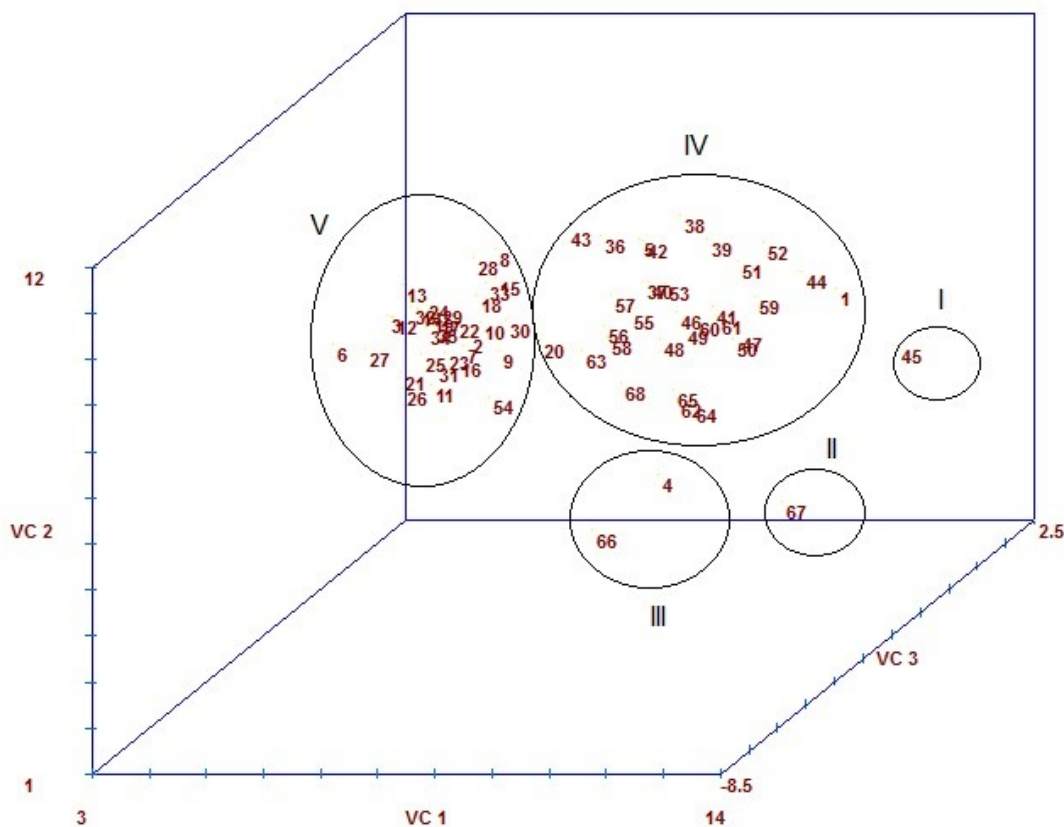


Figura 4. Dispersão gráfica de 27 genótipos de soja em relação às três primeiras variáveis canônicas. VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2; VC3: Variável canônica 3. 1-BRSGO7560, 2-BRS7380_RR, 3-TMG1179_RR, 4-TMG801, 5-UFUS69 01, 6-PMGS_UFU001, 7-PMGS_UFU002, 8-PMGS_UFU003, 9-PMGS_UFU004, 10-PMGS_UFU0 05, 11-PMGS_UFU006, 12-PMGS_UFU007, 13 -PMGS_UFU008, 14 -PMGS_UFU009, 15-PMGS_ UFU010, 16 -PMGS_UFU011, 17-PMGS_UFU012, 18-PMGS_UFU013, 19-PMGS_UFU014, 20-PM GS_UFU015, 21-PMGS_UFU016, 22-PMGS_UFU017, 23-PMGS_UFU018, 24-PMGS_UFU019, 25-PMGS_UFU020, 26-PMGS_UFU021, 27-PMGS_UFU022, 28-PMGS_UFU023, 29-PMGS_UFU 024, 30-PMGS_UFU025, 31-PMGS_UFU026, 32-PMGS_UFU027, 33-PMGS_UFU028, 34-PMGS _UFU029, 35-PMGS_UFU030, 36-PMGS_UFU072, 37-PMGS_UFU073, 38-PMGS_UFU074, 39- PMGS_UFU075, 40-PMGS_UFU076, 41-PMGS_UFU077, 42-PMGS_UFU078, 43-PMGS_UFU07 9, 44-PMGS_UFU080, 45-PMGS_UFU081, 46-PMGS_UFU082, 47-PMGS_UFU083, 48-PMGS_ UFU084, 49-PMGS_UFU085, 50-PMGS_UFU086, 51-PMGS_UFU087, 52-PMGS_UFU088, 53-P MGS_UFU089, 54-PMGS_UFU090, 55-PMGS_UFU091, 56-PMGS_UFU092, 57-PMGS_UFU09 3, 58-PMGS_UFU094, 59-PMGS_UFU095, 60-PMGS_UFU096, 61-PMGS_UFU097, 62-PMGS_U FU098, 63-PMGS_UFU099, 64-PMGS_UFU100, 65-PMGS_UFU101, 66-PMGS_UFU102, 67-PM GS_UFU103, 68-PMGS_UFU104.

A dispersão gráfica agregou os 68 genótipos soja em cinco grupos. O grupo I e II agruparam isoladamente os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103, corroborando com o observado pelo método UPGMA. Pelo método das variáveis canônicas os genótipos PMGS_UFU100 e PMGS_UFU104 também constituíram um grupo (III), corroborando com os observados pelo método de Tocher e UPGMA. Os demais genótipos ficaram alocados nos grupos IV e V.

4.1.5. Dissimilaridade genética

Os resultados obtidos demonstram que testando vários métodos é possível verificar com mais confiabilidade os genótipos que apresentam maior e menor dissimilaridade genética. Por ambos os métodos foi possível verificar que PMGS_UFU100 e PMGS_UFU104 são genótipos muito similares, e que o cruzamento entre eles pode promover poucos ganhos. Em contrapartida os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103 mostram-se bastante divergentes dos demais, dessa forma esses genótipos são importantes recursos genéticos para explorar a máxima heterose em futuros cruzamentos.

Estudos sobre a diversidade genética na cultura da soja na fase vegetativa são escassos, entretanto os métodos utilizados nesta pesquisa são amplamente utilizados no estudo da variabilidade genética com base em características reprodutivas da cultura (Machado et al., 2017; Rodrigues et al., 2017). Em germoplasma de outras culturas a caracterização na fase de plântulas é uma realidade, e através dos mesmos métodos empregados nesta pesquisa foi possível determinar genótipos mais divergentes e mais similares (Oliveira et al., 2019a; Rosado et al. 2017).

Além de conhecer a diversidade genética do germoplasma da soja, para direcionar futuras hibridações, também é importante conhecer a relevância de cada caráter e o quanto ele que contribui para a dissimilaridade genética entre os genótipos.

Neste estudo a característica que mais contribuiu para a dissimilaridade genética entre os 68 genótipos de soja avaliados no estágio vegetativo (V2), foi CE (52,64), seguida por CI (15,69). Em contrapartida a APV não apresentou nenhuma contribuição para a divergência genética entre os genótipos (Tabela 8).

Tabela 8. Contribuição relativa de caracteres agronômicos em 68 genótipos de soja caracterizados no estágio vegetativo (V2), conforme o critério de Singh (S.j.) (1981).

Variáveis	S.j	Valor (%)
CH	3682,49	8,30
CE	23354,92	52,64
CI	6960,62	15,69
CPFU	5128,33	11,56
CPFT	5238,38	11,81
APV	0,00	0,00

CH: comprimento do hipocótilo; CE: comprimento do epicótilo; CI: Comprimento do primeiro internódio; CPFU: Comprimento do pecíolo da folha unifoliada; CPFT: Comprimento do pecíolo da folha trifoliada; APV: Altura de planta.

Os caracteres com maior contribuição favorecem a distinção dos genótipos. Por outro lado, as variáveis que apresentaram as menores contribuições, não favorece tal distinção, podendo ser até mesmo descartadas em futuros estudos com o mesmo objetivo. De acordo com Ferreira Júnior et al. (2015) a contribuição relativa das características no estudo da diversidade genética é importante pois permite inferir sobre sua influência na dissimilaridade entre os genótipos, além de definir quais as características que terão prioridade no estudo de possíveis hibridações, minimizando tempo e custos com mão de obra.

Em contrapartida a APV não apresentou nenhuma contribuição para a divergência genética entre os genótipos. A baixa contribuição da altura de plantas de soja no estudo da divergência genética entre genótipos foi relatada nos estudos de Maranna et al. 2021 e Zambiazzi et al., 2017. Segundo Rigon et al., 2012, a baixa contribuição desse caractere na diferenciação dos genótipos se deve ao fato de programas de melhoramento de soja foi intensificado nos últimos anos para seleção com base em alto rendimento, e essa característica está relacionada com a altura de planta.

4.2. Caracteres Agronômicos

4.2.1. Parâmetros genéticos e fenotípicos

A análise de variância (testada via teste de razão de verossimilhança) revelou diferenças significativas para todos os caracteres quantitativos estudados, inferindo na existência de ampla variabilidade genética entre as progênies deste

experimento (Tabela 9). Isso, segundo Ramalho et al. (2012) é de grande importância, visto que a presença de variabilidade genética em uma população é um indicativo da possibilidade de se selecionar genótipos superiores nas próximas gerações.

Observando a amplitude de variação das médias BLUP's para os caracteres em estudo, é possível verificar que todos os caracteres apresentaram uma amplitude de variação superior a 25% da média geral (Tabela 9), o que comprova a presença de variabilidade genética entre as progênies avaliadas. Destacando os caracteres relacionados à produção, que são NNM, NNPM, NVP e PROD, estes apresentaram magnitudes de amplitude de variação das médias BLUP's acima de 60%, 68%, 72%, 84% e 67%, respectivamente, do valor da média geral, ficando claro que é possível aumentar a média de produção populacional por meio da seleção.

Analisando as figuras 5A e 5B constatou-se distribuição normal das frequências das médias dos BLUP's, o que evidencia a existência de variabilidade entre as progênies para os caracteres analisados, sendo viável, portanto a seleção de progênies superiores.

Tabela 9. Estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos associados a 12 caracteres agrônômicos de progênies F3 e F4 de soja cultivadas em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

CARÁTER ^{1/}	Parâmetros ^{2/}					Média BLUP ^{3/}			
	σ_g^2	σ_e^2	\hat{h}_a^2	$\hat{r}gg'$	CV (%) ^{4/}	Máximo	Mínimo	Média	Amplitude da Variação
NDF	26,111***	3168,00	0,96	0,98	4,18	57,08	37,54	42,56	19,54
APF	121,92***	64,05	0,85	0,92	16,50	83,77	32,27	48,51	51,5
NNF	1,6293***	0,80	0,86	0,97	10,01	11,85	7,33	8,92	4,52
NDM	84,40***	10,94	0,96	0,98	2,85	129,74	98,42	115,97	31,32
APM	260,4***	197,50	0,80	0,89	14,35	124,77	68,99	97,96	55,78
AIV	3,681***	11340,00	0,49	0,70	18,65	22,56	18,05	15,02	4,51
NNM	7,166***	2414,00	0,90	0,95	9,90	21,78	11,14	15,70	10,64
NNPM	5,353***	2927,00	0,85	0,92	13,15	18,70	9,28	13,01	9,42
NVP	157,5***	286,00	0,62	0,79	30,82	83,33	37,28	54,88	46,05
PGP	6,548**	21156,00	0,48	0,70	26,98	22,17	13,83	17,05	8,34
PROD	385997***	678952,00	0,63	0,79	19,42	5788,47	2959,93	4242,13	2828,54
ACM	0,6974***	0,79	0,73	0,85	34,14	4,10	1,44	2,61	2,66

1/ NDF: N° dias para o florescimento; APF: Altura de planta no florescimento (cm); NNF: N° nós no florescimento; NDM: N° dias para a maturidade; NNM: N° de nós na maturidade; NNPM: N° de nós produtivos na maturidade; NVP: N° de vagens por planta; AIV: Altura da inserção da 1° vagem; APM: Altura de planta na maturidade; PGP: Produção de grãos por planta; PROD: Produção em kg ha⁻¹; ACM: Acamamento. 2/Variância Genética (σ_g^2), Variância ambiental (σ_e^2), Herdabilidade no sentido amplo (\hat{h}_a^2). Acurácia ($\hat{r}gg'$). 3/ Magnitudes das médias BLUPS. 4/ Coeficiente de variação (CV%).

*** Significante pelo teste de verossimilhança a p < 0,001. ** Significante pelo teste de verossimilhança a p < 0,01.

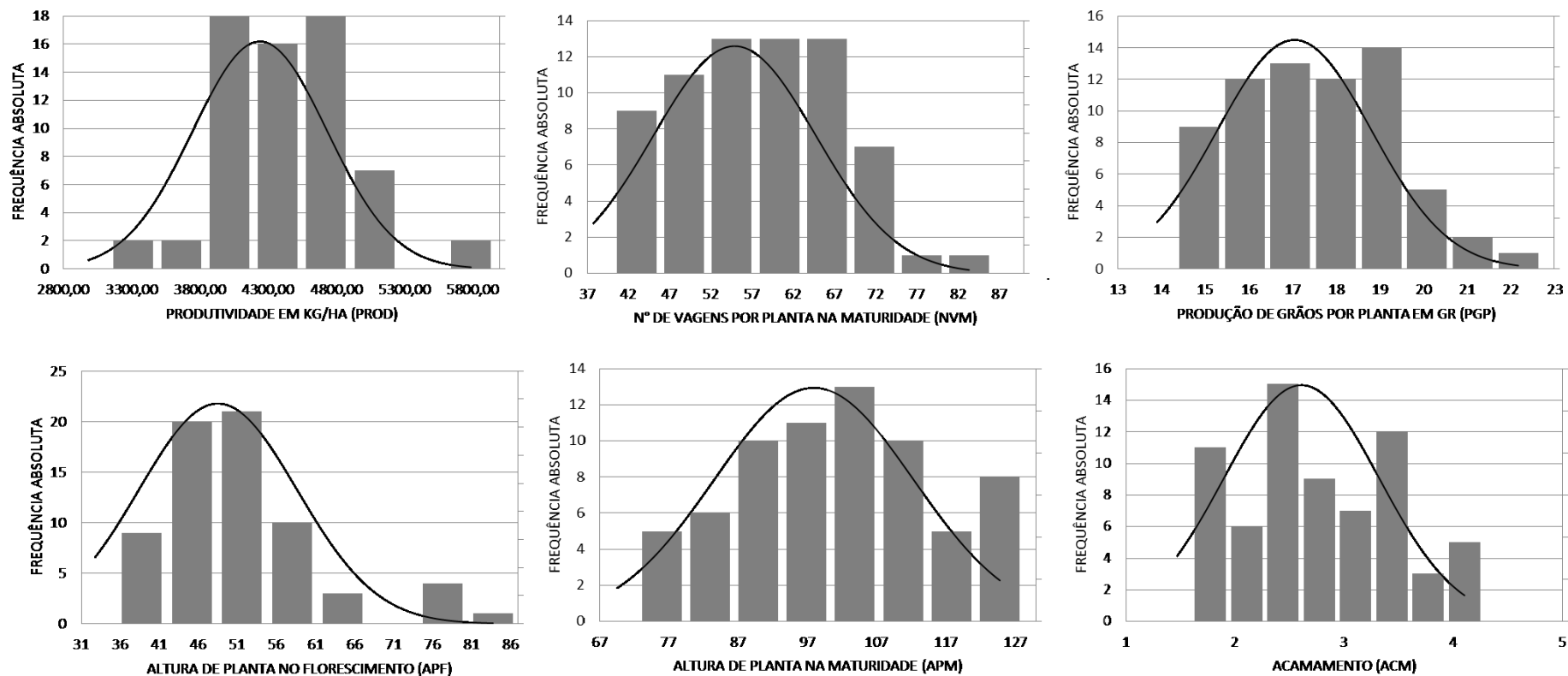


Figura 5A: Distribuição de frequência das médias BLUPS dos caracteres agrônômicos produtividade em kg ha⁻¹(PROD), n° de vagens por planta (NVP), peso de grãos por planta em gramas (PGP), altura de planta no florescimento em cm (APF), altura de planta na maturidade em cm (APM), acamamento (ACM), avaliados em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

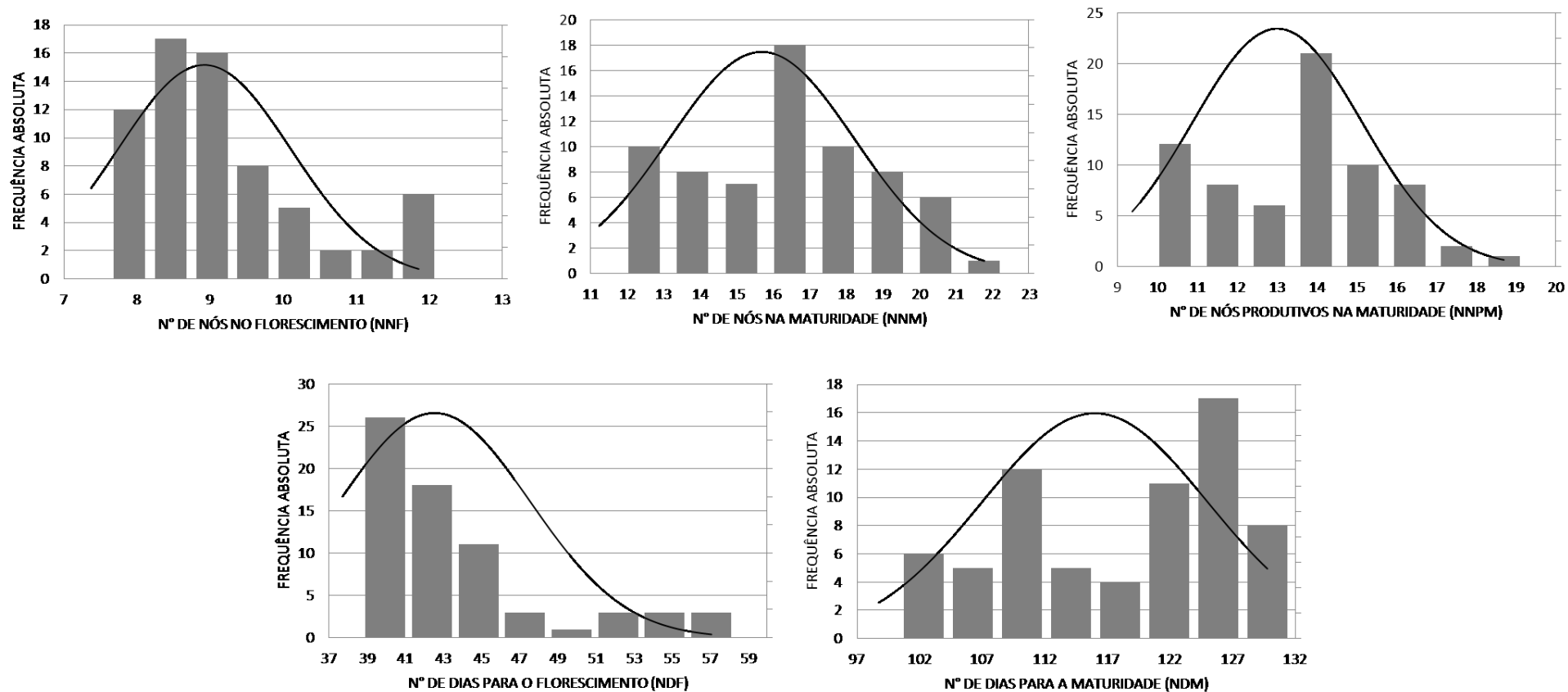


Figura 5B: Distribuição de frequência das médias BLUPS dos caracteres agrônômicos n° de nós no florescimento (NNF), n° de nós na maturidade (NNM), n° de nós produtivos na maturidade (NNPM), n° de dias para o florescimento (NDF) e n° de dias para a maturidade (NDM), avaliados em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

4.2.2. Precisão experimental

Como forma de verificar a precisão experimental, foram calculadas a acurácia seletiva e o coeficiente de variação. As estimativas de acurácia seletiva variaram de 0,70 para altura de inserção da primeira vagem (AIV), até 0,98 para número de dias para o florescimento (NDF) e número de dias para maturidade (NDM). Em relação ao coeficiente de variação (CV), o menor valor foi encontrado para NDM (2,85%), e a maior estimativa foi para acamamento (ACM), 34,14% (Tabela 9).

De acordo com Ferreira (2018), para ensaios agropecuários é esperado um CV menor que 20%, porém o mesmo autor afirma que há circunstâncias que o CV acima de 20% é aceitável, visto que, de acordo com Cruz et al. (2012) quando se trata do estudo de genótipos, vários dos caracteres são de caráter quantitativo, ou seja, controlados por um grande número de genes apresentando controle gênico complexo e sendo assim bastante influenciados pelo ambiente. Desta forma, os CV's acima de 20%, podem ser explicados pelos caracteres deste estudo serem de natureza quantitativa, conforme mostrado nas Figuras 5A e 5B.

Leite, et al. (2016) ao avaliarem 27 genótipos de soja, encontraram um CV de 30,79% para o caráter peso de grãos e de 24,94% para número de vagens. Nicolai, et al. (2017), ao avaliar cultivares de soja sob sistema de plantio direto, estimaram valores de CV de 23,31%, para número de vagens com dois e três grãos, e 30% para número de vagens com um e quatro grãos.

De acordo com Resende e Duarte (2007), olhando do ponto de vista genético, é necessário que sejam precisas todas as estimativas em relação ao valor genotípico de cada um dos genótipos avaliados. Assim, em experimentos envolvendo tratamentos genéticos, estes autores apresentam uma classificação mais assertiva, uma vez que sugere a avaliação do experimento por meio de um novo índice, a acurácia.

No contexto de modelos mistos, no qual o tratamento genético é assumido como aleatório, a acurácia ($\hat{r}_{gg'}$) é obtida considerando-se a variância genética e o meio do erro de predição (PEV). Assim sendo, caracteres que apresentem controle complexo, ou seja, herança quantitativa, sofrem maior influência

ambiental, e, portanto, menor herdabilidade, o que leva a uma menor acurácia (RESENDE; DUARTE, 2007).

Segundo Resende e Duarte (2007), estimativas de acurácia seletiva acima de 0,7 são consideradas de grande precisão, média entre 0,3 e 0,7 e baixa abaixo de 0,3. No caso deste experimento, todas as estimativas de acurácia seletiva foram acima ou bem próximos de 0,7, podendo assim ser considerados com alta precisão experimental.

Follmann et al. (2017) ao avaliarem as relações lineares entre caracteres de soja em três diferentes regiões do estado do Rio Grande do Sul, encontraram valores de acurácia seletiva de 0,590; 0,861 e 0,848 para PROD e de 0,936; 0,887 e 0,882 para AIV. Resultado diferente foi visto por Evangelista et al. (2021), em que ao estimar os parâmetros genéticos em experimento realizado com trinta genótipos de soja, verificou que a acurácia seletiva para PROD foi alta de 0,9.

4.2.3. Herdabilidade

De acordo com Santos Silva et al. (2020) o valor fenotípico pode ser diretamente obtido, seja de um indivíduo ou de uma população, entretanto é o valor genético que será repassado para a próxima geração, e a correspondência entre estes dois valores é medida pela herdabilidade.

Assim, a herdabilidade pode ser conceituada como a proporção herdável da variabilidade fenotípica ou a proporção da variância total que é atribuída aos efeitos médios dos genes, e são estes que determinam o grau de semelhança entre os parentes (FACOLNER, MACKAY, 1996).

Os valores estimados de herdabilidade no sentido amplo para quase todos os caracteres avaliados neste estudo foram iguais ou superiores a 0,70 (Tabela 9); demonstrando que há boas perspectivas de sucesso com a seleção fenotípica, ou seja, pode-se obter nestas progêneses F3 e F4 genótipos superiores e conseqüentemente ganhos genéticos expressivos ao se fazer a seleção, visto que, segundo Ramalho et al. (2012) os coeficientes de herdabilidade podem ser considerados altos quando são acima de 0,7.

Os caracteres AIV, NVM, PGP e PROD apresentaram estimativas de herdabilidade inferiores a 0,7 sendo 0,49; 0,62; 0,48; 0,63 respectivamente (Tabela 9). Ramalho et al. (2012) sugere que a seleção para caracteres que apresentem estimativas de herdabilidade mais baixas, seja realizada em gerações mais avançadas, já que à medida que vão ocorrendo as autofecundações, há o aumento da homozigose, resultado no aumento da herdabilidade no sentido restrito.

Leite et al. (2016) ao avaliar 27 genótipos de soja precoce, obtiveram estimativas de herdabilidade acima de 0,7 para os caracteres APF, APM, NNM e abaixo de 0,7 para PROD, corroborando com os resultados encontrados neste estudo. Porém, o mesmo não ocorreu para AIV e NVP, pois para estes caracteres os autores encontraram estimativas de herdabilidade acima de 0,7; enquanto que no presente estudo, as estimativas ficaram abaixo de 0,7.

Santos et al. (2019) ao estimar os parâmetros genéticos em progênies de soja encontram para os caracteres NDM, APM, AIV, NVP e PGP valores de herdabilidade no sentido amplo semelhantes aos estimados no presente trabalho. Bologna et al. (2014) ao estimar os parâmetros genéticos para caracteres agrônômicos em progênies F3 de soja obtiveram estimativas de herdabilidade no sentido amplo de 0,79 para NDF; de 0,76 para NDM; de 0,25 para APM; de 0,7 para NVP e de 0,74 para PGP.

Silva et al. (2021b) ao estimar os parâmetros genéticos em populações de soja F₂ e F_{2:3}, estimaram coeficientes de herdabilidade ampla de alta magnitude para APF (0,86), NNF (0,81) e APM (0,76).

4.2.4. Correlações genéticas e fenotípicas

De acordo com Cruz, Regazzi, Carneiro (2012) no melhoramento é importante identificar os caracteres de alta correlação e de maior efeito direto em sentido favorável a seleção, de tal modo que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente. Os coeficientes de correlação identificam mudanças ocorridas em um caráter enquanto ocorre a seleção em outro caráter.

No presente estudo, os coeficientes de correlação genotípica foram maiores que as fenotípicas na maioria dos caracteres (Tabela 10). Nogueira et al. (2012) e

Leite et al. (2015) também estimaram correlações genotípicas maiores que as correlações fenotípicas ao avaliar diferentes genótipos de soja.

Tabela 10. Correlações genotípicas (rg) e fenotípicas (rf) entre doze caracteres agrônômicos, avaliados em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

Caráter		APF	NNF	NDM	APM	AIV	NNM	NNPM	NVP	PGP	PROD	ACM
NDF	rg	0,71	0,98	0,73	0,19	-0,10	0,47	0,48	0,38	0,38	0,17	-0,10
	rf	0,68*	0,93*	0,7*	0,16	-0,10	0,44*	0,43*	0,28*	0,25*	0,12	-0,12
APF	rg		0,74	0,21	0,19	-0,10	0,13	0,07	-0,20	-0,04	0,54	0,32
	rf		0,73*	0,18	0,24*	-0,10	0,13	0,08	-0,10	0,05	0,48*	0,34
NNF	rg			0,70	0,31	0,09	0,52	0,51	0,48	0,49	0,30	0,04
	rf			0,63*	0,29*	0,02	0,47*	0,44*	0,34*	0,35*	0,27*	-0,00
NDM	rg				0,31	0,16	0,73	0,73	0,87	0,78	-0,39	-0,10
	rf				0,27*	0,12	0,69*	0,66*	0,67*	0,54*	-0,30*	-0,10
APM	rg					0,48	0,8	0,77	0,27	0,57	0,21	0,60
	rf					0,29*	0,77*	0,73*	0,3*	0,51*	0,20*	0,52*
AIV	rg						0,27*	0,14	0,01	0,32	-0,10	0,46
	rf						0,40	0,28	-0,10	0,01	-0,13	0,21
NNM	rg							0,99	0,64	0,85	-0,14	0,21
	rf							0,97*	0,58*	0,67*	-0,10	0,19
NNPM	rg								0,64	0,84	-0,14	0,11
	rf								0,63*	0,71*	-0,10	0,09
NVP	rg									0,86	-0,57	-0,10
	rf									0,81*	-0,29	-0,20
PGP	rg										-0,42	0,02
	rf										-0,09	0,10
PROD	rg											0,28*
	rf											0,31

1/ NDF: N° dias para o florescimento; APF: Altura de planta no florescimento (cm); NNF: N° nós no florescimento; NDM: N° dias para a maturidade; NNM: N° de nós na maturidade; NNPM: N° de nós produtivos na maturidade; NVP: N° de vagens por planta; AIV: Altura da inserção da 1° vagem (cm); APM: Altura de planta na maturidade (cm); PGP: Produção de grãos por planta (gr); PROD: Produção em kg ha⁻¹; ACM: Acamamento. * Significativo à 5% de probabilidade pelo teste de t.

As correlações genotípicas foram positivas e de alta magnitude entre NDF e os caracteres APF (0,71), NNF (0,98) e NDM (0,73) (Tabela 10). O caráter NDF também apresentou correlação positiva com APM, porém de baixa magnitude (0,19). Vianna et. al. (2015) ao avaliar diferentes genótipos de soja estimaram correlações positivas, porém de baixa magnitude entre a caráter NDF e os caracteres APF (0,46), NNF (0,59) e NDM (0,19). Os mesmos autores, assim como

no presente trabalho também estimaram uma correlação positiva e de baixa magnitude entre NDF e APM (0,36).

Correlações genotípicas positivas e de alta magnitude também foram encontradas entre NDM e os caracteres NNM (0,73), NNPM (0,73), NVP (0,87) e PGP (0,78) (Tabela 10) sugerindo que ao selecionar plantas mais precoces, o qual foi um dos critérios de seleção deste estudo, a tendência é que as progênies apresentem um menor NNM, NNPM, NVP.

Vianna et al. (2015) estimaram valores de correlação divergentes quando comparado ao presente estudo, pois encontraram uma correlação entre NDM e NNPM negativa e de baixa magnitude (-0,20) e uma correlação positiva, porém de baixa magnitude entre NDM e NNM (0,35).

Houve também correlação genotípica positiva de alta magnitude entre APM e os caracteres NNM (0,80) e NNPM (0,77) e média magnitude com NNF (0,31) e ACM (0,52) (Tabela 10). Isto demonstra que, plantas mais altas na maturidade tendem a apresentar maior número de nós produtivos, porém podem apresentar uma maior tendência ao acamamento. Silva et al. (2021b) estudando diferentes populações de soja, encontraram correlação positiva e de alta magnitude entre APM e NNF (0,72).

Leite et al. (2015) também encontraram uma correlação genotípica positiva entre APM e número de nós, porém de média magnitude (0,48). Resultado diferente foi encontrado por Vianna et al. (2015), os quais estimaram uma correlação negativa e de baixa magnitude entre APM e NNPM (-0,18).

O caráter APM também apresentou correlação genotípica positiva de média magnitude com AIV (0,48) (Tabela 10), o que corrobora com Zuffo et al. (2018), os quais ao estimar as correlações com o objetivo de avaliar a influência de diferentes caracteres agrônômicos em cultivares de soja, encontraram uma correlação positiva de média magnitude entre APM e AIV (0,645).

Correlações genéticas positivas e de alta magnitude foram encontradas entre PGP e NNM (0,85), NNPM (0,84) e NVP (0,86) (Tabela 10), indicando que plantas com maior quantidade de nós e maior número de vagens tendem a apresentar maior peso de grãos por planta. Isto corrobora com os resultados de Zuffo et al. (2018) os quais também encontraram forte e positiva correlação

genotípica entre PGP e os caracteres NNM (0,85), NNPM (0,84), NVP (0,86) ao avaliar diferentes cultivares de soja.

Para o caráter PROD notou-se que houve uma expressiva queda nas magnitudes das correlações em relação a todos os caracteres estudados. E para os caracteres NDM, NNM, NNPM, NVP e PGP as correlações apresentaram valores no sentido negativo (Tabela 10). Esses resultados muito próximos de zero (-0,1 a 0,1) são um indicativo de ausência de correlação entre PROD e NDM, NNM, NNPM, NVP, PGP no conjunto de dados estudados nesta pesquisa.

4.2.5. Ganhos com a seleção direta e indireta

Para um melhor desempenho do programa de melhoramento e uma melhor orientação das decisões tomadas pelos melhoristas faz-se necessário o conhecimento dos ganhos com a seleção para o correto avanço ou descarte de populações, e também para a concentração de todos os esforços em caracteres que tragam ganho de potencial genético ao programa (CRUZ; REGAZZI; e CARNEIRO, 2012).

Ramalho et al. (2012) afirmam que baixas proporções de seleção, podem ser prejudiciais para o programa de melhoramento, pois estreitam a base genética da população, reduzindo a variabilidade genética, e conseqüentemente, prejudicando as próximas gerações de seleção dificultando assim, a identificação de genótipos superiores. Dado isso, na presente pesquisa, foi escolhida a proporção de seleção de 25%, ou seja, das 63 progênies avaliadas neste estudo, 16 seriam selecionadas visando o ganho genético.

Em relação ao ciclo da cultura, o critério de seleção utilizado foi o decréscimo para os caracteres NDF e NDM, pois o objetivo do programa é desenvolver cultivares de soja que sejam de ciclo precoce, visto que de acordo com Gesteira et al. (2015) ao se utilizar cultivares mais precoces, é possível propiciar boas condições de cultivo para a segunda safra, na qual geralmente se é cultivado o milho.

A seleção direta visando precocidade, quando aplicada nos caracteres NDF e NDM ocasionou uma redução nos mesmos de -9,59% e -10,28% respectivamente. Foi observada também uma queda de -2,13% em NDF e -4,54%

em NDM por meio da seleção indireta via APM (Tabela 11). Bizari et al. (2017) ao avaliar progênies F5 de soja, também estimaram uma redução na média de NDM de -17,65% quando utilizado a seleção direta e Silva et al. (2021b) ao realizar um estudo com 145 progênies F_{2:3} encontraram ganhos de seleção negativos para NDF (-5,34%) e NDM (-4,22%).

Observou-se que a seleção sobre NDF e NDM ocasionou indiretamente ganhos negativos em todos os outros caracteres, com exceção de PROD e ACM. Nestes, houve valores positivos de 0,90% e 1,60% respectivamente quando realizada a seleção sobre APF; e 8,13% e 7,93% quando feita a seleção sobre APM (Tabela 11).

Segundo Sedyama, Silva e Borém (2015), plantas de soja com altura superior a 100 cm dificultam a eficiência das colhedoras e tendem ao acamamento e a produzir menos, sendo que plantas com altura em torno de 80 cm seria o ideal para uma boa colheita mecanizada. Assim, o critério de seleção utilizado para altura de plantas foi a redução de APF e APM.

Tabela 11. Estimativa de ganhos genéticos esperados com a seleção direta (GSD) e indireta (GSI), para diferentes caracteres agrônômicos, a uma proporção de seleção (PS)^{2/} de 25%, em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

Caráter ^{3/}	Ganho de seleção (%)											
	NDF	NDM	APF	APM	AIV	NNF	NNM	NNPM	NVP	PGP	PROD	ACM
NDF	-9,59^{1/}	-6,52	-7,43	-5,98	-1,00	-10,61	-8,89	-8,02	-9,83	-4,48	0,90	1,60
NDM	-8,32	-10,28	2,01	-5,45	-1,46	-7,96	-13,72	-13,23	-16,09	-6,40	8,13	7,93
APF	-4,16	2,39	-19,93	-5,18	-2,53	-7,21	1,24	3,06	7,84	1,48	-7,67	-20,28
APM	-2,13	-4,54	-2,05	-19,01	-2,50	-3,29	-17,89	-17,09	-9,65	-6,94	0,79	-12,22
AIV	1,32	1,96	-1,68	-0,74	17,64	0,97	-0,04	2,74	10,55	4,19	-0,41	-7,61
NNF	15,31	7,71	17,67	5,09	2,20	20,56	12,49	12,00	7,16	4,72	1,42	-3,58
NNM	5,19	6,11	4,76	15,13	4,94	6,73	20,17	19,89	10,25	8,26	-2,22	7,36
NNPM	6,37	5,87	3,36	13,30	3,47	7,46	19,71	22,13	9,92	7,43	-2,91	1,60
NVP	1,32	5,50	-3,89	4,31	-0,13	2,69	9,75	10,16	-8,02	9,38	-2,58	-5,89
PGP	4,95	4,11	9,09	10,63	1,54	8,16	12,14	12,50	14,37	12,86	1,91	7,93
PROD	1,84	-3,43	12,47	2,77	-0,87	4,95	-0,60	-1,02	-7,13	-1,08	12,09	15,42
ACM	3,26	1,38	-6,45	-11,26	-1,91	0,53	-4,49	-2,95	3,10	-0,77	-4,68	-34,68

1/: Em negrito corresponde ao ganho com a seleção direta no caráter, os demais valores a seleção indireta. 2/: Proporção de Seleção correspondente a 16 progênies. 3/: NDF: N° dias para o florescimento; NDM: N° dias para a maturidade; APF: Altura de planta no florescimento (cm); APM: Altura de planta na maturidade (cm); NNF: N° nós no florescimento; NNM: N° de nós na maturidade; NNPM: N° de nós produtivos na maturidade; NVP: N° de vagens por planta; AIV: Altura da inserção da 1° vagem (cm); PGP: Produção de grãos por planta (gr); PROD: Produção em kg ha⁻¹; ACM: Acamamento.

Observou-se que quando realizada a seleção direta, há queda em APF (-19,93%) e em APM (-19,01%). Foram também observados ganhos negativos nestes caracteres quando realizada a seleção indireta por meio dos caracteres NDF, NDM, AIV e ACM (Tabela 11). Diferentemente, Bizari et al. (2017) estudando sete populações segregantes de soja, ao realizar a seleção direta, obteve ganhos de seleção de 27,55% para APF e 12,68% para APM.

Segundo Sediyaama, Silva e Borém (2015), AIV deve estar entre 10 e 15 cm, evitando assim danos e perdas, contribuindo para a colheita mecanizada. Visto isso, o critério de seleção estabelecido foi selecionar plantas com uma inserção da primeira vagem mais baixa. Observou-se um aumento desse caráter quando realizada a seleção direta (17,64%), porém houve redução quando há uma seleção sobre os caracteres NDF, NDM, APF e APM (Tabela 11), demonstrando que para este conjunto de dados, a seleção indireta para AIV seria a melhor opção.

Os caracteres NNF, NNM, NNPM, apresentaram ganhos positivos com a seleção direta (Tabela 11), o que é de grande interesse, visto que Matsuo, Ferreira e Sediyaama (2015) afirmam que o número total de nós é um componente importante da produtividade em soja. Akram et al. (2016) ao avaliar 11 genótipos de soja, encontraram um ganho direto positivo de 0,073 para NNF e de 1,96 para NNPM.

Observou-se também que NNF, NNM, NNPM foram influenciados de forma negativa quando realizada a seleção visando reduzir NDF e NDM, demonstrando que a seleção para precocidade poderia prejudicar a quantidade de nós para este conjunto de progênies (Tabela 11).

Foi observada uma queda no caráter NVP quando realizada a seleção direta (-8,02%), e também quando realizada a seleção indireta via NDF (-9,83%), NDM (-16,09%), e APM (-9,65%). Porém, ganhos positivos são esperados para este caráter quando houve a seleção sobre os caracteres NNF (7,16%), NNM (10,25%) e NNPM (9,92%), mostrando que para este conjunto de dados, a opção de seleção indireta via NNF, NNM e NNPM seria mais interessante que a seleção direta (Tabela 11).

Para o caráter PGP, o maior ganho seria com a seleção direta (12,86%), seguido da seleção indireta via seleção dos caracteres NVM (9,38%), NNM (8,26%), NNPM (7,43%). Ganhos negativos para este caráter foram observados

quando realizada a seleção sobre os caracteres NDF (-4,48%), NDM (-6,40%) e APM (-6,94%) (Tabela 11).

Para o caráter ACM houve ganho negativo de -34,68% quando realizada a seleção direta no caráter. A seleção indireta via APF também ocasionou uma redução em ACM (-20,28%), seguido por APM (-12,22%), demonstrando que ao se fazer seleção visando diminuir altura de planta, conseqüentemente o acamamento também poderá ser reduzido (Tabela 11).

Observou-se para o caráter PROD que a seleção direta seria a melhor opção para aumentar a média deste caráter, visto que houve ganho positivo de 12,09% quando utilizada esta estratégia de seleção (Tabela 11). Resultado semelhante foi encontrado por Silva et al. (2021b) em estudo com progênies F_{2:3} de soja, onde os autores encontram um ganho positivo com a seleção direta sobre PROD de 16,19%. Ganhos positivos em PROD também são esperados, porém de menor magnitude, quando há seleção indireta via NDF (0,90%), NDM (8,13%), NNF (1,42%) e PGP (1,91%) (Tabela 11).

Ganhos negativos são esperados em PROD quando realizada a seleção sobre os caracteres NNM (-2,22%), NNM (-2,22%), NNPM (-2,91%). Estes dados estão de acordo com a análise de correlação, onde PROD apresentou correlações de baixa magnitude de sinal negativo com NNM, NNM, NNPM (Tabela 11).

De acordo com Smiderle et al. (2016), alterações nos componentes NNM, NNM, NNPM são responsáveis diretos pelo ajuste de produtividade, assim pode-se concluir que para este conjunto de dados, não seria interessante a seleção indireta para PROD utilizando a seleção sobre estes caracteres, com risco de se reduzir a média de produtividade das progênies em estudo.

4.2.6. Ganhos por meio dos Índices de Seleção

A utilização dos índices de seleção, como critério no processo seletivo, propicia resultados relativamente superiores quando comparado à seleção direta do caráter, pois há obtenção de ganhos simultâneos e equilibrados para a maioria dos caracteres em estudo. De modo geral, com a utilização dos índices, o ganho direto sobre o caráter é reduzido ao se fazer a seleção indireta, entretanto esta

redução é compensada pela melhor distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Desta forma, o processo seletivo utilizando os índices é baseado nos valores dos índices, os quais são considerados valores numéricos. Estes valores numéricos funcionam como um caráter adicional, teórico, e é resultante da combinação linear de todos os caracteres de interesse para cada caráter a ser selecionado, independente da existência ou não de correlação entre eles (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na presente pesquisa, os índices utilizados foram o Índice Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); Índice da Soma de “Ranks” de Mulamba & Mock (1978) (M&M); e Índice da Soma de “Ranks” de Mulamba & Mock (M&M2) com a não definição dos pesos econômicos. Os pesos econômicos foram estimados com base na variabilidade genética, conforme sugerido por Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012 e estão disponíveis na tabela 12.

Tabela 12. Definição dos pesos econômicos com base na variabilidade genética conforme sugerido por Cruz (1990), em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

Caráter ^{1/}	Peso econômico (%)
NDF	12,04
APF	23,13
NNF	14,40
NDM	7,90
APM	16,54
NNM	16,98
NNPM	17,73
AIV	10,62
NVP	22,69
PGP	14,97
PROD	14,88
ACM	31,83

1/ NDF: N° dias para o florescimento; APF: Altura de planta no florescimento (cm); NNF: N° nós no florescimento; NDM: N° dias para a maturidade; APM: Altura de planta na maturidade (cm); NNM: N° de nós na maturidade; NNPM: N° de nós produtivos na maturidade; AIV: Altura da inserção da 1° vagem (cm); NVP: N° de vagens por planta; PGP: Produção de grãos por planta (gr); PROD: Produção em kg ha⁻¹; ACM: Acamamento.

Estimou-se os ganhos de seleção para os caracteres avaliados neste estudo (Tabela 13), e, de modo geral, quando comparados com os ganhos pela seleção direta (Tabela 11), verificou-se que esta última, apresentou ganhos superiores para todos os caracteres avaliados.

Tabela 13. Estimativa de ganhos genéticos esperados pela seleção pelos índices Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) e Mulamba & Mock (1978) (M&M e M&M2), em diferentes caracteres agronômicos, para 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivados em Uberlândia/MG, na safra 2020/2021.

Caratér ^{1/}	Ganho de Seleção (%)		
	Clássico	M&M ^{2/}	M&M2 ^{3/}
NDF	2,59	-0,38	-1,75
NDM	4,66	3,25	1,75
APF	-1,62	-14,46	-13,62
APM	8,01	3,02	4,74
NNF	2,73	-2,02	-1,7
NNM	11,29	8,58	8,66
NNPM	9,93	10,94	10,97
NVP	5,14	14,78	12,81
AIV	6,34	-0,07	-1,67
PGP	3,41	7,27	7,21
PROD	-9,3	-2,78	-0,12
ACM	1,02	-23,16	-14,52

1/: NDF: N° dias para o florescimento; NDM: N° dias para a maturidade; APF: Altura de planta no florescimento (cm); APM: Altura de planta na maturidade (cm); NNF: N° nós no florescimento; NNM: N° de nós na maturidade; NNPM: N° de nós produtivos na maturidade; NVP: N° de vagens por planta; AIV: Altura da inserção da 1° vagem (cm); PGP: Produção de grãos por planta (gr); PROD: Produção em kg ha⁻¹; ACM: Acamamento. 2/ M&M: Peso econômico com base na variabilidade genética conforme sugerido por Cruz (1990). 3/ Pesos econômicos não definidos.

Em relação a ciclo, os índices M&M e M&M2 apresentaram ganhos negativos para NDF de -0,38% e -1,75% respectivamente, enquanto que o índice clássico apresentou um ganho positivo de 2,59% (Tabela 13). Isso mostra que, neste conjunto de progênies, os índices M&M e M&M2 melhor se aplicam para este caráter, visto que houve redução de NDF utilizando estes índices e o critério de seleção utilizado nesta pesquisa foi a precocidade, ou seja reduzir NDF.

O caráter NDM apresentou ganhos positivos com a seleção para todos os três índices (Tabela 13), o oposto do que foi estimado por Bizari et al. (2017) que ao avaliar progênies F5 de soja, estimaram uma redução de NDM de -0,40% e -0,60% para os índices de Clássico e M&M respectivamente.

Ganhos negativos foram encontrados nos três índices para o caráter APF, sendo, para o índice clássico -1,62%, para M&M -14,46 e para M&M2 -13,62. Neste caso, os índices M&M e M&M2 melhor se aplicam ao selecionar para este caráter, visto que a seleção visa sua redução, e a seleção com base nestes dois índices ocasionou quedas mais significativas em APF quando comparados ao índice Clássico. Já para APM houve ganhos positivos, sendo o índice Clássico com 4,66%, seguido de M&M 3,25% e M&M2 1,75% (Tabela 13).

Silva et al. (2021b) ao avaliar diferentes populações de soja F₂ e F_{2:3} verificaram que fazendo a seleção por meio de M&M encontraram ganhos de seleção positivos para NNF (1,89%), APF (7,18%) e APM (10,69%).

Para o caráter ACM, houve queda quando utilizados os índices M&M (-23,16%) e M&M (-14,62%) enquanto que o índice Clássico apresentou um valor positivo 1,02% (Tabela 13). Desta forma, os índices M&M e M&M2 melhor se aplicaram para a seleção deste caráter, visto que o critério de seleção foi a redução de ACM.

Em relação aos caracteres NNM, NNPM e NVP os índices M&M e M&M2 apresentaram maiores ganhos em comparação com o índice Clássico. Os ganhos para o caráter NVP foram os que apresentaram a maior magnitude sendo 14,78% para o índice M&M e 12,81% para M&M2 (Tabela 13).

Todos os índices avaliados demonstraram uma predição de ganhos genéticos negativos para o caráter PROD. O índice Clássico foi aquele que apresentou menor valor de predição para este caráter (- 9,3%), seguido do índice M&M (-2,78) e M&M2 (-0,12%) (Tabela 13).

4.2.7. Seleção das progênies superiores

Realizou-se, portanto a seleção das progênies com base na seleção direta (SD) visando aumentar a média de PROD, e também a seleção através dos Índices Clássico, Soma de “Ranks” (M&M) e Soma de “Ranks” com a não definição dos pesos econômicos (M&M2), a uma proporção de seleção de 25%, o que corresponde a 16 progênies selecionadas por cada um dos métodos (Tabela 14).

Tabela 14. Progênies selecionadas com uma proporção de seleção (PS) de 25%(*), pelos métodos de Seleção Direta (SD) para aumento de produtividade, pelo Índice Clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), e pelo Índice da Soma de “Ranks” de Mulamba & Mock (1978) (M&M) e Índice da Soma de “Ranks” de Mulamba & Mock (1978) (M&M2) com a não definição dos pesos econômicos, em 63 progênies F3 e F4 de soja, cultivadas em Uberlândia/MG na safra 2020/2021.

SD	Índice Clássico	M&M	M&M2
PMGS_UFU007	PMGS_UFU001	PMGS_UFU001	PMGS_UFU003
PMGS_UFU021	PMGS_UFU002	PMGS_UFU003	PMGS_UFU004
PMGS_UFU028	PMGS_UFU003	PMGS_UFU004	PMGS_UFU007
PMGS_UFU072	PMGS_UFU004	PMGS_UFU006	PMGS_UFU008
PMGS_UFU076	PMGS_UFU005	PMGS_UFU008	PMGS_UFU009
PMGS_UFU078	PMGS_UFU011	PMGS_UFU009	PMGS_UFU011
PMGS_UFU082	PMGS_UFU013	PMGS_UFU011	PMGS_UFU017
PMGS_UFU086	PMGS_UFU014	PMGS_UFU017	PMGS_UFU018
PMGS_UFU090	PMGS_UFU020	PMGS_UFU018	PMGS_UFU019
PMGS_UFU094	PMGS_UFU026	PMGS_UFU019	PMGS_UFU021
PMGS_UFU096	PMGS_UFU028	PMGS_UFU022	PMGS_UFU022
PMGS_UFU097	PMGS_UFU077	PMGS_UFU024	PMGS_UFU025
PMGS_UFU098	PMGS_UFU093	PMGS_UFU025	PMGS_UFU028
PMGS_UFU099	PMGS_UFU095	PMGS_UFU028	PMGS_UFU029
PMGS_UFU101	PMGS_UFU100	PMGS_UFU029	PMGS_UFU076
PMGS_UFU103	PMGS_UFU102	PMGS_UFU076	PMGS_UFU094
Média das selecionadas			
4.642,28 kg ha ⁻¹	3.786,81 kg ha ⁻¹	4.058,98 kg ha ⁻¹	4.170,35 kg ha ⁻¹
Ganho de seleção em produtividade			
12,09%	-9,3%	-2,78%	-0,12%

As progênies selecionadas, apresentaram pela seleção direta, uma média de PROD de 4.642,28 kg ha⁻¹, seguida de M&M2 com 4.170,35 kg ha⁻¹, M&M com 4.058,98 kg ha⁻¹, e Clássico com 3.786,81 kg ha⁻¹ (Tabela 14).

Do ponto de vista prático, sabe-se que dentro de um programa de melhoramento, é preciso escolher, entre as estratégias de seleção avaliadas, qual seria aquela que entregaria as progênies mais adaptadas e que estejam de acordo com os objetivos iniciais do programa.

A seleção direta demonstrou um ganho em PROD cerca 12% maior que a média encontrada para os três índices utilizados nesta pesquisa (Tabela 14). Caso a seleção direta fosse a estratégia escolhida, as progênies mais produtivas poderiam ser as selecionadas, porém haveria o risco de avanço de progênies com

atributos que não estejam alinhados com os objetivos do programa, como progênies mais altas, mais tardias, com maior inserção da primeira vagem, maior acamamento, devido as correlações negativas que podem ocorrer entre os diferentes caracteres avaliados.

Os índices M&M e M&M2 demonstraram maiores ganhos em relação a importantes caracteres como NNM, NNPM, NVP, PGP quando comparados com o índice clássico (Tabela 13) e este ganho é de grande interesse, visto que, estes caracteres podem influenciar direta ou indiretamente a produtividade.

Observou-se também que os índices M&M e M&M2 proporcionaram uma redução em NDF, contribuindo para a seleção de progênies mais precoces, enquanto que o índice Clássico apresentou um ganho positivo para este caráter. Além disso, uma queda muito interessante também foi observada nestes dois índices para os caracteres AIV e ACM (Tabela 13).

Desta forma, é possível afirmar que os Índices M&M e M&M2, quando comparados a seleção direta e ao índice Clássico, demonstraram ser as estratégias de seleção mais eficientes para a seleção das progênies presentes neste estudo, pois, apesar de terem apresentado ganhos negativos para PROD, observou-se, conforme exposto, ganhos mais equilibrados para os outros caracteres.

Este resultado corrobora com os resultados de Leite et al. (2016), que em pesquisa com diferentes índices de seleção em populações de soja, encontraram o índice de soma de “ranks” proporcionou os melhores ganhos quando comparados aos índices Clássico, Willians (1962) e Pesek e Baker (1969).

Leite et al. (2018) também confirmaram a eficiência da metodologia do índice de seleção de soma de “ranks” (M&M) em um estudo para verificar a concordância deste índice de seleção com técnicas multivariadas, no processo seletivo de progênies F₅ de soja RR. Com este estudo os autores chegaram à conclusão que este índice selecionou as mesmas progênies que a técnica multivariada, reforçando o potencial desta estratégia de seleção na seleção de genótipos superiores.

Apesar dos dois índices terem tido comportamentos semelhantes, verificou-se que as progênies selecionadas pelo índice M&M2 apresentaram uma média de produtividade cerca de 3% maior do que a média das progênies selecionadas pelo índice M&M (Tabela 14), sendo assim, as progênies que deverão ser avançadas dentro do programa de melhoramento deverão ser aquelas selecionadas pelo

índice M&M2, que são: PMGS_UFU003, PMGS_UFU004, PMGS_UFU007, PMGS_UFU009, PMGS_UFU011, PMGS_UFU017, PMGS_UFU018, PMGS_UFU019, PMGS_UFU021, PMGS_UFU022, PMGS_UFU025, PMGS_UFU028, PMGS_UFU029, PMGS_UFU076, PMGS_UFU094.

5. CONCLUSÕES

Os caracteres da fase vegetativa em soja permitem inferir sobre a diversidade genética e identificar genitores divergentes. Os genótipos PMGS_UFU100 e PMGS_UFU104 são genótipos muito similares, e o cruzamento entre eles pode promover poucos ganhos. Em contrapartida os genótipos PMGS_UFU081 e PMGS_UFU103 mostram-se bastante divergentes dos demais. Desta forma, esses genótipos são importantes recursos genéticos para explorar a máxima heterose em futuros cruzamentos.

O caráter comprimento do epicótilo foi o que mais contribuiu para a diversidade genética da soja analisada por meio de caracteres da fase vegetativa.

As estimativas de herdabilidade para os caracteres agrônômicos nas 67 progênies de soja oscilaram entre 0,48 e 0,96 evidenciando condições favoráveis para o processo seletivo.

O caráter PGP apresenta correlação positiva e de alta magnitude com os caracteres NNM, NNPM e NVP, indicando que a seleção sobre estes caracteres pode contribuir indiretamente para o aumento de PGP. NDM também apresenta correlação positiva e de alta magnitude com os caracteres NNM, NNPM e NVP, indicando que a seleção visando precocidade (reduzir NDM) pode ocasionar quedas na média destes caracteres.

O índice da soma de “ranks” com a não definição dos pesos econômicos (M&M2) se mostrou ser a melhor estratégia de seleção, e as progênies selecionadas por este índice foram as escolhidas para serem avançadas no programa de melhoramento, as quais foram: PMGS_UFU004, PMGS_UFU007, PMGS_UFU009, PMGS_UFU011, PMGS_UFU017, PMGS_UFU018, PMGS_UFU019, PMGS_UFU021, PMGS_UFU022, PMGS_UFU025, PMGS_UFU028, PMGS_UFU029, PMGS_UFU076, PMGS_UFU094.

6. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, R. D. DE; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Tocantins. *Revista Ciência Agronômica*, v. 42, p. 108-115, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000100014>.

AKRAM, S. et al. Genetic variability and association analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) for yield and yield attributing traits. *Plant Gene and Trait*, v. 7, n. 13, p. 1-11, 2016. <https://doi.org/10.5376/pgt.2016.07.0013>.

ALVES, G. F.; NOGUEIRA, J. P. G.; JUNIOR, R. M.; FERREIRA, S. DA C.; NASCIMENTO, M.; MATSUO, E. Stability of the hypocotyl length of soybean cultivars using neural networks and traditional methods. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.49, n.03, 2019. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20180300>.

ASSOCIAÇÃO NACIONAL DOS EXPORTADORES DE GRÃOS (ANEC). 2021 Full year summary. Brazilian exports of soybeans, soybean meal and maize. São Paulo, 2022. Disponível em: < <https://anec.com.br/uploads/cky0k4f0i004bbjtx134phyni.pdf> >. Acesso em: 03 mar. 2022.

AVIANI, D. de M.; MACHADO, R. Z. Proteção de Cultivares e Inovação. In: BUAINAIN, A. M.; BONACELLI, M. B. M.; MENDES, C. I. C. Propriedade Intelectual e Inovações na Agricultura. – Brasília ; Rio de Janeiro: CNPq, FAPERJ, INCT/PPED, IdeiaD; p. 225-242, 2015. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1047036/propriedade-intelectual-e-inovacoes-na-agricultura> >. Acesso em: 03 mar. 2022.

BARROSO, L.P.; ARTES, R. Análise multivariada. Lavras: UFLA, p. 151, 2003.

BATISTA, L. G. et al. Multigeneration index in the selection of common bean inbred families. *Crop Science*, Madison, v. 57, n. 5, p. 2354-2360, 2017. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.08.0665>.

BERNARD, R. L.; CHAMBERLAIN, D. W.; LAWRENCE, R. D. (Eds.). Results of the cooperative uniform soybeans tests Part I. North Central States 1965. Uniform Soybean Tests Northern Region. v.27. Washington, 1965.

BERNARDO, R. Breeding for quantitative traits in plants. 3° ed. Woodbury: Stemma Press, 2020.

BIZARI, H. E. et al. Índices de seleção para caracteres agronômicos em populações segregantes de soja. *Revista Ciência Agronômica*, v.48, n. 1, p.110-117, 2017.

BOLOGNA, S.B.; ROJAS, E.; SOLDINI, D.O.; GILLI, J.R.; SEQUIN, L.; MARTINEZ ALVAREZ, D.L. Development of soya germplasm without lipoxigenases and

antinutritional factors. *Journal of Basic & Applied Genetics*, Buenos Aires, v.25, n.1, p.9-20, 2014.

BORÉM, A; MIRANDA, G.V. (Ed). Melhoramento de plantas. Viçosa, MG: Editora UFV, 2013.

BORNHOFEN, E. et al. Wheat yield improvements in Brazil roles of genetics and environment. *Crop Science*, Madison, v. 58, n. 3, p. 1082-1093, 2018. <https://doi.org/10.2135/cropsci2017.06.0358>.

BHUIYAN, M. S. H. et al. Increased yield performance of mutation induced Soybean genotypes at varied agro-ecological conditions. *Brazilian Journal of Biology*, 2024, vol. 84, 2021. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.255235>.

CARNEIRO, A. R. T. et al. Selection strategies in agronomic characters in progenies F3:4 of transgenic soy RR. *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras, MG, v. 45:e012421, 2021. <https://doi.org/10.1590/1413-7054202145012421>.

CAMARGOS, T. V. DE C.; CAMPOS, N. S. DE; ALVES, G. F.; FERREIRA, S. DA C.; MATSUO, E. The effect of soil volume, plant density and sowing depth on soybean seedlings characters. *Agronomy Science and Biotechnology*, v.5, p. 47-58, 2019. <https://doi.org/10.33158/ASB.2019v5i2p47>.

CASTRO, D. O. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja LibertyLink® por REML/BLUP. Dissertação de Mestrado em Agronomia, UNB, Brasília/DF, 2019. Disponível em: < https://repositorio.unb.br/bitstream/10482/37515/1/2019_DaniLOliveiradeCastro.pdf>. Acesso em: 03 mar. 2022.

CASTRO, K. S. et al. Seleção de populações de soja para precocidade e alta produtividade de grãos. *Research, Society and Development*, v. 9, n. 7, 2020.

COÊLHO, D. J.; XIMENES, F.L. Complexo Soja. Caderno Setorial ETENE (Escritório Técnico de Estudos Econômicos do Nordeste), Ano 5, n. 131, 2020. Disponível em:< https://www.bnb.gov.br/s482-dspace/bitstream/123456789/385/1/2020_CDS_131.pdf>. Acesso em: 04 mar. 2022.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (CONAB). Estimativa da produção nacional de grãos da safra 2021/2022. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/ultimas-noticias/4579-producao-nacional-de-graos-e-estimada-em-269-3-milhoes-de-toneladas-na-safra-2021-22#:~:text=A%20s%C3%A9tima%20estimativa%20da%20safra,obtida%20na%20safra%202020%2F21>>. Acesso em: 04 mar. 2022.

COLWELL, Brian. A Giant-Sized History of Soybean, 2017. Disponível em: <https://briandcolwell.com/a-giant-sized-history-of-soybeans/>. Acesso em: 04 mar. 2022.

CORREA, V. R. S.; DE OLIVEIRA, T. C.; DE OLIVEIRA, A. J.; BARELLI, M. A. A.; DA SILVA, V. P.; GALBIATI, C.; POLETINE, J. P. Dissimilaridade fenotípica em genótipos de girassol. *Research, Society and Development*, v. 9, n. 11, 2020. <https://doi.org/10.33448/rsd-v9i11.9814>.

COSTA, M. I. A.; MELO, L. DE A.; FERREIRA, S. DA C.; MATSUO, E. Morfometria reprodutiva e diversidade genética em cultivares de soja. *Nucleus*, v. 15, n. 2, p. 207-215, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2894>.

COSTA, S. M.; GODINHO, T. DE O.; MOREIRA, S. O. Qualidade e diversidade genética de mudas de cultivares de café arábica produzidas em tubetes. X Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, Vitória, ES. Disponível em: < <http://www.consorciopesquisacafe.com.br/ojs/index.php/SimposioCafe2019/article/download/437/402>>, 2019. Acesso em: 15 mar. 2022.

CRUZ, C. D.; et al. Biometria aplicada ao melhoramento genético. In: SILVA, F. et al. (ed.). Melhoramento da Soja. Viçosa MG, Ed. UFV, 2017.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético. 4ª edição, v.1, Viçosa: Ed. UFV, 2012.

CRUZ, C. D., CARNEIRO, P. C. S., REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 3ª edição, v. 2, Viçosa: Ed. UFV, 2014.

CRUZ, C. D. et al. Biometrics applied to soybean breeding. In: LOPES, F.S. et al., Soybean Breeding. Cham: Springer, cap. 11, p. 193-227, 2017. Disponível em: < https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-57433-2_11>. Acesso em: 04 mar. 2022.

CRUZ, C. D.; Princípios de Genética Quantitativa. Viçosa: Ed. UFV, 2012.

CRUZ C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L.A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. 1ª edição, Visconde do Rio Branco: Ed. Suprema, 2011.

DARONCH, D. J. et al. Eficiência ambiental e divergência genética de genótipos de soja na região central do Tocantins. *Revista Cultura Agronômica*. v. 28, p. 1-18, 2019. <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n1p1-18>.

DELLAGOSTIN, M. Dissimilaridade genética em população segregantes de soja com variabilidade para caracteres morfológicos de semente. *Revista Brasileira de Sementes*. v. 33 (4), p. 689-698, 2011. <https://doi.org/10.1590/S0101-31222011000400011>.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA (EMBRAPA). Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014. Londrina, 2013. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/975595/tecnologias-de-producao-de-soja---regiao-central-do-brasil-2014>>. Acesso em: 04 mar. 2022.

EVANGELISTA, J. S. P. C. et al. Soybean productivity, stability, and adaptability through mixed model methodology. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.51(2), p. 1-10, 2021. <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20200406>.

FALCONER, D.S. Introdução à genética quantitativa. Trad. SILVA, M. A. & SILVA, J. C. Viçosa, UFV, Imprensa Universitária, 1987.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to quantitative genetics, 4^o edição, Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996.

FEHR, W. R. Principles of cultivar development. New York: Macmillan Publishing Company, 1987.

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

FERREIRA, 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 óctuplos. *Revista Ciência Agrônômica*, v. 46, n. 02, p.339-351, 2015. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013>.

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

FOLLMANN, D. N. et al. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. *Bragantia*, v. 78, p.197-207, 2019. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180194>.

FOLLMANN, D. N.; et al. Relações lineares entre caracteres de soja safrinha. *Revista de Ciências Agrárias*, v. 40, n.1, p. 213-221, 2017. <https://doi.org/10.19084/RCA16027>.

GAIA, T. C.; BARBOSA, C. R.; PINTO, L. H. V. Exportações de soja e medidas SPS. Estudo da competitividade do Brasil e Estados Unidos no mercado Chinês. *Revista de Economia e Agronegócio*, v.19: p. 01-26, 2021. Disponível em: <file:///E:/Meus%20Documentos/Mestrado/Disserta%C3%A7%C3%A3o/Artigos/EXPORTA%C3%87%C3%83O%20SOJA%202021.pdf> > Acesso em: 03 mar. 2022.

GAZZONI, D.L. DALL'AGNOL, A. A saga da soja: de 1050 a.C. a 2050 d.C. Embrapa, Brasília, 2018. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1093166/a-saga-da-soja-de-1050-ac-a-2050-dc>>. Acesso em: 10 mar. 2022.

GESTEIRA, G. S. et al. Seleção fenotípica de cultivares de soja precoce para a região Sul de Minas Gerais. *Revista AgroAmbiental*, Porto Alegre, v. 7, p. 78-99, 2015. <https://doi.org/10.18406/2316-1817v7n32015730>.

GEZAN, S. A.; MUNOZ, P. R.; CARVALHO, M. P. de. Analysis of experiments using ASReml: with emphasis on breeding trials. Viçosa, 2014. Disponível em: <<https://dokumen.tips/download/link/analysis-of-experiments-using-asreml-r-analysis-of-experiments-using-asreml-r>>. Acesso em: 17 fev. 2022.

GOMES, D. A. et al. Dissimilaridade genética, índice de seleção e estimativa de correlação em germoplasma de melão. *Horticultura Brasileira*, v. 39, p. 46-51, 2021. <https://doi.org/10.1590/s0102-0536-20210107>.

GONTIJO, W. D. DOS 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*, v. 7, p.1-7, 2021. <https://doi.org/10.33158/ASB.r132.v7.2021>.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCH NETO, R. Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas. Ed. 01. Visconde do Rio Branco: Ed. Suprema, 2012.

HANYU, J.; FERREIRA, S. DA 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. <https://doi.org/10.33158/ASB.r104.v6.2020>.

HAZEL, L.N. The genetics basics for constructing selections indexes. *Genetics*, v.28, p.476-490, 1943. <https://doi.org/10.1093/genetics/28.6.476>.

INSTITUTO DE PESQUISA ECONÔMICA APLICADA (IPEA). Carta de Conjuntura, n. 54, 2022. Disponível em: < https://www.ipea.gov.br/portal/images/stories/PDFs/conjuntura/220116_nota_2_comercio_exterior_agro_2021.pdf>. Acesso em 03 mar. 2022.

JUNIOR, R. M.; ALVES, F. G.; GONÇALVES, V. A. R.; OLIVEIRA, S. C.; GOMES, R. S.; CECON, P.R.; FERREIRA, S. DA C.; MATSUO, E. Use of millimeter ruler as an alternative tool in the phenotyping of potential descriptors of soybean. *African Journal of Agricultural Research*, v. 13, p. 1425-1429, 2018. <https://doi.org/10.5897/AJAR2018.13248>.

KÖPPEN, W.; GEIGER, R. *Klimate der Erde*. Gotha: Verlag Justus Perthes.. Wall-map, 1928.

LEITE, W. DE S; et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agrônômicos em genótipos de soja. *Nativa*, Sinop, v. 03, n. 4, p. 241-245, 2015. <http://dx.doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>.

LEITE, W. S. et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens de F8 de soja. *Comunicata Scientiae*, v.7, n.3, p. 302-310, 2016. <https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>.

LEITE, W. S et al. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018. <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>.

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

LOPES, A. L. et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. *Comunicata Scientiae*, v. 5, n.3, p. 279-285, 2014. Disponível em:< <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/download/411/254>>. Acesso em: 05 mar. 2022.

MACHADO, B. Q. V. et al. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 33, n. 6, p.1419-1430, 2017. <https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240>.

MARANNA, S. et al. Breeding for higher yield, early maturity, wider adaptability and waterlogging tolerance in soybean (*Glycine max* L.): A case study. *Nature Scientific reports*, 22853 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-02064-x>.

MATSUO, E. et al. Hibridação. In: SEDIYAMA, T. (ed.) Melhoramento genético da soja. Londrina: Mecenias, 2015.

MATSUO, E.; et al. Morfologia Vegetativa e Reprodutiva. In: SILVA, F. et al. (ed.). Melhoramento da Soja. Viçosa, ed. UFV, 2017.

MATSUO, E., FERREIRA, S. C., SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T., SILVA, F., BORÉM, A. Soja: Do plantio à colheita. Viçosa: ed. UFV, 2015.

MEIRA, D.; MEIER, C., OLIVOTO, T.; NICOLAU FOLLMANN, D.; RIGATTI, A.; LUNKES, A.; QUEIRÓZ DE SOUZA, V. Multivariate analysis revealed genetic divergence and promising traits for indirect selection in black oat. *Brazilian Journal of Agricultural Sciences/Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 14, n. 4, 2019. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i4a6514>.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). Instruções para execução dos ensaios de distinguibilidade, homogeneidade e estabilidade de cultivares de soja, 2021. Disponível em:< <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/agricolas>>. Acesso em: 12 mar. 2022.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). Informações aos Usuários de Proteção de Cultivares. Brasília, 2020. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC). Disponível em: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/insumos-agropecuarios/insumos-agricolas/protecao-de-cultivar/informacoes-publicacoes/informacoes-aos-usuarios-do-snpc-fevereiro-de-2020>>. Acesso em: 11 mar. 2022.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). Exportações do Agronegócio alcançam recorde de US\$ 8,8 bilhões em janeiro, 2022. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/noticias/exportacoes-do-agronegocio-alcancam-recorde-de-us-8-8-bi-em-janeiro-destaques-para-complexo-soja-carnes-trigo-e-caffe>>. Acesso em: 03 mar. 2022.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO (MAPA). Projeções do Agronegócio: Brasil 2014/2015 a 2014/2025 projeções de longo prazo. Brasília: AGE/MAPA, 2015. Disponível em: < <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/politica-agricola/todas-publicacoes-de-politica-agricola/projecoes-do-agronegocio/projecoes-do-agronegocio-brasil-2014-2015-a-2024-2025.pdf/vi-ew>>. Acesso em 03 mar. 2022.

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

NEGREIROS, J. R. DA S. et al. Divergência genética entre progênies de maracujazeiro-amarelo com base em características das plântulas. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 30, p. 197-201, Jaboticabal, SP, 2008. <https://doi.org/10.1590/S0100-29452008000100036>.

NICOLAI, A. B. LIMA, R. C., TOMAZ, R. S. Correlações fenotípicas e análise de trilha para componentes de produtividade agrônômica de cinco variedades de soja, semeados na região da Alta Paulista. *Revista Científica ANAP Brasil*, v. 10, n. 20, p. 80-91, 2017. <https://doi.org/10.17271/19843240102020171666>.

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres de soja, cultivada em duas épocas de semeadura. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

OLIVEIRA, C. S. de; et al. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. *Ciência, Tecnologia & Ambiente*. vol. 9, 2019 (a). <https://doi.org/10.4322/2359-6643.09114>.

OLIVEIRA, E. C. et al. Divergência genética em linhagens de soja visando a produção de biodiesel no Estado do Tocantins. *Magistra*, v. 30. p. 113-122, 2019 (b).

PEŠEK, J.; BAKER, R. J. Desired improvement in relation to selected indices. *Canadian Journal of Plant Sciences*, [s.l.], v. 49, n. 6, p. 803-804, 1969. <https://doi.org/10.4141/cjps69-137>.

PIMENTEL, A.J.B. et al. Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 49, n.11, p.882-890, 2014. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2014001100007>.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. *R Foundation for Statistical Computing*, Vienna, Austria, 2021. Disponível em <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: 17 fev. 2022.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas. Lavras, ed. UFLA. v.1, 2012.

RAO, C. R. Advanced statistical methods in biometric research. New York: John Wiley & Sons, Inc. New York, N.Y., 1952.

RESENDE, M. D. V. BLUP na avaliação genética de genitores, gerações, populações e progênie. In: SILVA, F. et al. (ed.). Melhoramento da Soja. Ed. UFV, Viçosa, 2017.

RESENDE, M. D. V. de et al. Multigeneration Index in the Within- Progenies Bulk Method for Breeding of Self-pollinated Plants. *Crop Science*, v. 55, p. 1202-1211, 2015. <https://doi.org/10.2135/cropsci2014.08.0580>.

RESENDE, M. D. V., DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v. 37, n. 3, p. 182-194, 2007.

RESENDE, M. D. V. et al. Estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos pelo método da Máxima Verossimilhança Restrita (REML) e Melhor Predição Linear não Viciada (BLUP) em Pinus. Boletim de Pesquisa Florestal, *Colombo*, n.32/33, p.23-42, Jan./Dez. 1996.

RESENDE, M. D. V. Modelo linear misto para avaliação genética de clones pela metodologia DFREML e AM-BLUP. In: Anais da Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucalipto, Salvador. Anais... *Colombo*: Embrapa-CNPQ, v.1, p. 270-275, 1997.

RIGON, et al. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. *Revista Ceres*, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>.

RODRIGUES, B.; GOMES, A. P. R.; GOMES, J. D.; SERAFIM, F.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, O. T. Dissimilarity measures and hierarchical methods for the study of genetic diversity on soybean. *Bioscience Journal*, v. 33, n. 6, 2017. <https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37909>.

RODRIGUES, F. et al. Index of selection and estimation of genetic and phenotypical parameters for traits related with the production of vegetable corn. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 35, n. 2, p. 278-286, 2011. <https://doi.org/10.1590/S1413-70542011000200007>.

ROSA, et al. Descritores fenotípicos. In: MATSUO, E; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (Ed.). Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja. Londrina, Mecenas, 2020.

ROSADO, R. D. S., ROSADO, L. D. S., CREMASCO, J. P. G., SANTOS, C. E. M. D., DIAS, D. C. F. D. S.; CRUZ, C. D. Genetic divergence between passion fruit hybrids and reciprocals based on seedling emergence and vigor. *Journal of Seed Science*, 39, 417-425, 2017. <https://doi.org/10.1590/2317-1545v39n4183293>.

RIGON, J. P. G., CAPUANI, S., BRITO NETO, J. F. D., ROSA, G. M. D., WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. *Revista Ceres*, 59, 233-240, 2012. <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>.

SANTOS, E. R. DOS, et al. Divergência genética entre genótipos de soja na qualidade de sementes. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012. <https://doi.org/10.5039/agraria.v7i2a1560>.

SANTOS, E. R. DOS, et al. Dissimilaridade genética entre genótipos de soja cultivados em várzea irrigada no período de entressafra. *Journal of Biotechnology and Biodiversity*. v. 4, n.3, p. 222-231, 2013. <https://doi.org/10.20873/jbb.uft.cemaf.v4n3.santos>.

SANTOS, E. R. et al. Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F2 de soja no Distrito Federal. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, Recife-PE, v.14, n. 1, p. 1-8, 2019. <https://doi.org/10.5039/agraria.v14i1a5625>.

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; CAPONE, A.; PEREIRA, P.R. Estimativa de parâmetros de variação genética em progênies F2 de soja e genitores com presença e ausência de lipoxigenases. *Nucleus*, Ituverava, v.15,n.1, 2018. <https://doi.org/10.3738/1982.2278.2169>.

SANTOS SILVA, F. C. DOS. et al. Análise de Trilha. In: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T (ed.). Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento da soja. Ed. Mecenas, Londrina, 2020.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) Produtividade da Soja. Mecenas: Londrina. 2016.

SEDIYAMA, T. SILVA, F., BORÉM, A. Soja, do plantio a colheita. Viçosa, MG. UFRV, 2015.

SHAHBANDEH, M. Soybean production worldwide 2012/13-2021/22, by country. Disponível em < <https://www.statista.com/statistics/263926/soybean-production-in-selected-countries-since-1980/>>. Acesso em 02 mar. 2022.

SILVA, A. F. et al. Histórico, evolução e importância econômica da soja. In: SEDYIAMA; T. MATSUO, E.; BORÉM, A. (Ed.) Melhoramento da soja no Brasil. Londrina, PR., ed. Mecenas, 2021a.

SILVA, C. O. et al. Genetic parameters and selection indexes in F2 and F2:3 soybean populations. *Agronomy Journal*. v. 113, n.4, 2021b. <https://doi.org/10.1002/ajj2.20692>.

SILVA, E. V. et al. Genotypic and phenotypic parameters associated with early maturity in soybean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. Brasília, v. 57, 2022. <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02545>.

SILVA, F. et al.; BORÉM, A.; SEDYIAMA, T. LUDKE, W. Melhoramento da Soja. Ed. UFV, Viçosa, 2017.

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

SIQUEIRA, A. R. C. et al. Divergência genética entre genótipos de arroz submetidos à salinidade durante o estágio de plântula. *Agtrópica*, v. 32, n. 2, p.133-138, Ilhéus, BA, 2020. <https://doi.org/10.21757/0103-3816-2020v32n2p133-138>.

SMIDERLE, O.J.; GIANLUPPI, D.; SOUZA, A.G. Variability among BRS 8381 soybean (*Glycine max* (L.) Merrill.) yield components under different liming rates and sowing densities on a savanna in Roraima, Brazil. *Revista Colombiana de Investigaciones Agroindustriales*, v. 2, n.1,p.49-55, 2016. <https://doi.org/10.23850/24220582.350>.

SMITH, H.F. A discriminant function for plant selection. *Annual of Human Genetics*, v.7, p.240- 250, 1936. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>.

TANCREDI, F. D. et al. Melhoramento da soja para incrementar o teor de óleo e proteína. In: SEDYIAMA; T. MATSUO, E.; BORÉM, A. (Ed.) Melhoramento da soja no Brasil. Londrina, PR., Mecenas, 2021.

TORRES, F. E. et al. Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. *Revista Ciências Agrárias*, v. 38, n.1, p. 111-117, 2015.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). World Agricultural Production. *Circular Series WAP 2-22*, 2022. <https://apps.fas.usda.gov/psdonline/circulars/production.pdf>. Acesso em 02 mar. 2022.

VIANNA, M. S. et al. Seleção de linhagens, parâmetros genéticos e correlações entre caracteres em soja. *Bioscience Journal*, v. 35, n. 5, p. 1300-1314, 2015.

VIEIRA, S. D. et al. Selection of experimental strawberry (*Fragraria x Ananassa*) hybrids based on selection indices. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, p. 1-11, 2017. <https://doi.org/10.4238/gmr16019052>.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. *Biometrics*, [s.l.], v. 18, n. 3, p. 375- 393, 1962. <https://doi.org/10.2307/2527479>.

ZAMBIAZZI E.V. et al. 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>.

ZUFFO, A. M. et al. Correlações e análise de trilha em cultivares de soja cultivadas em diferentes densidades de plantas. *Cultura Agrônoma*, Ilha Solteira, v. 27, n. 1, p. 78-90, 2018. <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2018v27n1p78-90>.