

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

MATHEUS BRAGA DE OLIVEIRA

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS, DIVERSIDADE GENÉTICA E
MÉTODOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE SOJA**

Uberlândia

2024

MATHEUS BRAGA DE OLIVEIRA

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS, DIVERSIDADE GENÉTICA E
MÉTODOS DE SELEÇÃO EM PROGÊNIES DE SOJA**

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

Área de concentração: Fitotecnia

Orientador: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

Coorientadora: Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

Uberlândia

2024

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

O48e
2024 Oliveira, Matheus Braga de, 1994-
Estimativa de parâmetros genéticos, diversidade genética e métodos de seleção em progênies de soja [recurso eletrônico] / Matheus Braga de Oliveira. - 2024.

Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.di.2024.5070>
Inclui bibliografia.
Inclui ilustrações.

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

CDU: 631

André Carlos Francisco
Bibliotecário Documentalista - CRB-6/3408



UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
Secretaria da Coordenação do Programa de Pós-Graduação em
Agronomia

Rodovia BR 050, Km 78, Bloco 1CCG, Sala 206 - Bairro Glória, Uberlândia-MG, CEP
38400-902

Telefone: (34) 2512-6715/6716 - www.ppgagro.iciag.ufu.br - posagro@ufu.br



ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Dissertação de Mestrado Acadêmico, 010/2024, PPGAGRO				
Data:	Vinte e seis de junho de dois mil e vinte e quatro	Hora de início:	09:00	Hora de encerramento:	12:00
Matrícula do Discente:	12212AGR007				
Nome do Discente:	Matheus Braga de Oliveira				
Título do Trabalho:	Estimativa de parâmetros genéticos, diversidade genética e métodos de seleção em progênies de soja				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Larissa Barbosa de Sousa - UFU; Fernando Cezar Juliatti - UFU; Fábio Serafim Marques - Syngenta; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador do(a) candidato(a).

Iniciando os trabalhos o presidente da mesa, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, apresentou a Comissão Examinadora e o candidato, agradeceu a presença do público e concedeu ao discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação do discente e o tempo de arguição e resposta foram conforme as normas do Programa.

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

Aprovado.

Essa dissertação possui mérito para ser indicada como destaque do Programa? (X) SIM NÃO ()

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

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

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



Documento assinado eletronicamente por **Fábio Serafim Marques, Usuário Externo**, em 26/06/2024, às 16:27, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Fernando Cezar Juliatti, Usuário Externo**, em 26/06/2024, às 17:44, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de](#)

[outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Toshiyuki Hamawaki, Usuário Externo**, em 26/06/2024, às 23:33, 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 **Larissa Barbosa de Sousa, Professor(a) do Magistério Superior**, em 27/06/2024, às 10:03, 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 **5493547** e o código CRC **9B10C72A**.

Dedico aos meus pais, que sempre me apoiaram e não deixaram que o desânimo e cansaço fizessem com que eu deixasse de abdicar aos meus objetivos durante todo o processo de pesquisa desenvolvido para a elaboração deste trabalho.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo rico dom e esperança da vida eterna que Ele me concederá nos céus se a Ele eu for um servo firme e fiel.

Aos meus pais que sempre me deram forças, me ajudaram e deram conforto através das palavras, conselhos e ensinamentos, fazendo com que a cada dia eu alcançasse cada vez mais os propósitos por mim esperados.

Aos meus irmãos Juliana, Juscelma e Rannflhaay, que me ajudaram durante várias etapas e sempre estiveram ao meu lado me apoiando.

A minha namorada Fabiana, pelo amor, carinho, apoio, ajuda, companheirismo e compreensão em momentos de ausência.

Aos colegas do Núcleo de Pesquisa em Genética e Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, Michelle Souza Santos, Giulyana Isabele Silva Tavares e Bruna de Jesus Silva pelo apoio e auxílio nas atividades durante a realização dos trabalhos e, em especial, ao colega Josef Gastl Filho, que muito me auxiliou durante o desenvolvimento das pesquisas.

Ao Núcleo de Pesquisa em Genética e Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia pela disponibilização de todo material genético e infraestrutura para execução dos meus experimentos.

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

A minha coorientadora Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira pela dedicação e todos os ensinamentos transmitidos.

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

Ao Eng. Agr. Victor Dias Menezes por conceder parte do material que precisei para a implementação de experimento em campo.

Aos alunos de iniciação científica e estagiários do Núcleo de Pesquisa em Genética e Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia.

Agradeço ao Vinícius de Carvalho da empresa Minas Goiás por doar o tratamento de sementes.

À doutoranda e colega de pós-graduação Anaisa Kato Cavalcante pela disponibilidade em ter me concedido alguns materiais que precisei para a realização de experimentos no campo.

À Universidade Federal de Uberlândia – UFU, ao Instituto de Ciências Agrárias e ao Programa de pós-graduação em Agronomia por terem me concedido a oportunidade de cursar o mestrado. Agradeço à cada membro do corpo docente, da coordenação do curso, da direção, da administração e, funcionários de limpeza dessa instituição de ensino. A todos os professores e colegas do Programa de pós-graduação em Agronomia que me propiciaram um pouco de sua atenção e puderam, com isso, fazer com que eu lhes passasse e adquirisse conhecimentos.

À banca examinadora pelas sugestões e correções para a melhoria da minha dissertação.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) pelo apoio financeiro, imprescindível para a continuidade nos meus estudos.

Aos demais que não foram por mim mencionados, mas que de forma direta ou indireta contribuíram com a minha formação profissional, acadêmica e como cidadão brasileiro.

“A Natureza pode suprir todas as necessidades
do homem, menos a sua ganância.”
Mahatma Gandhi

BRAGA OLIVEIRA, MATHEUS. **Estimativa de parâmetros genéticos, diversidade genética e métodos de seleção em progênies de soja.** 2024, Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Minas Gerais. Brasil.¹

RESUMO

Em programas de melhoramento de soja que visam a obtenção de novas cultivares com atributos superiores, faz-se necessária a avaliação do potencial genético dos genitores, assim como a estimativa dos parâmetros genéticos e a escolha do método de seleção essenciais para o desenvolvimento de cultivares de soja superiores. Esta dissertação foi dividida em três capítulos. Sendo assim, o primeiro capítulo compõe-se do referencial teórico, que apresenta informações acerca da cultura da soja, melhoramento genético, escolha de genitores e dialelos, estimativas de parâmetros genéticos e estratégias de seleção. No segundo capítulo, objetivou-se determinar as capacidades geral e específica de combinação de cinco parentais de soja, através do dialelo parcial, de modo a detectar os parentais e hibridações que demonstraram resultados superiores para precocidade e produtividade de grãos de soja. Os ensaios foram realizados na Fazenda Experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia, no Programa de Melhoramento Genético de Soja. Foram avaliados 15 genótipos, sendo 10 progênies F₂ oriundas de cruzamento dialélico e 5 genitores (UFUS7910; UFUS8301; BRS7481; BRS7380RR e BRS 7980). Através da análise dialélica, observou-se que os genitores BRS7481 e BRS7380RR contribuem para maior precocidade, enquanto UFUS7910 UFUS8301 contribuem para maior produtividade de grãos. Portanto, foram considerados geneticamente superiores e indicados para participar de cruzamentos. As combinações mais promissoras para produtividade de grãos e caracteres agronômicos foram UFUS8301 X BRS7980 e UFUS7910 X BRS7380RR. O terceiro capítulo objetivou estimar parâmetros genéticos e avaliar caracteres agronômicos em 22 populações segregantes RCF_{3;4} de soja e selecionar as progênies superiores para precocidade e produtividade avaliando também 14 caracteres agronômicos.

Palavras-chave: análise dialélica; capacidade de produtividade; escolha de progênies; melhoramento de plantas; precocidade.

BRAGA OLIVEIRA, MATHEUS. **Estimation of genetic parameters, genetic diversity and selection methods in soybean progenies**. 2024, Dissertation (Master's in Agronomy) – Federal University of Uberlândia, Minas Gerais. Brazil.¹

ABSTRACT

In soybean breeding programs aimed at obtaining new cultivars with superior attributes, it is necessary to evaluate the genetic potential of the genitors, as well as estimating the genetic parameters and choosing the selection method essential for developing superior soybean cultivars. This dissertation is divided into three chapters. Thus, the first chapter is made up of the theoretical framework, which presents information about soybean cultivation, genetic improvement, the choice of genitors and diallels, estimates of genetic parameters and selection strategies. In the second chapter, the aim was to determine the general and specific combining abilities of five soybean parents, using a partial diallel, in order to detect the parents and hybridizations that showed superior results for soybean earliness and grain productivity. The trials were carried out at the Capim Branco Experimental Farm of the Federal University of Uberlândia in the Soybean Genetic Improvement Program. 15 genotypes were evaluated, 10 F₂ progenies originating from a diallel cross and 5 parents (UFUS7910; UFUS8301; BRS7481; BRS7380RR and BRS 7980). Through diallel analysis, it was observed that the parents BRS7481 and BRS7380RR contribute to greater precocity, while UFUS7910 UFUS8301 contributes to greater grain productivity, therefore, they were considered genetically superior and recommended to participate in crosses. The most promising combinations for grain productivity and agronomic traits were UFUS8301 X BRS7980 and UFUS7910 X BRS7380RR. The third chapter aimed to estimate genetic parameters and evaluate agronomic traits in 22 segregating RCF₃:4 soybean populations and select superior progenies for precocity and productivity, also evaluating 14 agronomic traits

Keywords: Choice of progenies. Diallel analysis. Plant breeding. Precocity. Productivity capacity.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

CAPÍTULO I

Quadro 1–	Caracterização dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos da cultura da soja.....	21
-----------	--	----

CAPÍTULO II

Figura 1 -	Umidade média, mínima, máxima relativa do ar (a) e temperatura média, mínima e máxima do ar (b) de 12 de outubro de 2023 a 20 de março de 2024, durante a condução em campo do teste de progênies na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia - MG.....	41
Figura 2 -	Primeira época de semeadura (a), segunda época de semeadura (b), desenvolvimento dos genitores do bloco de cruzamentos (c, d).....	44
Figura 3 -	Cruzamentos de soja obtidos a partir dos blocos de cruzamentos (a) e armazenamento das sementes F1 (b).....	45
Figuras 4 -	Dialelo já instalado (a) e sacos de papel Kraft contendo sementes para armazenamento (b).....	45
Figuras 5 -	Área preparada para instalação do experimento (a) e experimento já instalado sendo irrigado (b).....	48
Figuras 6 -	Plantas extraídas da área para averiguação de nódulos de <i>Bradyrhizobium</i> ...	49

CAPÍTULO III

Figura 1 -	Temperatura média, mínima e máxima relativa do ar (a, b), umidade relativa do ar (%UR) e precipitação pluviométrica (mm) (c, d), de 12 de outubro de 2023 a 20 de março de 2024, durante a condução em campo do teste de progênies na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia – MG.....	72
Figura 2, 3 e 4-	(2) preparo da área, (3) balizamento da área, (4) experimento já instalado....	74
Figura 5 -	Aplicação de defensivos na área experimental.....	76

Figura 6 -	Experimentos e irrigação instalados.....	76
------------	--	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

Tabela 1 –	Características dos genótipos de soja utilizados como genitores no bloco de cruzamento dialélico.....	42
Tabela 2 –	Esquema do dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos e codificação das populações.....	42
Tabela 3 –	Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar (bloco de cruzamentos).....	43
Tabela 4 –	Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar (obtenção de sementes F2.....	46
Tabela 5 –	Caracterização química e textural do solo de barranco antes da instalação do experimento.....	47
Tabela 6 –	Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar (dialelo F2 campo).....	49
Tabela 7 –	Quadrado médio do genótipo (QMG), da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), coeficiente de variação (CV) e herdabilidade no sentido amplo (h^2) uma análise dialélica envolvendo cinco genitores e combinações segregantes F2 conduzida em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24.....	53
Tabela 8 –	Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) caracteres agronômicos e de produção em cinco genitores de soja conduzidos em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24 pelo método 2 de Griffing (1956).....	55
Tabela 9 –	Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ii} e s_{ij}) para caracteres agronômicos e de produção em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo cinco progenitores e dez combinações segregantes F2, conduzidos em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24 pelo método 2 de Griffing (1956).....	57
Tabela 10 –	Ciclo e caracteres agronômicos para cinco progenitores e dez combinações segregantes F2 conduzidos em campo na safra 2023/24 em Uberlândia-MG.....	58

Tabela 11 -	Componentes de produção de cinco progenitores e dez combinações segregantes F2 conduzidos em campo na safra 2023/24 em Uberlândia-MG.....	61
-------------	---	----

CAPÍTULO III

Tabela 1 –	Parentais e origem das progênies avaliadas no experimento.....	73
Tabela 2 –	Defensivos utilizados no manejo fitossanitário.....	75
Tabela 3 –	Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres agronômicos e produção de grãos de 22 progênies de soja avaliadas no município de Uberlândia – MG em duas épocas de semeadura, 31/03/2023 e 15/05/2023.....	81
Tabela 4 –	Médias dos caracteres: número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vargem (AIPV), número de nós totais (NNT), número de nós ramificados (NNR), número de nós produtivos (NNP) de 22 genótipos de soja, em duas épocas de semeadura, sendo 31/03/2023 e 15/05/2023 no município de Uberlândia – MG.....	84
Tabela 5 –	Médias dos caracteres: número total de vargens (NTV), número de vagens com 1, 2 e 3 grãos (NV1G, NV2G, NV3G), número de sementes por vargem (NSV), peso de 100 grãos (P100G), peso de grãos por planta (PGP), produção (PROD) de 22 genótipos de soja, em duas épocas de semeadura, sendo 31/03/2023 e 15/05/2023 no município de Uberlândia – MG.....	85
Tabela 6 –	Resumo da análise de variância conjunta de caracteres agronômicos e produção de grãos de 22 genótipos de soja em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.....	88
Tabela 7 –	Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em 22 genótipos de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG) em duas épocas de semeadura.....	89
Tabela 8 –	Progênies selecionadas de forma direta através do ganho de seleção.....	90

Tabela 9 –	Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies F4 e F5 de 4 populações segregantes RCF4:5 de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), em duas épocas de semeadura.....	91
Tabela 10-	Progenies selecionadas pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978).....	92
Tabela 11-	Seleção direta e indireta a partir da análise conjunta.....	92
Tabela 12-	Seleção conjunta pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978).....	93
Tabela 13-	Progenies selecionadas pela análise conjunta pelos métodos de rank e seleção direta e indireta.....	93

SUMÁRIO

	CAPÍTULO I.....	16
1	INTRODUÇÃO GERAL	16
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	19
2.1	ASPECTOS GERAIS DA CULTURA DA SOJA	19
2.2	CARACTERÍSTICAS MORFOFISIOLÓGICAS.....	19
2.3	ESTÁDIOS VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS.....	20
2.4	IMPORTÂNCIA NACIONAL E MUNDIAL	21
3	NEMATOIDES NA SOJA BRASILEIRA.....	23
3.1	<i>PRATYLENCHUS BRACHYURUS</i>	24
3.2	<i>MELOIDOGYNE INCOGNITA</i> E <i>MELOIDOGYNE JAVANICA</i>	25
4	MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA	26
4.1	PARÂMETROS E DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA.....	27
4.2	INTERAÇÃO GENÓTIPO E AMBIENTE EM RELAÇÃO AOS GENITORES DE SOJA.....	28
	REFERÊNCIAS	31
	CAPÍTULO II.....	37
1	INTRODUÇÃO	39
2	MATERIAL E MÉTODOS.....	40
2.1	LOCAL DE INSTALAÇÃO DO EXPERIMENTO	40
2.2	SELEÇÃO DE PARENTAIS PARA REALIZAÇÃO DO BLOCO DE CRUZAMENTO	42
2.3	HIBRIDAÇÃO ARTIFICIAL	42
2.3.1	<i>Complementação nutricional mineral.....</i>	<i>43</i>
2.4	OBTENÇÃO DE SEMENTES DAS POPULAÇÕES F ₂	45
2.4.1	<i>Semeadura.....</i>	<i>45</i>
2.4.2	<i>Complementação nutricional mineral.....</i>	<i>46</i>
2.5	CULTIVO DA GERAÇÃO F ₂	46
2.5.1	<i>Delineamento experimental.....</i>	<i>46</i>
2.5.2	<i>Análise e preparo do solo para implantação do experimento</i>	<i>47</i>
2.5.3	<i>Tratamento das sementes</i>	<i>47</i>
2.5.4	<i>Preparo da área para instalação do experimento</i>	<i>48</i>
2.5.5	<i>Complementação nutricional</i>	<i>48</i>
2.6	AVALIAÇÕES	49
2.7	COLHEITA E ARMAZENAMENTO.....	51
2.8	ANÁLISE ESTATÍSTICA DOS DADOS	51
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
3.1	ANÁLISE DE VARIÂNCIA E HERDABILIDADE.....	53
3.2	CAPACIDADE GERAL E ESPECÍFICA DE COMBINAÇÃO DE GENITORES	55
3.3	AGRUPAMENTO DE MÉDIAS FENOTÍPICAS	58
4	CONCLUSÕES.....	63
	REFERÊNCIAS	64

	CAPÍTULO III	67
1	INTRODUÇÃO	69
2	MATERIAL E MÉTODOS	71
2.1	LOCALIZAÇÃO DA ÁREA EXPERIMENTAL	71
2.2	ESQUEMA EXPERIMENTAL	73
2.3	INSTALAÇÃO E CONDUÇÃO DO EXPERIMENTO	74
2.3.1	<i>Preparo e adubação do solo</i>	74
2.3.2	<i>Tratamento de sementes e semeadura</i>	74
2.3.3	<i>Complementação nutricional</i>	74
2.3.4	<i>Manejo fitossanitário</i>	75
2.3.5	<i>Complementação hídrica</i>	76
2.4	AVALIAÇÕES	76
2.5	ANÁLISES ESTATÍSTICAS DOS DADOS	78
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	81
3.1	ESTIMATIVAS DE INDICADORES GENÉTICOS	81
3.2	CONJUNTO DE MÉDIAS FENOTÍPICAS.....	83
4	CONCLUSÕES	94
	REFERÊNCIAS	95

CAPÍTULO I

1 INTRODUÇÃO GERAL

A grande necessidade por busca de altos índices de produção de alimentos se torna cada vez mais constante, tendo em vista a crescente demanda alimentícia exigida pelo aumento da população mundial, que segundo o Departamento do Censo dos EUA aumenta cerca de 0,95% ao ano (DCEUA, 2023). Com base nisto, estima-se que a população mundial atingirá cerca de 8,3 bilhões de seres humanos até o ano de 2030, ultrapassando 9,1 bilhões em 2050, aumentando a necessidade de produção de alimentos em 70%. A cultura da soja se torna cada vez mais de suma importância devido a utilização do óleo e proteína na industrialização como base na fabricação de alimentos para a alimentação humana. A grande quantidade proteica dos grãos, em torno de 40%, faz com que a soja apresente propriedades tecnológicas, por exemplo, emulsificantes e estabilizantes na indústria alimentícia (Rosa et al., 2009).

Assim como a proteína, a soja possui elevado teor de óleo. Os grãos de variedades cultivadas apresentam em média 21% de óleo em sua composição com base na matéria seca (Santana et al., 2022). Com o aumento na porcentagem de 12% para 14% de biodiesel no diesel (CNPE 2023), é necessário o aumento na produção da mesma, pois a inserção de biodiesel no diesel apresenta vários pontos positivos, entre eles a redução na emissão de poluentes e o direcionamento da matriz energética a favor de fontes renováveis (Ferrari et al., 2005). Procurando atender este diversificado mercado da soja, os programas de melhoramento têm concentrado suas pesquisas na obtenção de cultivares com características específicas para o uso, como aumento dos teores de óleo ou proteína, e que sejam produtivas. Contudo, a eficiência de qualquer programa de melhoramento está condicionada, primeiramente, à existência de variabilidade genética na população base (Ferrão, 2009).

Mesmo alcançando uma elevada produção de grãos no Brasil, a produtividade da soja vem sofrendo perdas devido fatores edafoclimáticos e fitossanitários. Um dos grandes responsáveis por causar danos nas lavouras brasileiras são os nematoides, estes por sua vez parasitam as plantas causando um prejuízo no desenvolvimento por completo. Um estudo realizado pela Syngenta, juntamente com a Sociedade Brasileira de Nematologia em 2021, demonstrou que esses fitonematoides oneraram prejuízos de R\$ 27,7 bilhões anualmente (SBN, 2022)

Dentre estes, os nematoides que mais causam danos à cultura da soja são os

Nematoides de galhas (*Meloidogyne incognita* e *Meloidogyne javanica*) e o Nematoides das lesões radiculares (*Pratylenchus brachyurus*) (Godfrey, 1929).

Através do melhoramento genético de plantas pode-se haver uma modificação positiva na produtividade por meio de programas de melhoramento (Sulistyo; Surwantoro; Sari, 2018).

Dentre as espécies aleuro-oleaginosas, a soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das mais cultivadas no mundo, haja vista a sua importância socioeconômica e a grandes fontes de proteína e óleo vegetal do mundo (Hartman; West; Herman, 2011; Sedyama; Silva; Borém, 2015). A produção mundial da soja deve atingir na safra 2023/24 mais de 399,5 milhões de toneladas, a produção nacional atingiu 149,4 milhões de toneladas, um decréscimo de 3,4% em relação à safra anterior (CONAB, 2024).

Para que se alcance o esperado no melhoramento genético da soja é necessário realizar algumas etapas, tais como a seleção de parentais com as características desejadas para a realização da hibridação artificial e o levantamento de parâmetros genéticos, ainda assim é crucial que o melhorista compreenda o potencial das populações para que ele possa selecionar progênies com características superiores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Sulistyo; Surwantoro; Sari, 2018).

Os métodos de controle dos fitonematoides mais comuns são uso de cultivares resistentes, rotação de culturas, limpeza de máquinas e implementos agrícolas, controle químico e biológico e uso de plantas antagonistas (Ferraz et al., 2012). Pensando nisso, a utilização de cultivares resistentes constitui uma das ferramentas mais eficientes e utilizadas pelos agricultores em função de ser um método de fácil acesso, capaz de diminuir a reprodução do nematoide e por ter efeitos em cultivos subsequentes (Boerma, Hussey, 1992; Roberts, 2002; Silva, 2001).

O clima tropical predominante no Brasil proporciona condições de umidade e de temperatura ideais para a sua sobrevivência tornando-se cada vez mais presente a ocorrência generalizada destes por algumas regiões do país a cada safra. A população produtora de soja deve saber que a extinção é algo que beira o impossível, porém, a utilização de diferentes formas de manejo, dentre eles cultivares resistentes, favorece o controle mais eficaz do nematoide e percas por eles causados (Ferraz et al., 2012).

Diante do exposto, objetivou-se neste estudo realizar a hibridação entre cinco cultivares de soja que apresentam resistência às espécies de nematoides de galhas *M.incognita* e *M. javanica* e nematoides das lesões *P.brachyurus*, estimar a capacidade geral e específica de combinação, determinar qual o parental mais propício para ser utilizado nas hibridações através do dialelo parcial em geração F₂, além de estimar parâmetros genéticos de 22

progênies, realizar a seleção das mesmas por meio de diferentes estratégias e avaliar os parâmetros de desenvolvimento vegetativo e agronômicos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Aspectos gerais da cultura da soja

Pertencente ao reino Plantae, de origem asiática, a soja (*Glycine max*), da classe Magnoliopsida, ordem *Fabales*, família Fabaceae e gênero *Glycine*, sendo dois subgêneros *Glycine* e *Soja*, no gênero *Soja* estão presentes a *G. max* ($2n = 40$ cromossomos), que é a espécie cultivada, e a *G. soja* ($2n = 40$ cromossomos), que é a espécie selvagem (Oliveira; Arias, 2017). O cultivo da soja *Glycine max* se origina no leste da Ásia, mais precisamente na região nordeste da China, como Manchúria (Hymowitz, 1970; Silva et al., 2022). Ao longo dos anos se tornou uma das principais leguminosas cultivadas no mundo, sendo utilizada tanto na alimentação humana, quanto na alimentação animal, e utilizada em cosméticos e biocombustíveis (ASSOCIAÇÃO DOS PRODUTORES DE SOJA E MILHO DO ESTADO DE MATO GROSSO – 2020). No Brasil ela foi relatada pela primeira vez na Bahia no ano de 1882. Nos anos de 1882 até 1960 a soja era plantada apenas para ser utilizada em experimentos, a partir de sua introdução na região Sul do país ela se mostrou altamente propícia para cultivo, devido a região apresentar aspectos semelhantes ao de sua origem. Estima-se sua produção em cerca de 149 milhões de toneladas na safra 2023/24, além do Brasil ser o maior exportador de soja do mundo, sendo 94 milhões de toneladas (CONAB2024), demonstrando a sua grande importância no âmbito nacional.

2.2 Características morfofisiológicas

Uma planta anual, porte ereto, herbácea, pubescente e ramificado com coloração acinzentada ou em tons variados de marrom (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015). (Muller, 1981; Sedyama et al., 1996), possui raiz difusa e com predominância axial fasciculado, composto pela raiz principal que pode atingir até 150 cm e suas raízes secundárias podendo (Matsuo et al., 2017; Sedyama; Oliveira, Sedyama, 2016), atingindo alturas entre 30,0 a 250,0 cm, porém, no Brasil, geralmente tem altura oscilando entre 50,0 a 90,0 cm (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015; Nogueira et al., 2013; Silva et al., 2015).

As plantas de soja apresentam os tipos de folha cotiledonares “elípticas”, que geram energia durante o desenvolvimento da plântula, folhas unifolioladas “auriculada, truncada ou lanceolada, apresentam base estreita ou larga”, desenvolvem-se no primeiro nó logo acima do nó cotiledonar, folhas trifolioladas compostas por três folíolos, podendo ter os formatos lanceoladas estreitas, lanceoladas, triangular, oval pontiaguda e oval arredondada e

desenvolvem nos nós acima da folha unifoliolada, e os pares de prófilos que surgem apenas nas bases das ramificações caulinares, com pulvínulo e não apresentam pecíolos (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015; Matsuo et al., 2017; Sedyama; oliveira; Sedyama, 2016).

Com capacidade de autofertilização “autogamia” superior a 95%, ocorrendo naturalmente através de mecanismos físicos e biológicos (Borém; Miranda; Fritsche-neto, 2021; Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015). Porém, verificou-se cerca de 1,27% de hibridação natural por insetos (Borém; Almeida; Kiihl, 2009). Através da cleistogamia a soja pode impedir a fecundação cruzada, ou seja, quando ocorre a polinização da flor antes da abertura do botão floral (Borém; Almeida; Kiihl, 2009; Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

Com flores podendo ser brancas ou roxas isso pode ser determinado pela cor do hipocótilo, quando apresenta hipocótilo verde as flores serão brancas e quando o hipocótilo se apresenta roxo as flores serão roxas. As flores são completas e hermafroditas, com estruturas femininas e masculinas. Na mesma flor elas estão presentes nos racemos terminais ou axilares. Cada inflorescência pode ter até 35 flores, com 6 a 7 mm de comprimento (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015; Matsuo et al., 2017; Vernetti; Junior, 2009).

Botanicamente chamada de leguminosa, e popularmente chamado de vagem, os frutos apresentam os formatos arredondado, achatados, retos e curvos, e podem chegar até 7 cm de comprimento e 2 cm de largura, conter até 5 grãos, sendo mais comum encontrar 2 e 3 grãos. O hilo apresenta cores cinza clara, cinza escura, marrom clara, marrom média e marrom escura, preto e preto imperfeito, já as vagens apresentam cores cinza, amarelo-palha, marrom ou preta (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015; Matsuo et al., 2017; Sedyama; Oliveira; Sedyama, 2016; Jejo; Fernandes; Buratto, 2019).

O fruto da planta de soja pode ter formato esférico, esférico-achatado, alongado e alongado-achatado, e a cor do tegumento varia entre as cores amarelo, amarelo-esverdeado, verde, marrom-claro, marrom-médio, marrom escuro até o preto (Matsuo et al., 2017).

2.3 Estádios vegetativos e reprodutivos

Devido ao fácil entendimento e exatidão, atualmente utiliza-se o método de descrição dos estádios fenológicos, proposto pelos pesquisadores Fehr e Caviness em 1977 (Lapera; Silva; Vilarinho, 2018). Dividiram-se em duas fases distintas o crescimento e desenvolvimento da espécie, o estágio vegetativo e reprodutivo, fases estas que tem duração geneticamente definidas pela susceptibilidade devida às oscilações edafoclimáticas do local de cultivo (Nogueira et al., 2013).

Foi publicado pelo MAPA (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento) em 2009, uma tabela com os estádios de desenvolvimento da soja para uso nos ensaios de registros e proteção de cultivares (MAPA, 2013) (Quadro 1).

O genótipo de soja determina o período total necessário para ela atingir todos os estádios fenológicos, desde o estágio VE até o R₈, das condições edafoclimáticas em que aquele cultivar é exposto e a época em que foi semeado, sendo entre 70 até mais de 200 dias (Matsuo; Ferreira; Sedyama, 2015). Comumente no Brasil, o padrão das cultivares variam de 90 a 150 dias, de acordo com Sedyama, Teixeira e Barros (2009). As exigências do mercado fazem com que a procura por genótipos mais precoces se torne cada vez maior, tendo em vista a safrinha de milho, o que ajuda também a diminuição a exposição as doenças de final de ciclo (Cruz; Peixoto; Martins, 2017).

Quadro 1 – Caracterização dos estádios fenológicos vegetativos e reprodutivos da cultura da soja.

Estádio fenológico	Descrição
Estádio vegetativo	
VE	Cotilédones acima da superfície do solo
VC	Cotilédones totalmente abertos
V ₁	Folhas unifolioladas completamente abertas
V ₂	Primeira folha trifoliolada aberta
V ₃	Segunda folha trifoliolada aberta
V _n	“Enésimo” nó ao longo da haste principal com trifólio aberto
Estádio reprodutivo	
R ₁	Início da floração: 50% das plantas com uma flor aberta
R ₂	Floração plena: maioria dos racemos com flores abertas
R ₃	Início de formação de vagens: vagens com 5 mm no quarto nó da parte superior das plantas
R ₄	Etapa final de crescimento das vagens: vagens com 2 a 4 cm no quarto nó da parte superior das plantas
R ₅	Início do desenvolvimento dos grãos à etapa final, no quarto nó da parte superior das plantas
R ₆	Enchimento completo das vagens: grãos enchendo totalmente as lojas das vagens no terço superior das plantas
R ₇	Maturação fisiológica: uma vagem madura e maioria das vagens amareladas no terço superior das plantas
R ₈	Maturação: 95% das vagens maduras (secas)

Fonte: o autor

Nota; estágio vegetativo: Fehr e Caviness (1977); estágio reprodutivo: MAPA (2013).

2.4 Importância nacional e mundial

Os primeiros relatos de produção comercial de soja no Brasil datam de 1941 onde a área cultivada era de 640ha⁻¹, produzindo 450t e rendendo 700 kg/ha⁻¹, já o primeiro registro

internacional do Brasil como produtor de soja foi em 1949, com uma produção de 25.000t. (EMBRAPA, 2021). A partir da introdução da soja na região Sul do Brasil na década de 50, onde já se produzia cerca de 100.000 toneladas, partiu-se então para a região do cerrado devido ao alavancamento da economia gerada pela mesma, já no fim da década de 60 houve então a crescente produção, sendo que se atingiu cerca de 206.000 toneladas (EMBRAPA, 2020). Atualmente a região mais produtora se encontra no cerrado (CONAB, 2024).

O valor gerado das exportações oriundas dos produtos a partir da soja (soja em grãos, farelo de soja e óleo de soja) no primeiro semestre de 2023 foi de 40,80 bilhões de dólares, responsável por cerca de 49,28% de todo o valor arrecadado de exportações do agronegócio brasileiro. Dentre os principais estados brasileiros responsáveis por gerar esta renda estão: Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul, Goiás e Mato Grosso do Sul (CONAB, 2023). No mercado mundial, a sojicultura apresenta três grandes produtores: Brasil, Estados Unidos e Argentina (CONAB, 2023). Na safra 2023/2024, a cultura ocupou uma área de 45,08 milhões de hectares, totalizando uma produção de 149,40 milhões de toneladas. A produtividade média da soja brasileira foi de 3.400 kg por hectare (CONAB, 2024). A área destinada para a sojicultura aumenta a cada ano. A prospecção é que até o final de 2030 a produção aumente em 32%, o consumo em 22% e as exportações em 41% (APROSOJA, 2020).

Por estar entre as culturas mais importantes produzidas e consumidas mundialmente, ocupando cerca de 6% das terras aráveis do mundo, o aumento populacional mundial fez com que houvesse a maior demanda alimentícia, rações e combustível, resultando na maior dependência de commodities tropicais, regiões nas quais se encontram a maior parte das terras agricultáveis do mundo sem capacidade de serem cultiváveis, fazendo com que o Brasil surgisse nas últimas décadas como um dos principais produtores e exportadores dessa commodities (NEPSTAD et al., 2019).

Segundo estudos, a população mundial deverá alcançar os 9 bilhões de pessoas em 2050, demandando 333.674 milhões de toneladas de alimentos. Conforme avaliações realizadas pelo Departamento de Agricultura dos EUA, a produção mundial de soja em 2050 deverá atingir os 390.000 milhões de toneladas (USDA, 2013).

Cattelan e Dall’Agnol (2018) propuseram a ideia de que os avanços tecnológicos, como a transgenia, possibilitasse o controle de pragas, doenças e de plantas infestantes, assim como; a implantação do zoneamento agroclimático, a utilização da agricultura de precisão pelos agricultores, o aumento pela implementação do sistema de plantio direto, tais métodos possibilitaram o crescimento da cultura no Brasil. Atrelado a isso, o melhoramento genético contribui diretamente na cultura, permitindo o plantio da soja para regiões de baixa latitude,

como do Sul para o Norte do país, também a resistência às doenças, pragas e condições ambientais (Sediyama; Gomes, 2015).

3 NEMATOIDES NA SOJA BRASILEIRA

Entre os desafios fitossanitários que podem ocasionar danos a produtividade das lavouras, alguns deles são os nematoides. Assim como outras grandes culturas, a sojicultura também é suscetível aos nematoides, tendo em vista que o início das infestações nas áreas de plantio passa despercebidas pelos produtores devido seu tamanho microscópico e por inicialmente não desencadearem sintomas visíveis a olho nu nas plantas. Por infestarem as lavouras, podem ser denominados fitonematoides e são considerados vermes predominantemente filiformes, que medem de 0,2 a 3,0 mm de comprimento. Sua movimentação no solo é limitada, sendo assim, a disseminação é altamente condicionada ao homem e as práticas agrícolas. Os sintomas mais frequentes no campo são as reboleiras, amarelecimento de parte aérea e o nanismo na plantação (Souza, 2021).

Muitas são as espécies de nematoides que atacam a cultura da soja, estes provocam danos em toda a planta decorrentes do ataque no sistema radicular. No Brasil, as espécies que mais causam danos à agricultura são o *Heterodera glycines* (nematoide de cisto), *Meloidogyne spp.* (nematoide de galhas), *Pratylenchus brachyurus* (nematoide das lesões radiculares) e *Rotylenchulus reniformis* (nematoide reniforme) (Dias et al., 2010).

Segundo um estudo da Sociedade Brasileira de Nematologia, juntamente com a Syngenta, foi possível averiguar que de 21.661 amostras de solo coletadas no Brasil, 20.440 continham nematoides prejudiciais a cultura da soja, totalizando cerca de 90,4% das amostras, dentre estas amostras 75,7% continham nematoides das lesões *Pratylenchus brachyurus* e 40,04% continham nematoides de galhas *Meloidogyne incognita e javanica*, ainda sobre este estudo foi possível avaliar que estes nematoides são capazes de causar danos de até uma safra a cada 10 anos, causando prejuízos anuais de cerca de 27,7 bilhões de reais (Sociedade Brasileira de Nematologia, 2021).

Fatores como o clima tropical, juntamente com a agricultura intensiva e manejos inadequados predominantes no Brasil proporcionam condições ideais para o desenvolvimento da explosão populacional dos nematoides e, conseqüentemente, perdas significativas de produtividade (Souza, 2016).

A identificação de áreas infectadas por nematoides é cara, pois a estimativa precisa da distribuição populacional e requer muitas amostras de solo em todo o campo (Martins al.,

2017)

3.1 *Pratylenchus brachyurus*

Também conhecido como nematoide das lesões, o *Pratylenchus brachyurus* surgiu no Brasil, mais propriamente no estado de São Paulo, em um levantamento realizado em diversas culturas na década de 1950 (Sousa, 2018).

A espécie *P. brachyurus* destaca-se por causar sérios prejuízos a cultura mundialmente (Goulart, 2008). O *P. brachyurus* é considerado uma espécie polífaga, ou seja, é capaz de multiplicar e parasitar em muitas plantas hospedeiras (Franchini et al., 2014). Isto está diretamente correlacionado a sua ampla distribuição geográfica e sua ação patogênica (Sousa, 2018). Assim, o nematoide das lesões radiculares vem disseminando e ocasionando danos em diferentes culturas em várias regiões brasileiras (Severino et al., 2010). Diversos agricultores apontaram até 30% de redução na produtividade da soja em áreas com alta densidade populacional desse nematoide (Dias et al., 2011). De acordo com Franchini et al. (2014), em lavouras comerciais da região Centro-Oeste infestadas por *P. brachyurus*, foram ocasionadas perdas de até 50% na cultura da soja.

A ocorrência deste patógeno é mais intensa devido à predominância de solos com textura arenosa e pelo cultivo de milho ou algodão em sucessão à soja, culturas que são suscetíveis ao nematoide (Bellé et al., 2017; Inomoto et al., 2011; Ribeiro et al., 2010). Segundo Mainardi e Asmus (2015), a soja e o milho propiciam uma maior multiplicação do nematoide de lesões, especialmente nas regiões produtoras de soja caracterizadas pela sucessão do milho safrinha após a colheita da soja.

A reprodução do *P. brachyurus* ocorre por partenogênese mitótica “sem a ocorrência da fecundação pelo macho”. A fêmea pode colocar os ovos diretamente no solo ou dentro das raízes e o número varia de 70 a 120 por fêmea. Os ovos originam os juvenis de 2º estágio. O parasitismo nas raízes ocorre em todos os estádios e formas adultas desse nematoide (Tihohod, 2001). Assim como outras espécies, a duração do ciclo de vida do *P. brachyurus* pode ser alterada de acordo com fatores ambientais, tais como temperatura e umidade, mas em condições favoráveis o ciclo dura de 3 a 6 semanas. Após penetração nas raízes o nematoide se desloca até o cilindro central, onde inicia o movimento migratório inter e intracelular nas camadas mais profundas do córtex em paralelo ao eixo da raiz (Santos, 2015). Esse movimento afeta o parênquima cortical da planta, causando então a destruição de células e formando cavidades no córtex, sendo grande parte por meio da ação mecânica e injeção de substâncias tóxicas ou digeridas pelo nematoide. Este processo resulta em uma porta de

entrada para fungos e bactérias presentes no solo, que podem causar a destruição completa do sistema radicular (Almeida et al., 2005; Agrios, 2005)

3.2 *Meloidogyne incognita* e *Meloidogyne javanica*

Meloidogyne é conhecido como o nematoide das galhas por conta dos sintomas causados nas raízes de plantas infectadas. A descrição do gênero foi realizada por Göldi em 1892, em cafeeiro no Rio de Janeiro, a partir da espécie tipo *M. exigua*, válida até os dias atuais. Os primeiros registros de danos à sojicultura pelos nematoides de galha no Brasil foram com a introdução do cultivo no país. O gênero *Meloidogyne spp.* está completamente distribuído no mundo e engloba um extenso número de espécies, sendo *M. incognita* e *M. javanica* as que mais prejudicam a produção de soja no Brasil. *M. javanica* possui ocorrência generalizada, enquanto *M. incognita* é predominante em áreas cultivadas anteriormente com algodão ou café (Juhász et al., 2013).

Os índices sobre as perdas geradas por essas duas espécies são comuns e variam entre as diferentes áreas de cultivo ou regiões, atingindo até 40% em solos arenosos de baixa fertilidade (Fontana et al., 2018).

O ciclo de vida de *Meloidogyne sp.* começa com os ovos que passam para o estado de embriogênese, formando ainda, dentro dos mesmos, o juvenil de primeiro estágio (J1) que passa pela primeira ecdise e da origem ao Juvenil de segundo estágio (J2). A eclosão ocorre por força mecânica com auxílio do estômato-estilete e por ação de enzimas, especialmente de quitinases, liberadas pelo estilete.

O J2 pré-parasítico é o estágio móvel infectante, sendo guiado até as raízes por exsudatos radiculares liberados pelas plantas, ao encontrar uma raiz, o J2 penetra pela zona de alongação, utilizando a força mecânica do estilete para perfurar os tecidos e enzimas degradantes de parede celular, produzidas nas glândulas esofágicas e liberadas no interior dos tecidos pelo estilete.

Após a penetração ocorre a migração intercelular do J2 em direção ao cilindro vascular, local em que induz sítio de alimentação tornando as células multinucleadas e hipertrofiadas, as células gigantes (Abad, 2008). As células gigantes desenvolvem-se a partir do tecido vascular, tornam-se hipertrofiadas por meio da divisão nuclear sucessiva sem divisão celular completa em vários ciclos de reduplicação (Caillaud et al., 2008). As células gigantes nutrem o J2 sedentário, alterando o seu formato e aumentando o volume do corpo.

Em seguida, ocorrem sucessivas ecdises que resultam sequencialmente nos estádios J3 e J4, sem estilete e com formato salsichoide e, após a última ecdise, as fêmeas possuem

formato piriforme e os machos formato vermiforme. As fêmeas jovens são leitosas e ao final de seu ciclo de vida projetam o seu corpo com a região posterior rumo à superfície da raiz, liberando até 500 ovos envolvidos por uma massa de ovos mucilaginosa protetora. Já os machos deixam as raízes logo após a última ecdise (Karssen e Moens, 2006).

4 MELHORAMENTO GENÉTICO DA SOJA

O melhoramento genético vegetal teve início há mais de dez mil anos com o uso da seleção massal, na qual o homem, de modo inconsciente, selecionava indivíduos cujas características visíveis fossem superiores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; machado, 2014). Um exemplo disso seriam plantas que apresentassem maiores quantidades de flores e grãos, resultando assim em uma seleção de plantas que mais produziam. O melhoramento vegetal integra os avanços tecnológicos-científicos, necessidades ambientais e sociais para desenvolver produtos que propiciem benefícios ambientais, como o aumento da produção de alimentos a partir da adaptação da planta ao ambiente. O princípio do melhoramento clássico, através simplesmente da seleção de plantas com características superiores, e posteriormente a incorporação da genética e a estatística, contribuíram para alcançar os resultados dos dias atuais (Niazian; Niedbała, 2020).

Em meados dos anos 1970, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e no Centro Nacional de Pesquisa de Soja, iniciaram-se as pesquisas que deram início ao cultivo de soja em diferentes regiões brasileiras, após o desenvolvimento de populações entre cruzamentos de cultivares Norte Americanas com período juvenil longo, utilizadas como genitores nos cruzamentos para geração de populações segregantes com diferentes grupos de maturidade (Miyasaka et al., 1970, Almeida; Kiihl, 1998, Almeida et al., 1999).

Apesar do constante incremento do aumento de produtividade, as cultivares modernas estão apresentando cada vez maior altura, maior precocidade, menor índice de acamamento e maiores teores de proteína e óleo, em relação às cultivares antigas (Rincker et al., 2014). Porém, é importantíssimo ressaltar que o Brasil é dependente do germoplasma de outras localidades, tendo em vista a pequena base genética, evidenciado pelo fato de que o germoplasma foi constituído de poucos ancestrais (Priolli et al., 2013; Oliveira; Arias, 2017). Este afinamento da base genética gera alguns perigos, como a susceptibilidade a doenças (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Wysmierski; Vello, 2013).

Além de contribuir para a expansão da produção territorial, os programas desenvolveram cultivares que associam melhor os três fatores que estão correlacionados entre

si: a produtividade, resistências e precocidade (Nogueira; Sediya; Gomes, 2015). Os genótipos precoces, quando comparados aos tardios, permanecem menos tempo no campo, sendo assim, eles ficam menos expostos a ocorrência de doenças e pragas (Alves de Andrade et al., 2020).

O primeiro passo para o melhoramento vegetal é a escolha dos genitores. Estes devem possuir caracteres agrônômicos desejáveis para a realização das hibridações, objetivando-se a ampliação da variabilidade genética e a formação de uma população-base que seja promissora (Kaushik et al., 2018; Ribeiro; Pinto, 2020; Rocha et al., 2019). Nesta população-base o melhorista buscará material genético produtivo, com qualidade e boa adaptação (Bhering; Peixoto; Cruz, 2017). Assim, a avaliação do potencial genético dos genitores e o planejamento cuidadoso dos cruzamentos são essenciais para a obtenção de genótipos superiores, visto que maximizam a utilização de alelos desejáveis (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Rocha et al., 2019).

4.1 Parâmetros e diversidade genética em soja

Para conhecer a estrutura genética da população, a estimativa de parâmetros genéticos na cultura da soja é de extrema importância em estudos associados ao melhoramento. Os conhecimentos envolvidos nestes parâmetros são fundamentais para tomar as corretas decisões acerca das gerações iniciais e avançá-las em um programa de melhoramento, isto influenciará na seleção dos melhores genitores, escolha do método e a viabilidade das estratégias de seleção, determinação da importância de cada caráter, separadamente ou em conjunto, predição dos ganhos genéticos de seleção e identificação da natureza da ação de genes em caracteres quantitativos (Baldissera et al., 2014; Hamawaki et al., 2012; Santos et al., 2019; Teixeira et al., 2017; Vasconcelos et al., 2010;).

É importante conhecer a natureza e consequências genéticas da manipulação dos efeitos gênicos envolvidos na herança dos caracteres, fornecendo assim, uma base para avaliação dos programas de melhoramento. A partir da interação dos efeitos genéticos e do ambiente, têm-se a variabilidade fenotípica, que possibilita a predição de ganhos de seleção, assim, ajudando na definição de estratégia de um programa de melhoramento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Ramalho et al., 2012).

A soja é uma planta autógama, sendo possível por meio das populações segregantes estimar os parâmetros genéticos como a herdabilidade (Baldissera et al., 2014).

De todas as estimativas de parâmetros genéticos, uma das mais importantes utilizada no

melhoramento genético de qualquer espécie vegetal é a herdabilidade (Leite et al., 2016), representada pelo símbolo H^2 , oriundo da terminologia de Wright (1921). A H^2 consiste essencialmente da razão entre a variância genotípica e a variância fenotípica total, podendo ser estimada no sentido amplo e restrito em populações segregantes (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

A fim de se selecionar as gerações iniciais de uma forma mais eficiente é necessário que se tenha um H^2 elevado, ao contrário de caracteres com um H^2 restrito onde a seleção é mais eficiente em gerações avançadas (Jandong; Uguru; Okechukwu, 2020; Fehr, 1987). A H^2 no sentido amplo pode ser definida como a razão da variância genotípica (σ^2_g) pela fenotípica (σ^2_p), e no sentido restrito a H^2 pode ser definida como a razão da variância aditiva (σ^2_A) pela fenotípica (σ^2_p).

Para a obtenção de sucesso em qualquer característica que se busque no melhoramento genético, é necessário que ele seja herdável e esteja presente em uma população que apresente variação genética e assim realizar a seleção do caractere desejado, pois leva em consideração o fator genético, o ambiente e interação desses fatores (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). Dentre as variâncias que podem ocorrer quando se busca o melhoramento de uma espécie em específico, existe algumas variâncias que são capazes de serem estipuladas, tais como: componente de variância, que é uma medida das fontes de variação não controláveis denominado erro experimental ou variância de ambiente; a variância fenotípica (s^2_F), que é igual a soma das variâncias genotípica (s^2_G), ambiental (s^2_E) e da interação genótipos x ambientes ($s^2_{G \times A}$) (Ramalho et al., 2012).

Objetivando-se aumentar a eficácia dos programas de melhoramentos, o uso de genitores divergentes faz com que haja uma maior variabilidade da população segregante e, sendo assim, aumenta a possibilidade de rearranjar os alelos em novas combinações favoráveis (Cox et al., 1985; Nogueira, 2011; Bizari et al., 2014). A hibridação em autógamas, em sua maioria, são cruzamentos entre dois genitores (bi parentais).

Portanto, um grande desafio neste modelo de cruzamento é a variação genética limitada e a pequena capacidade de recombinação (Rigon et al., 2012). Sendo assim, os estudos de diversidade consideram características morfológicas, agronômicas e moleculares para selecionar futuros genitores com melhores características já citadas (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

4.2 Interação genótipo e ambiente em relação aos genitores de soja

Quando se fala em ambiente, tem-se que é o envolvimento de uma série de condições sob as quais as plantas estarão expostas e se desenvolverão, estes podem ser representados por locais, anos, práticas culturais ou o manejo empregado ou também a combinação de todos os fatores citados. Ao se instalar um experimento, este nada mais é que um grupo de genótipos selecionados que irão ser semeados e crescerão em um ou mais ambientes, cada um dos fatores que compõem o ambiente tem o potencial de provocar uma performance diferente nos genótipos selecionados, realizando assim a associação da denominação GxA genótipo e ambiente.

Foram classificados por Allard e Bradshaw (1954) as possíveis variações ambientais em dos grupos: previsíveis e imprevisíveis. Variações previsíveis são aquelas que ocorrem de forma constante ou sempre, ou estão sob o controle humano. Dentre os fatores previsíveis podemos citar: tipo de solo, data da semeadura, espaçamento entre as fileiras, densidade de semeadura e níveis de adubação ou aplicação de defensivos agrícolas. Já as variações imprevisíveis são caracterizadas por ocorrerem inconsistentemente e estes podem incluir as precipitações, temperatura, umidade relativa do ar e eventos climáticos como geadas, granizo, dentre outros.

Os programas de melhoramento têm como objetivo desenvolver cultivares para vários tipos de ambientes e para ambientes específicos (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021), sendo assim, a importância de se avaliar os fatores genótipos e ambiente (GxA) se tornam cada vez mais explícitos e direcionam o desenvolvimento para indivíduos superiores (Duarte; Vencovsky, 1999).

Com a avaliação da interação (GxA), pode-se averiguar a adaptabilidade e estabilidade fenotípica, que é a capacidade de adaptação de um genótipo específico em relação a mudanças climáticas em um local pré-determinado (Ramalho et al., 2012). A adaptabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos em responder vantajosamente aos estímulos ambientais, e a estabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento altamente previsível frente aos estímulos ambientais (Cruz et al., 2014)

Para avaliar a adaptabilidade e a estabilidade vários métodos podem ser utilizados, os quais se diferenciam quanto ao conceito de estabilidade e aos procedimentos biométricos adotados (Prado et al., 2001). Segundo Cargnelutti Filho et al. (2007), esses métodos podem ser dispostos em diversas classes, como aqueles baseados em análise de variância (Yates; Cochran, 1938; Plaisted; Peterson, 1959; Wricke, 1965).

Buscando-se avaliar o desenvolvimento nos ambientes escolhidos e estimar a adaptabilidade e estabilidade das cultivares, se faz necessário realizar análises univariadas

e/ou multivariadas (Bhartiya et al. 2017). O método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA) resulta da classificação dos genitores em grupos, com base na homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre grupos (Kloster et al., 2011).

REFERÊNCIAS

- ABAD, P.; GOUZY, J.; AURY, J.M.; CASTAGNONE-SERENO, P.; DANCHIN, E.G.; DELEURY, E.; PERFUS-BARBEOCH, L.; ANTHOUARD, V.; ARTIGUENAVE, F.; BLOK, V.C. Genome sequence of the metazoan plant parasitic nematode *Meloidogyne incognita*. **Nature Biotechnology**, v.26, p.909–915, 2008. Acesso em 15 fev 2024.
- AGRIOS, G.N. **Plant pathology**. 5.ed. Gainesville: Academic Press. 2005. 952 p. Acesso em 17 mar 2024.
- ALMEIDA, A.M.R. et al. Doenças da soja. In: KIMATI, H. et al. **Manual de fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. p.569-588.
- APROSOJA BRASIL. **Soja brasileira: História e perspectivas**. Brasília, DF, 2020. Disponível em: <https://aprosojabrasil.com.br/comunicacao/blog/2020/08/27/braziliansoybean-exports/>. Acesso em: 23 fev. 2024.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632>. Acesso em: 02 abr. 2024.
- BHARTIYA, A., ADITYA, J. P., SINGH, K., PURWAR, J. P.; AGARWAL, A. AMMI and GGE biplot analysis of multi environment yield trial of soybean in North Western Himalayan state Uttarakhand of India. **Legume Research: An International Journal**, v. 40, n. 2, 2017. Disponível em: 29 <https://arccjournals.com/journal/legume-research-an-international-journal/LR-3562>. Acesso em:03 mar 2024.
- <https://www.dw.com/pt-br/popula%C3%A7%C3%A3o-mundial-aumentou-em-75-milh%C3%B5es-em-2023/a-67850108> Acesso em: 15 fev 2024.
- BELLÉ, C.; KUHN, P. R.; KASPARY, T. E.; SCHMITT, J. Reação de cultivares de soja a *Pratylenchus brachyurus*. **Revista Agrarian**, Dourados, v. 10, n. 36, p. 136- 140, 2017. Acesso em: 10 fev 2024.
<https://doi.org/10.30612/agrarian.v10i36.4322>.
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 8. p. 173-195
- BOERMA, H.R.;HUSSEY , R.S. Breeding plants for resistance to namatodes. **Journal of Nematology**, v. 24, p. 242-252, 1992. Acesso em: 20 fev 2024.
<https://doi.org/10.1145/135250.134560>
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2021. 384 p.
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 8. p. 173-195

CAILLAUD, M.C. et al. Root-knot nematodes manipulate plant cell functions during a compatible interaction. **Journal of Plant Physiology**, v.165 p.104–113, 2008. Acesso em: 20 mar 2024.
<https://doi.org/10.1016/j.jplph.2007.05.007>

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 571-578, 2007. Acesso em: 15 mar 2024
<https://doi.org/10.1590/S0006-87052007000400006>

CNPE Publicado em 19/12/2023 - 15:21 Por Sabrina Craide - Repórter da Agência Brasil – Brasília
<https://agenciabrasil.ebc.com.br/economia/noticia/2023-12/percentual-de-biodiesel-no-diesel-subira-para-14-em-marco-de-2024> Acesso em: 20 mar 2024.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: 5º levantamento da safra 2023/24. 11. ed. Brasília, DF: Companhia Nacional de Abastecimento, 2024. 124 p. Acesso em 10 fev 2024.

COX, T. S.; KIANG, Y. T.; GORMAN, M. B.; RODGERS, D. M. Relationship between coefficient of parentage and genetic similarity indices in the soybean. **Crop Science**, v. 25, p. 529-532, 1985. Disponível em:
<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1985.0011183X002500030023x>. Acesso em: 03 abr. de 2024
<https://doi.org/10.2135/cropsci1985.0011183X002500030023x>

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

DIAS, W.P. et al. **Nematoides em soja: identificação e controle**. Londrina: Embrapa Soja. ISSN 2176-2864. 2010. (Circular técnica, 76). Acesso em 23 abr 2024.

DIAS-ARIEIRA, C. R.; CHIAMOLERA, F. M. Cresce a incidência de nematoides em milho e soja. **Revista Campo e Negócios**, Uberlândia, v. 97, p. 18-21, 2011. Acesso em 22 abr 2024.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966. Acesso em: 03 abr 2024.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1966.0011183X000600010011x>

FERRARI, R.A.; OLIVEIRA, V.S.; SCABIO, A. Biodiesel de soja – taxa de conversão em ésteres etílicos, caracterização físicoquímica e consumo em gerador de energia. **Química Nova**, v.28, n.1, p.19-23, 2005 Acesso em: 26 mar 2024
<https://doi.org/10.1590/S0100-40422005000100004>

FONTANA, L.F. et al. Interference of Meloidogyne javanica in the reproduction of Pratylenchus brachyurus in soybean cultivar BRS/MT pintado. **Summa Phytopathologica**, v.44, p.143–147, 2018. Acesso em: 14 mar 2024.
<https://doi.org/10.1590/0100-5405/177037>

FRANCHINI, J. C.; DEBIASI, H.; DIAS, W. P.; RAMOS JUNIOR, E. U.; SILVA, J. F.V. Perda de produtividade da soja em área infestada por nematoide das lesões radiculares na região médio norte do Mato Grosso. In: BERNARDI, A. C. de C.; NAIME, J. de M.; RESENDE, A. V. de; BASSOI, L.

H.; INAMASU, R. Y. (ed.). **Agricultura de precisão: resultados de um novo olhar**. São Carlos: Embrapa Instrumentação, 2014. p. 274-278. Acesso em: 15 mar 2024

GOULART, A. M. C. Aspectos gerais sobre nematoides das lesões radiculares (gênero *Pratylenchus*). Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2008. 30 p (**Documentos – ISSN 1517-5111; 219**). Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/CPAC-2010/30288/1/doc-219.pdf>. Acesso em: 28 fev. 2024.

INOMOTO, M. M.; SILVA, R. A. Importância dos nematoides da soja e influência da sucessão de cultura. **Boletim de Pesquisa da soja 2011**, Rondonópolis, n. 15, p. 392- 399, 2011. Acesso em: 22 mar 2024.

JANDONG, E. A.; UGURU, M. I.; OKECHUKWU, E. C. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for agronomic and yield traits in soybean (*Glycine max L.*). **Afr J Biotechnol**, v. 19, n. 4, p. 201-206, 2020.

Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJB/article-abstract/78BE16163465>. Acesso em: 02 abr. 2024.

JUHÁSZ, A.C.P. et al. Desafios fitossanitários para a produção de soja. *Informe Agropecuário*, v.34, n.276, p.66-75, 2013. Acesso em: 22 mar 2024.

KARSSSEN, G.; MOENS, M. Root-knot nematodes. In: PERRY, R.N.; MOENS, M. Eds). **Plant Nematology**. CABI publishing, 2006. p.59-90. Acesso em: 14 mar 2024.
<https://doi.org/10.1079/9781845930561.0059>

KAUSHIK, P.; PLAZAS, M.; PROHENS, J.; VILANOVA, S.; GRAMAZIO, P. Diallel genetic analysis for multiple traits in eggplant and assessment of genetic distances for predicting hybrids performance. **PLoS ONE**, [s.l.], v. 13, n. 6, e0199943, 2018.

Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0199943>. Acesso em: 02 abr. 2024. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0199943>

KLOSTER, G.S.; BARELLI, M.A.A.; SILVA, C.R.; NEVES, L.G.; PAIVA, SOBRINHO. S.; LUZ, P.B. Análise da divergência genética através de caracteres morfológicos em cultivares de feijoeiro. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 6, p. 452-459, 2011.

Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v6i3a1140>. Acesso em. jan. 2023.

<https://doi.org/10.5039/agraria.v6i3a1140>

LAPERA, C. A. I.; LIMA, M. W. P.; VILARINHO, M. S. Ecofisiologia da soja. In: DIAS, J. P. T. (org.). **Ecofisiologia de culturas agrícolas**. Belo Horizonte, MG: EdUEMG, 2018. Cap. 8. p. 120-149. Acesso em 25 fev 2024.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1176>. Acesso em: 02 abr. 2024.

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

MAINARDI, J. T.; ASMUS, G.L. Danos e potencial reprodutivo de *Pratylenchus brachyurus* em cinco espécies vegetais. **Revista de Agricultura Neotropical**, v.2, n.4, p.38-47, 2015. Acesso em 15 fev 2024.

<https://doi.org/10.32404/rean.v2i4.683>

MARTINS, GD et al. Detecção e mapeamento da infecção por nematóides das galhas na cultura do café usando medições de sensoriamento remoto. **IEEE Journal of Selected Topics in Applied Earth Observations and Remote Sensing**, v.10, n.12, p.5395-5403, 2017. Disponível em: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/8016326> Acesso em: 18 fev. 2024. doi:

10.1109/JSTARS.2017.2737618

<https://doi.org/10.1109/JSTARS.2017.2737618>

MATSUO, É.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. Desenvolvimento de cultivares. In: BORÉM, A.; MATSUO, É.; SEDIYAMA, T. **Melhoramento da Soja no Brasil**. Londrina: Editora Mecenaz, 2021. Cap. 6. p. 93-104.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T. Morfologia vegetativa e reprodutiva. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 4. p. 62-77.

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap. 2. p. 27-53.

MIYASAKA, S.; GUIMARAES, G.; KIIHL, R. A. S.; LOVADINE, L. A. C.; DEMATTE, J. D. Variedades de soja indiferentes ao fotoperíodo e tolerantes a baixas temperaturas. **Bragantia**, Campinas, v. 29, n. 15, p. 169-174, 1970.

Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/gbX4R4QzmqDCPpFLQ63fyJm/?lang=pt>. Acesso em: 02 abr. 2024

<https://doi.org/10.1590/S0006-87051970000100015>

NIAZIAN, M.; NIEDBAŁA, G. Machine learning for plant breeding and biotechnology. *Agriculture*, [s.l.] v. 10, n. 10, p. 436, 2020. Disponível em: [https://www.mdpi.com/2077-0472/10/10/436#:~:text=Machine%20learning%20techniques%2C%20along%20with,\(metabolomic%20and%20genomic\)%20data](https://www.mdpi.com/2077-0472/10/10/436#:~:text=Machine%20learning%20techniques%2C%20along%20with,(metabolomic%20and%20genomic)%20data). Acesso em: 02 abr. 2024.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; DESTRO, D. Estádios de desenvolvimento. In: SEDIYAMA (ed.). **Tecnologias de produção de sementes de soja**. Londrina, PR: Editora Mecenaz. p. 15-44. 2013. Acesso em: 19 mar 2024.

PRADO, E. E.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001. Acesso em: 20 mar 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2001000400005>

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

15 mar 2024.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. **American Potato Journal**, Orono, v. 36, n. 2, p. 381-385, 1959. Acesso em: 20 mar 2024.

<https://doi.org/10.1007/BF02852735>

RIBEIRO, N. R.; DIAS, W. P.; SANTOS, J. M. Distribuição de fitonematoides em regiões produtoras de soja do estado de Mato Grosso. Rondonópolis: Fundação MT, 2010. p. 289-296. (**Boletim de Pesquisa de Soja 2010**). Acesso em: 18 mar 2024.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F. D.; ROSA, G. M. D.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, [s.l.], v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/dWnFQRznYbhv4MtMgN3C75G/?lang=pt>. Acesso em: 03 de abr de 2024

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>

RINCKER, K.; NELSON, R.; SPECHT, J.; SLEPER, D.; CARY, T.; CIANZIO, S. R.; CASTEEL, S.; CONLEY, S.; CHEN, P.; DAVIS, V.; FOX, C.; GRAEF, G.; GODSEY, C.; HOLSHOUSER, D.; JIANG, G. L.; KANTARTZI, S. K.; KENWORTHY, L. W.; LEE, C.; MIAN, R.; MCHALE, L.; NAEVE, S.; ORF, J.; POYSA, V.; SCHAPAUGH, W.; SHANNON, G.; UNIATOWSKI, R.; WANG, D.; DIERS, B. Genetic Improvement of U.S. Soybean in Maturity Groups II, III, and IV. **Crop Science**, Madison, v.54, p.1-14, 2014.

Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2013.10.0665>. Acesso em: 02 abri. 2024

ROSA, A.M.; CLAVISO, J.; PASSOS, L.; AGUIAR, C.L. Alimentos fermentados à base de soja (*Glycine max* (Merrill) L.): importância econômica, impacto na saúde e efeitos associados às isoflavonas e seus açúcares. **Revista Brasileira de Biociência**, Porto Alegre, v.7, n.4, out./dez. 2009. Acesso em: 15 mar 2024.

SANTANA, I. V. S.; BALBINOT JUNIOR, A. A.; COELHO, A. E.; OLIVEIRA, M. A. de; DEBIASI, H.; FRANCHINI, J. C. JORNADA ACADÊMICA DA EMBRAPA SOJA, 17., 2022, Londrina. Resumos expandidos... Londrina: Embrapa Soja, 2022. (**Embrapa Soja**. Documentos, 446). Regina Maria Villas Bôas de Campos Leite, Larissa Alexandra Cardoso Moraes, Kelly Catharin, Editoras Técnicas. Acesso em: 22 abr 2024

SANTOS, T.F.S. et al. Reprodução de *Pratylenchus brachyurus* em diferentes níveis de inoculo e tempo de avaliação em três cultivares de soja. **Nematropica**, v. 45, n. 1, p.43-50, 2015. Acesso em: 05 abr 2024.

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

SEVERINO, J. J.; DIAS-ARIEIRA, C. R.; TESSMANN, D. J. Nematodes associated with sugarcane (*Saccharum* spp.) in sandy soils in Parana, Brazil. **Nematropica**, Florida, v. 40, n. 1, p. 111-119, 2010. Acesso em: 25 fev 2024.

SOCIEDADE BRASILEIRA DE NEMATOLOGIA (SBN). Distribuição de nematoides no Brasil.

In: 37º **CONGRESSO BRASILEIRO DE NEMATOLOGIA**. Ribeirão Preto, 2022. Anais eletrônicos [...]. Ribeirão Preto, São Paulo, 2022. Disponível em: https://www.37cbrn.com.br/files/anais_2022_v2.pdf. Acesso em: 14 fev. 2024.

SOUZA, T.L.P.O. Uso de marcadores moleculares no melhoramento de plantas para resistência a nematoides. In: XXXVI **CONGRESSO BRASILEIRO DE NEMATOLOGIA**. Caldas Novas. Resumos [...], 2019. Disponível em: < <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/198195/1/CNPAF-2019-cbnts.pdf>>. Acesso em: 28 fev, 2024.

SULISTYO, A.; PURWANTORO; SARI, K. P. Correlation, path analysis and heritability estimation for agronomic traits contribute to yield on soybean. **International Symposium on Food and Agrobiodiversity**, [s.l.], v. 102, e012034, 2018. Disponível em: <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/102/1/012034>. Acesso em: 22 fev. 2024.

TAI, G. C. C. Genotype stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 1, p. 184-190, 1971. Acesso em: 30 mar, 2024
<https://doi.org/10.2135/cropsci1971.0011183X001100020006x>

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of group of experiments. **Journal of Agricultural Science**, Cambridge, v. 28, n. 1, p. 556-580, 1938. Acesso em: 09 mar, 2024
<https://doi.org/10.1017/S0021859600050978>

CAPÍTULO II

ANÁLISE DIALÉLICA DE PROGENIES F2 DE SOJA VISANDO CAPACIDADE DE COMBINAÇÃO PARA CARÁCTERES AGRONÔMICOS

RESUMO

Além da escolha de parentais com característica de interesse para formar o bloco de cruzamento, avaliar o potencial genético e selecionar genitores visando alcançar populações superiores em performance agrônômica de interesse, como precocidade e produtividade, é uma das etapas mais importantes em programas de melhoramento. Assim sendo, este trabalho objetivou avaliar a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) de cinco genitores de soja, através do dialelo parcial, estabelecendo os progenitores e combinações mais propícias para precocidade e produtividade de grãos de soja. Os genitores selecionados foram: UFUS8301 (11), UFUS7910 (12), BRS7481 (13), BRS7980 (14) e BRS 7380 (15). As hibridações foram realizadas em casa de vegetação da Universidade Federal de Uberlândia, na área experimental da Fazenda do Capim Branco, Uberlândia-MG, em dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos pelo método 2 de Griffing. O bloco de cruzamento foi conduzido com semeadura escalonada a cada 6 dias para garantir a sincronia do florescimento dos parentais. Multiplicou-se as sementes híbridas F1 em casa de vegetação. Logo após, as sementes de dez combinações F2 obtidas e seus genitores foram semeadas no dia 12/10/2023 em campo com delineamento de blocos casualizados, com cinco repetições, sendo que a unidade experimental foi composta por uma linha de 2 metros e 16 plantas por metro. Foram avaliados 18 caracteres agrônômicos: altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vagem (AIPV), número de nós totais na maturação (NNTM), número de nós ramificados (NNRAM), número de nós produtivos (NNNPROD), número de vagens com 0, 1, 2, 3 e 4 grãos (NV0G, NV1G, NV2G, NV3G, NV4G), número total de vagens (NTV), número de grãos por vagem (NGV), número de dias para maturação (NDM), número de grãos por planta (NGP), peso de 100 grãos (P100G), peso de grãos por planta (PGP), produtividade e número de dias para florescimento (NDF). Os dados foram submetidos à análise de variância, os agrupamentos pelo teste Scott-Knott e foi realizada a análise dialélica pelo método 2 de Griffing. Houve predominância do efeito gênico aditivo e alta estimativa de herdabilidade para todas as características avaliadas em todos os genitores, exceto para PROD. Os genitores BRS7380RR e BRS7481 contribuem para obtenção de populações segregantes precoces, em função da aditividade para redução do número de dias para maturidade, enquanto os genitores UFUS 8301 e UFUS7910 contribuem para o potencial produtivo devido efeito aditivo para número de vagens totais, com 1, 2, 3 e 4 grãos. A combinação segregante UFUS8301 X BRS7980 mostrou-se promissora para a obtenção de populações precoces e UFUS7910 X BRS7380RR se mostrou promissora com alto potencial produtivo, grãos menores, plantas com maior porte e maior engalhamento.

Palavras-chave: capacidade combinatória; produtividade; seleção de genitores.

DIALELLIC ANALYSIS OF SOYBEAN PROGENIES F2 AIMING FOR COMBINATION CAPACITY FOR AGRONOMIC AND PRODUCTIVE CHARACTERS

ABSTRACT

In addition to choosing parents with characteristics of interest to form the crossing block, evaluating genetic potential and selecting parents that reach superior populations in agronomic performance of interest, such as precocity and productivity, is one of the most important steps in genetic improvement programs. Therefore, the objective of this work was to evaluate the general (CGC) and specific combining capacity (CTC) of five soybean parents, through partial diallel, thus managing to establish the parents and combinations most suitable for precocity and grain productivity. soy. The selected parents were: UFUS8301 (11), UFUS7910 (12), BRS7481 (13), BRS7980 (14) and BRS 7380 (15). Hybridizations were carried out in a greenhouse at the Federal University of Uberlândia, in the experimental area of Fazenda do Capim Branco, Uberlândia-MG in a balanced diallel with parents and without reciprocals using Griffing's method 2, the block crossing was carried out with staggered sowing every 6 days to ensure synchronous flowering of the parents. Seeds of the F1 hybrid were multiplied in a greenhouse. Soon after, the seeds of ten F2 combinations obtained and their parents were sown on 10/12/2023 in a field with a randomized block design, with five replications, with the experimental unit consisting of a 2 meter line and 16 plants per meter. . 18 agronomic characteristics were evaluated: plant height at maturity (APM), first pod insertion height (AIPV), total number of nodes at maturity (NNTM), number of branched nodes (NNRAM), number of productive nodes (NNNPROD) , number of pods with 0, 1, 2, 3 and 4 grains (NV0G, NV1G, NV2G, NV3G, NV4G), total number of pods (NTV), number of grains per pod (NGV), number of days for maturation (NDM), number of grains per plant (NGP), weight of 100 grains (P100G), weight of grains per plant (PGP), productivity and number of days to flowering (NDF). The data were subjected to analysis of variance, grouping using the Scott-Knott test and diallel analysis using the Griffing 2 method. There was a predominance of the additive gene effect and a high estimate of heritability for all characteristics evaluated in all parents, except PROD, the parents BRS7380RR and BRS7481 contribute to obtaining early seeding populations, due to the additive effect to reduce the number of days to maturity, while parents UFUS 8301 and UFUS7910 contribute to the productive potential due to the additive effect on the total number of pods, with 1, 2, 3 and 4 grains, the segregating combination UFUS8301 X BRS7980 showed promise for obtaining early populations, and UFUS7910 X BRS7380RR shows promise with high production potential, smaller grains, larger plants and greater de-stemming.

Keywords: combinatorial capacity; productivity; selection of parents.

1 INTRODUÇÃO

As características principais que são avaliadas quando se buscam os genitores são adaptabilidade, desempenho agrônomico e habilidade de combinação (Bhering; Peixoto; Cruz, 2017). Através do método da capacidade combinatória tem-se uma grande vantagem, que é a obtenção de progênies de elevado potencial mesmo com o uso de genitores medianos, também é possível que haja a compreensão da ação gênica envolvida na herança dos caracteres (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). A melhor maneira de se determinar a capacidade de combinação de parentais para geração de híbridos é por meio da análise dialélica (Rocha et al., 2019).

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

Nos cruzamentos dialélicos, utilizando o Método 2 proposto por Griffing (1956), é possível estimar a capacidade geral e específica de combinações e cruzamentos. A capacidade geral de combinação (CGC) está associada a genes de caractere aditivo e demonstram o comportamento médio de um genitor e duas combinações híbridas. Em contrapartida, a capacidade específica de combinação (CEC) depende única e exclusivamente da ação gênica não aditiva e expressa o desvio de um cruzamento em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação de seus genitores (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Hayes e Immer (1942) definiram que a capacidade combinatória é a capacidade dos genitores selecionados de transferirem as características desejadas para a prole híbrida. A metodologia proposta por Griffing (1956) está entre as análises dialélicas que podem ser utilizadas.

Utilizando-se gerações avançadas na análise dialélica, como a F_2 , é possível obter mais eficácia nas previsões sobre o desempenho de híbridos de espécies autógamas, pois se têm a redução do nível de efeitos do gene de dominância (Bhullar; Gill; Khehra, 1979). De acordo com Vencovsky (1978), as estimativas de CGC podem sofrer um viés devido à predominância de desvios de dominância quando se utiliza a geração F_1 .

A análise dialélica em geração F2 de soja foi realizada em vários estudos nos últimos anos (Daronch et al., 2014; Colombo et al., 2018; Rocha; Pereira; Vello, 2018; Teodoro et al., 2019)

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

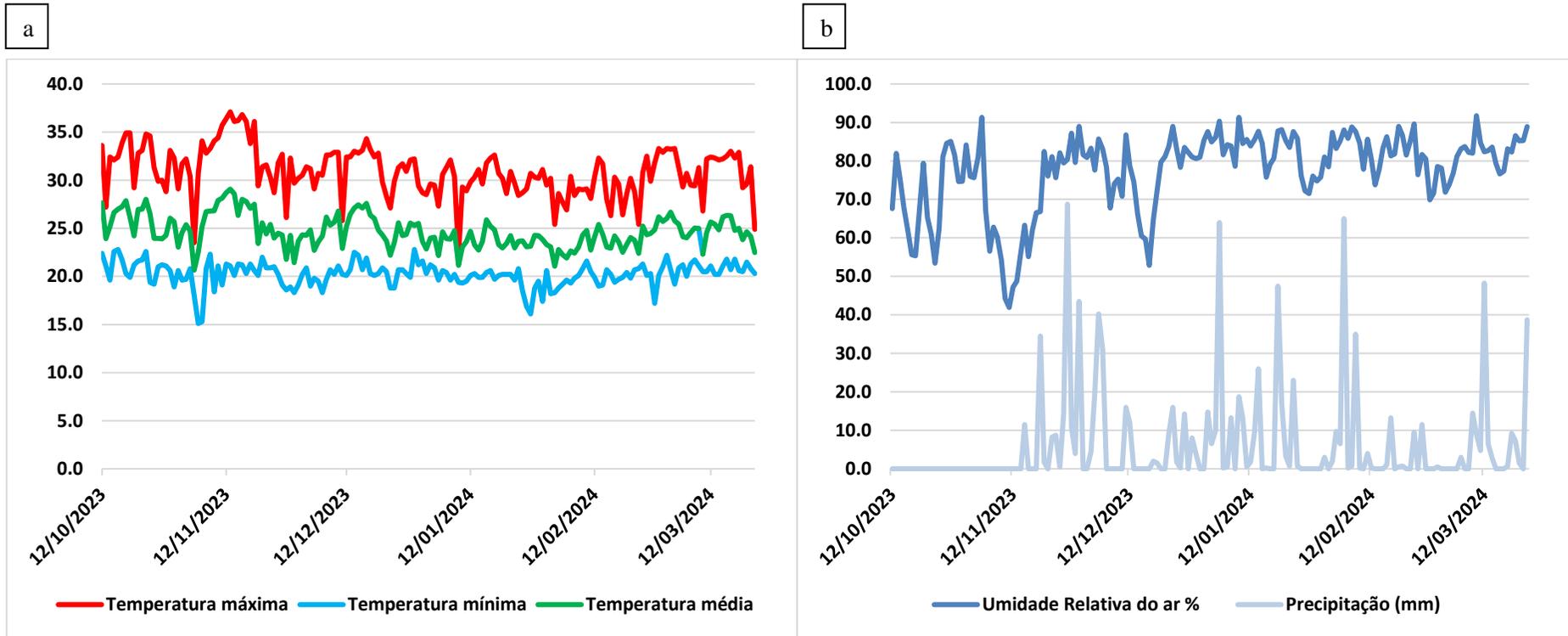
2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local de instalação do experimento

A pesquisa foi conduzida em campo experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizado na Fazenda Experimental Capim Branco, com a referência geográfica 18°52' de latitude S, 48°20' de longitude W e 805 m de altitude, no município de Uberlândia (MG).

Durante o experimento foram coletados os parâmetros meteorológicos de temperatura mínima, média e máxima relativa do ar (°C) (Figura 1a), umidade relativa do ar (%UR) e precipitação pluviométrica (mm) (Figura 1b) através da Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco (18°52'52,5" S latitude S e 48°20'37,3"O de longitude), localizada a 807 metros de altura, no município de Uberlândia-MG, pelo Banco de Dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia.

Figura 1- Temperatura mínima, média e máxima do ar (a) e Umidade média e precipitação (b) de 12 de outubro de 2023 a 20 de março de 2024, durante a condução em campo do teste de progênies na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia (MG).



Fonte: o autor.

2.2 Seleção de parentais para realização do bloco de cruzamento

Foram selecionados cinco genitores, sendo cultivares comerciais de soja, em que quatro cultivares apresentavam resistência a *M. incognita* e três a *M. javanica* nematoides de galhas e duas cultivares apresentavam baixo fator de multiplicação e resistência a *P. brachyurus* nematoides de lesões. Os cruzamentos foram realizados no intuito de desenvolver populações segregantes para precocidade e elevado potencial produtivo (Tabela 1).

Tabela 1 - Características dos genótipos de soja utilizados como genitores no bloco de cruzamento dialélico.

Característica	Genótipo				
	BRS7980	BRS7481	BRS7380RR	UFUS8301	UFUS7910
Instituição	EMBRAPA	EMBRAPA	EMBRAPA	PMG-UFU	PMG-UFU
Ciclo	105-120	90-105	100-105	121-130	105-115
Cor da flor	Branca	Branca	Branca	Branca	Roxa
Tipo de Crescimento	D	I	I	D	D
Pubescência	M	C	C	M	MC
Cor do hilo	P	MC	MC	M	P
Resistência a doenças					
Cancro da haste	R	SI	R	R	R
Pústula bacteriana	R	-	MR	-	R
Ferrugem asiática	-	-	-	MR	MR
Oídio	-	-	-	MR	MR
Nematoides de lesões <i>Pratylenchus brachyurus</i>	SI	SI	BFM	R	SI
Nematoides de galhas <i>Meloidogyne incognita</i>	R	R	MR	R	R
Nematoides de galhas <i>Meloidogyne javanica</i>	R	R	R	SI	SI

Abreviaturas: M: Marrom; MC: marrom claro; P: preto; C: Cinza; D: determinado; I: indeterminado; R: resistente; MR: moderadamente resistente; BFM: baixo fator de multiplicação. Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA

2.3 Hibridação artificial

O bloco de cruzamento foi realizado utilizando-se o método de dialelo balanceado com progenitores e sem recíprocos. Com a combinação dos cruzamentos dos cinco genitores foram geradas dez combinações híbridas F1 (Tabela 2).

Tabela 2 - Esquema do dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos e codificação das populações.

GENITORES	UFUS8301	UFUS7910	BRS7481	BRS7980	BRS7380RR
UFUS8301	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5
UFUS7910		2x2	2x3	2x4	2x5
BRS7481			3x3	3x4	3x5
BRS7980				4x4	4x5
BRS7380RR					5x5

Genitores; 1: UFUS8301, 2: UFUS7910, 3: BRS7481, 4: BS7980, 5: BRS7380RR. Em negrito constam a autofecundação dos parentais, os demais cruzamentos demonstram quais os parentais que foram utilizados, exemplo; 1x2, hibridação entre o genótipo 1 “UFUS8301” com o genótipo 2 “UFUS7910”. Fonte: Delineamento do método 2 de Griffing (1956).

Conduziu-se o bloco de cruzamentos de julho de 2022 a fevereiro de 2023. Utilizou-se vasos de polietileno preto de 3,0 dm³, preenchendo-os com substrato na proporção 3:1:1 (solo: esterco bovino: substrato comercial), o solo utilizado foi classificado como Latossolo Vermelho, de acordo com o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (Santos et al., 2018). Utilizou-se na semeadura adubação equivalente a 400 kg ha⁻¹ da fórmula comercial de NPK 08-28-16. Foram semeadas cinco sementes por vaso a uma profundidade de 2,0 cm, as semeaduras foram realizadas de forma escalonada a cada seis dias, visando garantir a sincronia do florescimento entre os parentais (Figura 2a). Para cada genitor, foram utilizados dois vasos por época de semeadura. O desbaste das plantas nos vasos foi realizado quando estas atingiram o estágio fenológico V2 (primeira folha trifoliolada completamente desenvolvida) (Fehr; Caviness, 1977), mantendo-se três plantas por vaso (Figura 2d).

2.3.1 Complementação nutricional mineral

No estágio fenológico V4 foi realizada a aplicação de fertilizante foliar, conforme composição demonstrada na Tabela 3. Com dose de 100 ml ha⁻¹, utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹, aplicado com pulverizador manual 20 L de calda, com pressão de 2 BAR, vazão de 0,35 L minuto⁻¹. A adubação de cobertura foi realizada a cada 20 dias com NPK na formulação de 08-28-16 utilizando 3 g vaso⁻¹.

Tabela 3 - Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar.

Nutriente	Quantidade
Nitrogênio	4%
Carbono orgânico total e aminoácidos livres	6%
Cobalto	1%
Molibdênio	5%
Agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos	7%

Figura 2 – Primeira época de sementeira (a), segunda época de sementeira (b), desenvolvimento dos genitores do bloco de cruzamentos (c, d).



Fonte: o autor.

A irrigação foi realizada utilizando regadores, ocorrendo em dois horários diariamente, sendo eles às 10h00min e às 15h00min, mantendo-se o solo dos vasos úmidos. Além de capinas manuais quando necessário, o controle de doenças foi realizado aplicando-se a cada 15 dias fungicidas de contato e acaricidas comerciais. Foram realizadas 4 aplicações para o controle de pragas e doenças com o auxílio de um pulverizador manual de compressão prévia de 5 litros sendo: 1 aplicação com fungicida de contato e acaricida comercial composto por 800 g kg⁻¹ de enxofre na dose de 2,5 kg p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 300 L ha⁻¹; 1 aplicação de inseticida de contato e ingestão composto por 480 g L⁻¹ de clorpirifós na dose de 0,25 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L ha⁻¹; 1 aplicação com o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 ml L⁻¹; 01 aplicação do acaricida e inseticida de contato composto por 18 g L⁻¹ de abamectina na dose de 250 ml p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L.

Para realizar as hibridações artificiais foi utilizado a seguinte técnica: utilizando-se uma pinça de relojoeiro número 5, onde para a emasculação da flor utilizada como genitor feminino, onde se escolhiam flores com botão floral que apresentassem a coloração das pétalas visíveis entre as sépalas, para o genitor masculino, foram escolhidos botões florais que apresentassem bom estágio de desenvolvimento, com estandarte expandido e aberto na data do cruzamento, para verificar se o botão floral estava viável, o mesmo era encostado na unha do polegar para ver se a flor estava derriçando pólen (Matsuo; Ferreira; Sediyaama, 2015). Assim, o pólen do genitor masculino foi coletado e aplicado sobre o estigma da flor emasculada e identificado com uma etiqueta a data e horário do cruzamento e os respectivos genitores masculino e feminino. As sementes híbridas F1 foram colhidas após o estágio fenológico R8 (95% das vagens maduras) (Fehr; Caviness, 1977) (Figura2) e armazenados em saquinhos de papel, após isso eram guardados em câmara fria.

Figura 3 – Cruzamentos de soja obtidos a partir dos blocos de cruzamentos (a) e armazenamento das sementes F1 (b).



Fonte: o autor.

2.4 Obtenção de sementes das populações F2

2.4.1 Semeadura

Para realizar a obtenção de maior quantidade de sementes para realização do experimento de análise dialélica em geração F2 em campo, tendo em vista o baixo número de sementes F1, em 06 de abril de 2023 as combinações híbridas F1 foram semeadas em casa de vegetação da fazenda Experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia (figura3). Foram realizadas as semeaduras em vaso de polietileno preto de 3 dm³ em campo, adotando-se os mesmos tratos culturais que foram adotados no bloco de cruzamentos.

Foram guardadas as sementes F2 em sacos papel Kraft e armazenadas em câmara fria (Figura 4 a, b).

Figura 4 – Dialelo instalado (a) e sacos de papel Kraft contendo sementes para armazenamento (b).



Fonte: o autor.

2.4.2 Complementação nutricional mineral

No estágio fenológico V4 foi realizada a aplicação de fertilizante foliar conforme composição mostrada na Tabela 4. Com dose de 100 ml ha⁻¹, utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹, aplicado com pulverizador manual 20 L de calda, com pressão de 2 BAR, vazão de 0,35 L minuto⁻¹. A adubação de cobertura foi realizada a cada 20 dias com NPK na formulação de 08-28-16 utilizando 3 g vaso⁻¹.

Tabela 4 - Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar.

Nutriente	Quantidade
Nitrogênio	4%
Carbono orgânico total e aminoácidos livres	6%
Cobalto	1%
Molibdênio	5%
Agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos	7%

2.4.3 Controle de pragas e doenças

Foram realizadas 4 aplicações para o controle de pragas e doenças com o auxílio de um pulverizador manual de compressão prévia de 5 litros sendo: 1 aplicação com fungicida de contato e acaricida comercial composto por 800 g kg⁻¹ de enxofre na dose de 2,5 kg p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 300 L ha⁻¹; 1 aplicação de inseticida de contato e ingestão composto por 480 g L⁻¹ de clorpirifós na dose de 0,25 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L ha⁻¹; 1 aplicação com o fungicida mesostêmico e sistêmico composto por 150 g L⁻¹ de trifloxistrobina e 175 g L⁻¹ de protioconazol na dose de 0,4 L p. c. ha⁻¹, em um volume de calda de 150 L ha⁻¹ juntamente com óleo mineral na dose de 1,5 ml L⁻¹; 01 aplicação do acaricida e inseticida de contato composto por 18 g L⁻¹ de abamectina na dose de 250 ml p.c. ha⁻¹, em um volume de calda de 100 L.

2.5 Cultivo da geração F2

2.5.1 Delineamento experimental

Foi realizado o experimento em campo com delineamento em blocos casualizados (DBC), constituído por 15 tratamentos, dos quais 10 foram as combinações em geração F2 (UFUS7910 × UFUS 8301; UFUS7910 × BRS7481; UFUS7910 × BRS7980; UFUS 7910 × BRS7380RR;

BRS7481 X BRS7980; BRS7481 X BRS7380RR; BRS7481 X UFUS8301; BRS7980 X UFUS 8301; BRS7980 X BRS7380RR; BRS7380RR X UFUS8301), enquanto 5 foram os genitores (UFUS7910; UFU8301; BRS7481; BRS7980 e BRS7380RR). Para cada tratamento foram utilizadas 5 repetições, totalizando 75 parcelas. A unidade experimental foi composta por uma linha de 2 metros contendo 32 plantas de soja de cada tratamento.

2.5.2 Análise e preparo do solo para implantação do experimento

Foi realizada a coleta de solo, classificado como Latossolo Vermelho pelo Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (Santos et al., 2018), na Fazenda Experimental Capim Branco. Antes da utilização do solo na instalação do experimento, foram coletadas 10 amostras simples, com posterior confecção da amostra composta (200 g) para a realização da análise química e textural do solo em laboratório credenciado. Os resultados para a análise química do solo demonstraram a necessidade da aplicação de corretivos para elevação do índice de saturação por bases e correção da acidez. O solo utilizado se enquadrou à classe textural “franco argiloso arenosa”, apresentando textura média (15 a 35% de argila) (Tabela 5).

Tabela 5 – Caracterização química e textural do solo de barranco antes da instalação do experimento.

Análise Química do Solo													
	pH H ₂ O	Al ¹	H+Al ²	Ca ¹	Mg ¹	SB	T	t	K ³	P ³	V	MO ⁴	CO ⁴
	cmol _c dm ⁻³							mg dm ⁻³		%	g kg ⁻¹		
Média	5.7	0.0	3.52	3.2	23.2	4.26	5.58	4.26	6.2	0.02	65	2.1	1.2
Análise textural													
	Areia Grossa		Areia Fina			Silte		Argila					
	dag kg ⁻¹												
Média	0		27			17		56					

Fonte: o autor, adaptado de análise de solo.

¹Ca, Mg e Al extraídas com KCl 1 mol L⁻¹ (SILVA, 2009); ²H+Al extraído com acetato de cálcio 0,5 mol L⁻¹ (SILVA, 2009); ³K e P extraídos pelo Método Mehlich 1 (SILVA, 2009); ⁴MO e CO determinados pelo método Walkley e Black (Defelipo; Ribeiro, 1981); ⁵Análise textural pelo Método da Pipeta (EMBRAPA, 1997). Abreviaturas: pH: potencial de hidrogênio; Al: alumínio; H+Al: acidez potencial; Ca: cálcio; Mg: magnésio; SB: soma de bases; T: CTC potencial; t: CTC efetiva; K: potássio; P: fósforo; MO: matéria orgânica; CO: carbono orgânico; V: saturação de bases.

2.5.3 Tratamento das sementes

As sementes de soja das combinações e seus respectivos controles, sendo os parentais, foram tratadas um dia antes da semeadura. O tratamento foi realizado em copo descartável utilizando calda contendo inseticida sistêmico composto por 600 g L⁻¹ Imidacloprido na dose de 200 mL/100 kg sementes⁻¹, fungicida sistêmico composto por 10 g L⁻¹ Iponazol e 350 g L⁻¹ Tiram na dose de 200

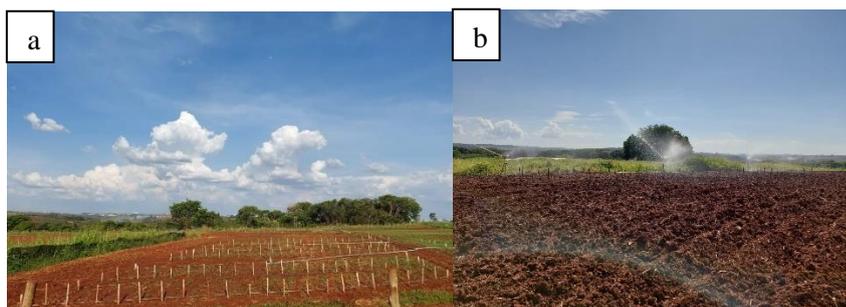
mL/100 kg sementes⁻¹ e um enraizador composto por 2% (24,2 g L⁻¹) de Molibdênio e 4,0% (48,4 g L⁻¹) de Zinco na dose de 200 mL/100 kg sementes⁻¹.

2.5.4 Preparo da área para instalação do experimento

Dois dias antes da semeadura, o solo da área experimental foi preparado pelo sistema convencional, em que as operações realizadas foram uma subsolagem do solo, uma aração, duas gradagens e uma nivelção e, por fim, foi feita a abertura das linhas com semeadora, com posterior balizamento da área experimental (Figura 5 a) e a primeira irrigação foi realizada (Figura 5 b).

A semeadura ocorreu no dia 12/10/2023 a uma profundidade de aproximadamente 2,0 cm. A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com 5,0 cm de profundidade utilizando 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 08-28-16.

Figura 5 - Área preparada para instalação do experimento (a) e experimento já instalado sendo irrigado (b).



Fonte: o autor.

Após a semeadura foi realizada para controle de plantas daninhas por capina manual entre os dias 4 e 8 de dezembro de 2023. Em relação ao controle fitossanitário, foi realizado em 12 de dezembro de 2023, aplicando Bixafem + Protiocanazol + Trifloxistrobina 0,45 L ha⁻¹, Lâmbida sialotrina + Tiametoxan 0,45 L ha⁻¹, óleo mineral 0,4 L ha⁻¹ com uma vazão de 200 L ha⁻¹. Em 15 de janeiro de 2024 foi feita a aplicação de Fox Xpro 0,45 L ha⁻¹, Platium 0,45 L ha⁻¹, Iharol L ha⁻¹, com uma vazão de 200 L ha⁻¹.

Utilizou-se a irrigação com aspersor apresentando uma lâmina de água de 20 mm durante uma hora e meia com a finalidade de complementação hídrica nos períodos em que não ocorria precipitação na época do plantio.

2.5.5 Complementação nutricional

No estágio fenológico V4 foi realizada a aplicação via foliar de um fertilizante comercial

composto conforme a (Tabela 6).

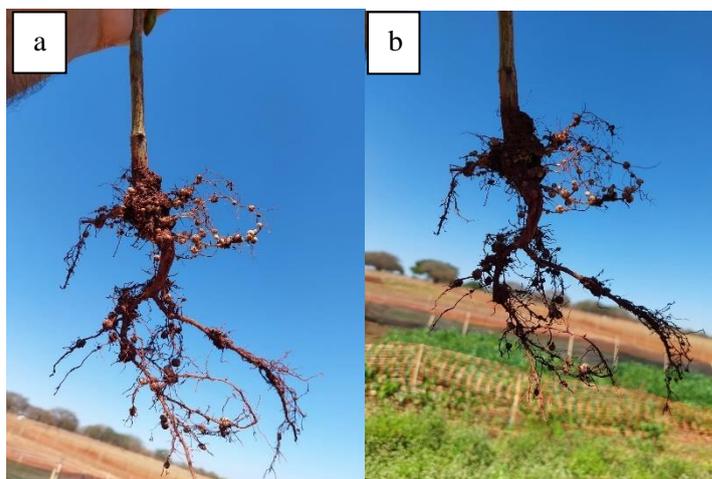
Tabela 6 - Percentual de produtos contidos na formulação do fertilizante foliar.

Nutriente	Quantidade
Nitrogênio	4%
Carbono orgânico total e aminoácidos livres	6%
Cobalto	1%
Molibdênio	5%
Agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos	7%

Para esta operação foi utilizado um pulverizador manual 20 L de calda, com pressão constante de 2 BAR e uma vazão de 0,35 L minuto⁻¹.

Com o intuito de se averiguar a fixação biológica de nitrogênio causadas por *Bradyrhizobium* presentes na área, conforme mostram as figuras 6 (a, b), foram coletadas após 40 dias de semeadura plantas de soja que haviam sido semeadas na mesma época da instalação do experimento para que se houvesse um parâmetro de possível necessidade de aplicação de nutrientes para complementação de nitrogênio no experimento.

Figura 6 – Plantas extraídas da área para averiguação de nódulos de *Bradyrhizobium*.



Fonte: o autor.

2.6 Avaliações

Foram avaliados no experimento os caracteres agronômicos e componentes de produção no estágio fenológico R₈ (95% das vagens na cor do genótipo) seguindo a classificação de Fehr e Caviness (1977). Para todos os caracteres, com exceção da produção de grãos por parcela, foram

amostradas as 3 plantas fenotipicamente superiores, seguindo os atributos agronômicos prescritos por Bezerra et al. (2017), visando o desenvolvimento de cultivares, tais como precocidade, altura de planta próxima a faixa de 60,0 a 70,0 cm, planta ereta, altura de inserção da primeira vagem variando próxima a 10,0 a 15,0 cm, resistência à deiscência de vagens e quantidade de vagens. Os caracteres obtidos foram:

- Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma trena metálica no estágio fenológico R8 expresso em cm;
- Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): foi mensurada a distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal no estágio fenológico R8, expresso em cm;
- Número de nós totais na maturidade (NNTM): contagem manual do número total de nós na haste principal no estágio fenológico R8, expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós ramificados na maturidade (NNRAM): número total de nós com ramificações da haste principal do estágio fenológico R8, expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós produtivos na maturidade (NNPROD): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens no estágio fenológico R8, expresso em nós planta⁻¹;
- Número de vagens com 0 grão (NV0G): número total de vagens com zero grãos, na planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 1 grão (NV1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 2 grãos (NV2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 3 grãos (NV3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 4 grão (NV4G): número total de vagens com quatro grãos, na planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens totais (NVT): foram contadas todas as vagens produzidas pela planta, posterior a colheita, expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de sementes por vagem (NGV): contagem do número de grãos por vagem, posterior a colheita, expresso em sementes planta⁻¹;
- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio fenológico R8, expresso em dias;
- Número de grãos por planta (NGP): contagem do número de grãos por planta, posterior a

- colheita, expresso em sementes planta⁻¹;
- Produção de 100 grãos (P100G): peso de 100 grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas;
 - Produção de grãos por planta (PGP): peso de grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas;
 - Produção de grãos por parcela (PROD): peso total de grãos de soja produzidos por parcela, expresso em gramas;
 - Número de dias para florescimento (NDF): período compreendido entre a emergência até a data de florescimento no estágio fenológico R₁, expresso em dias.

2.7 Colheita e armazenamento

Colheu-se as plantas de soja 7 dias após atingirem o estágio fenológico R8 (95% das vagens maduras/secas) (Fehr; Caviness, 1977). As plantas foram acondicionadas em local livre de umidade e posteriormente avaliadas, as vagens foram guardadas em sacos de papel Kraft e acondicionadas em câmara fria para conservação das sementes para serem realizadas as avaliações posteriores.

2.8 Análise estatística dos dados

Para avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres, realizaram-se análises de variância (ANOVA) seguindo o modelo estatístico descrito pela Equação 1, levando em consideração o delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios, conforme o modelo abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij} \text{ (Eq. 1)}$$

Onde:

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

μ: média geral do caractere;

G_i: efeito do genótipo considerado aleatório i;

B_j: efeito do bloco considerado aleatório j;

ε_{ij}: efeito do erro considerado aleatório.

As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Em seguida foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos.

O parâmetro de herdabilidade no sentido amplo foi estimado utilizando as Equações 2 e 3:

$$h^2_a = \frac{\sigma^2_g}{\frac{QMT}{r}} \quad (\text{Eq.2})$$

$$\sigma^2_g = \frac{QMT - QMR}{r} \quad (\text{Eq.3})$$

Onde:

h^2 : Herdabilidade no sentido amplo;

σ^2 : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA; QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Para análise dialélica balanceada foi utilizado o método 2 proposto por Griffing (1956), no qual são incluídos apenas os genitores e as combinações F_2 sem os seus recíprocos. O efeito de populações F_2 , foi decomposto em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) de acordo com o modelo estatístico descrito na Equação 4:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij} \quad (\text{Eq. 4})$$

Onde:

Y_{ij} : valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do progenitor ($i = j$);

m: média geral;

g_i, g_j : efeitos da capacidade geral de combinação do i-ésimo e do j-ésimo progenitor, respectivamente;

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

ε_{ij} : erro experimental médio.

Considerando as seguintes restrições:

$$\sum g_i = 0 \text{ e } \sum s_{ij} + s_{ji} = 0 \text{ (para cada i)}$$

Neste modelo, considera-se que $s_{ij} = s_{ji}$.

Para modelos fixos, os componentes quadráticos que expressam a variabilidade genética, em termos de capacidade geral (Eq. 5) e específica de combinação (Eq. 6) são estimados por meio das seguintes expressões:

$$\phi_g = \frac{QMG - QMR}{p + 2} \quad (\text{Eq. 5})$$

$$\phi_s = QMS - QMR \quad (\text{Eq. 6})$$

Os dados de produção de grãos por planta (PGP) foram transformados em \sqrt{x} para análise estatística. A ANOVA e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott foram executados por

meio do software estatístico R versão 3.6.2 (R Core Team, 2019), com scripts desenvolvidos para o pacote de dados ExpDes.pt versão 1.2 (Ferreira; Cavalcanti; Nogueira, 2010). As análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (Cruz, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de variância e herdabilidade

Foram verificadas diferenças significativas pelo teste F de Snedecor entre os genótipos estudados ao nível de 5%, 1% e 0,1% de probabilidade para todos os caracteres, com exceção da APM e NNPROD. Estes resultados demonstram que para a maioria dos caracteres houve variabilidade genética entre os genótipos (Tabela 7).

Tabela 7 – Quadrado médio do genótipo (QMG), da capacidade geral de combinação (CGC) e da capacidade específica de combinação (CEC), razão entre capacidade geral de combinação e capacidade específica de combinação CGC/CEC , coeficiente de variação (CV) e herdabilidade no sentido amplo (h^2) uma análise dialélica envolvendo cinco genitores e combinações segregantes F2 conduzida em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24.

Caráter	QMG	CGC	CEC	CGC/CEC	CV (%)	h^2 (%)
NDF	678,9***	1391,2*	394,0***	3,5	11,8	88,2
NDM	855,6***	517,6*	190,8**	13,1	5,8	90,7
APM	261,7**	123,9 ^{ns}	316,8**	0,3	13,2	91,6
AIPV	18,1**	39,1*	9,8 ^{ns}	3,9	27,2	87,1
NNTM	28,9***	81,2**	8,0 ^{ns}	10,0	11,6	90,4
NNRAM	20,2***	53,7**	6,8*	7,8	29,5	91,4
NNPROD	32,2***	87,7**	10,1 ^{ns}	8,6	14,6	90,9
NV0G	418,1***	120,6***	104,3*	11,5	4 53,7	89,2
NV1G	413,4***	780,2 ^{ns}	266,6*	2,9	3 44,7	86,2
NV2G	2180,1***	4484,3*	1258,4*	3,5	1 42,1	86,8
NV3G	2249,1***	6165,1**	682,8 ^{ns}	9,0	2 44,6	86,2
NV4G	1,1**	2,3*	0,6*	3,9	5 89,1	88,5
NTV	15743,6***	39093,5**	6403,6*	6,1	39,7	88,2
NGV	0,0***	0,2**	0,02 ^{ns}	11,5	7,2	88,8
NGP	62848,4***	15607,6**	24448,8*	6,3	41,3	87,2
P100G	23,4***	69,2***	5,1 ^{ns}	13,5	12,2	84,9
PGP	611,2***	1213,5 ^{ns}	370,3 ^{ns}	3,2	40,9	87,1
PROD	25337,7*	60361,0*	11328,4 ^{ns}	5,3	37,1	86,9

***Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. **Significativo ao nível de 1% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. *Significativo ao nível de 5% de probabilidade para o teste de F de Snedecor. ^{ns}: Não significativo. Abreviaturas: NDF: Número de dias para florescimento, NDM: Número de dias para maturação, APM: Altura de planta na maturação, AIPV :Altura de inserção da primeira vagem, NNTM, NNRAM, NNPROD: Número de nós totais na maturação, nós ramificados e nós produtivos respectivamente, NV0G, NV1G, NV2G, NV3G, NV4G: Número de vagens com 0, 1, 2, 3 e 4 grãos, NVT: Número de vagens totais, NGV: Número de grãos por vagens, NGP: Número de grãos por planta, P100G; Peso de 100 grãos, PGP: Peso de grãos por planta, PROD: Produtividade.

Analisando a CGC (capacidade geral de combinação) foi possível identificar que houve

efeitos significativos para todos os caracteres avaliados, exceto para APM, NV1G e PGP (Tabela 7). Este parâmetro demonstra como é o comportamento dos genitores, pois este faz com que seja possível identificar os efeitos aditivos, mostrando então que pelo menos um dos genitores possuem diferentes concentrações de alelos favoráveis para transmitir as características avaliadas para os seus descendentes (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Gerhardt et al., 2019).

Avaliando-se a CEC (capacidade específica de combinação) foi possível averiguar que houve significância nos seguintes caracteres: APM, NNRAM, NV0G, NV1G, NV2G, NV4G, NVT, NDM, PGP e NDF (Tabela 6). Este indicativo atua como um critério em que o comportamento do genótipo se desvia das expectativas baseadas na CGC, estando ligada aos efeitos não aditivos (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Gerhardt et al., 2019; Oliveira et al., 2014).

Quando se faz presente os efeitos significativos para CGC e CEC, isso mostra que há o controle dos caracteres por componentes genéticos aditivos e não aditivos, o que auxilia na escolha de melhores genitores e combinações híbridas para o desenvolvimento de genótipos superiores. O caractere que apresenta alta relação CGC/CEC resulta em maiores ganhos de seleção na geração seguinte (Bi et al., 2015; Rocha et al., 2019).

Observou-se razão CGC/CEC entre 0,3 e 13,5, isto indica predominância de efeitos aditivos no controle dos caracteres e alta herdabilidade. Tal resultado também foi observado por Daronch et al. (2014), Bi et al. (2015) e Teodoro et al. (2019), onde constataram caracteres agronômicos em genitores e populações segregantes propícias através da capacidade combinatória de cultivares de soja. Os efeitos genéticos aditivos foram mais importantes na determinação de caracteres em relação aos efeitos não aditivos, principalmente para características quantitativas, o que também permite seleção bem-sucedida em gerações iniciais (Daronch et al., 2014; Rocha et al., 2019).

Os coeficientes de variação para os caracteres divergiram de 5,8 a 89,1% para NDM e NV4G, respectivamente (Tabela 7). Em geral, é esperado em ensaios agropecuários coeficientes de variação variando entre 20,0 e 30,0% (Ferreira, 2018). Os caracteres NV2G (42,1%), NV3G (44,6%), NV1G (44,7%), NV0G (53,7%) e NV4G (89,1%) (Tabela 6) apresentaram os maiores percentuais de coeficientes de variação, porém, vale ressaltar que nem sempre coeficientes altos denotam baixa qualidade ambiental, pois dependem do tipo de ensaio e fatores de estudo (Ferreira, 2018).

Foi verificado a estimativa de herdabilidade no sentido amplo (h^2) acima de 84,9 para todos os caracteres avaliados (Tabela 7), indicando que o fenótipo foi determinado pelo genótipo, o que torna a estimativa dos valores genéticos pelo fenótipo confiáveis e garante uma maior probabilidade de sucesso na seleção de genótipos com superioridades fenotípica em gerações iniciais (Cruz;

Regazzi; Carneiro, 2012). Ainda assim, esses altos valores de h^2 são esperados por serem as gerações iniciais de endogamia (Dudley; Moll, 1969).

3.2 Capacidade geral e específica de combinação de genitores

Grande parte dos programas de melhoramento de soja tem como intuito desenvolver cultivares mais precoces e mais produtivas (Bezerra et al., 2017). Assim, se faz necessário escolher genitores que combinados gerem indivíduos híbridos superiores com características desejáveis (Rocha et al., 2019). Quando as estimativas de g_i são altas, sejam positivas ou negativas, o genitor em questão é muito melhor ou pior do que os outros genitores do dialelo em termos de comportamento médio do cruzamento (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012).

Analisando o ciclo, a cultivar BRS7380RR apresentou valor mais favorável de CGC para redução de NDF e NDM enquanto a cultivar UFUS8301 apresentou valor desfavorável para redução de NDF e UFUS7910 para redução de NDM. Além da APM, os caracteres que estão envolvidos com os componentes da produção, como: NV1G, NV2G, NV3G, NV4G NTV, PGP e NGP, obtiveram aumento favorável por UFUS8301 e desfavorável pela cultivar BRS7980. Dentre os caracteres citados, de acordo com (Almeida; Peluzio; Afferri, 2010; noqueira et al. (2012), o número total de vagens representa grande importância, pois este está ligado diretamente a produtividade de grãos. O aumento do P100G foi favorecido pela cultivar BR7380RR (Tabela 8).

Tabela 8 – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) caracteres agrônômicos e de produção em cinco genitores de soja conduzidos em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24 pelo método 2 de Griffing (1956).

Caractere	Progenitores				
	UFUS8301	UFUS7910	BRS7481	BRS7980	BRS7380RR
NDF	6,54	4,24	-6,26	2,67	-7,19
NDM	7,81	10,10	-4,67	-3,85	-9,39
APM	3,21	-0,67	0,05	-1,32	-1,27
AIPV	0,10	0,55	-1,42	-0,57	1,34
NNTM	1,18	0,80	0,83	-2,54	-0,27
NNRAM	1,17	1,19	-0,01	-0,63	-1,71
NNPROD	1,19	0,75	1,22	-2,44	-0,72
NV0G	3,74	4,69	4,37	-6,09	-6,71
NV1G	4,62	1,34	3,92	-5,81	-4,08
NV2G	13,58	10,54	-4,23	-10,61	-9,27
NV3G	16,92	11,47	-6,17	-11,89	-10,33
NV4G	0,40	-0,02	-0,03	-0,33	-0,02
NTV	39,28	28,03	-2,13	-34,75	-30,42
NGV	0,03	0,00	-0,14	0,03	0,07
NGP	84,18	56,77	-23,18	-64,05	-53,72
P100G	-1,15	-1,57	0,35	0,43	1,94
PGP	7,62	4,32	-1,39	-6,73	-3,82
PROD	42,43	47,35	-20,14	-38,21	-31,44

Abreviaturas: NDF: Número de dias para florescimento, NDM: Número de dias para maturação, APM: Altura de planta

na maturação, AIPV: Altura de inserção da primeira vagem, NNTM, NNRAM, NNPROD: Número de nós totais na maturação, nós ramificados e nós produtivos respectivamente, NV0G, NV1G, NV2G, NV3G, NV4G: Número de vagens com 0, 1, 2, 3 e 4 grãos, NVT: Número de vagens totais, NGV: Número de grãos por vagens, NGP: Número de grãos por planta, P100G: Peso de 100 grãos, PGP: Peso de grãos por planta, PROD: Produtividade.

Analisando os demais caracteres, dentre os que envolvem os nós, observou-se que o genitor UFUS8301 apresentou maiores números favoráveis para NNTM e NNPROD e o genitor UFUS7910 apresentou números mais propícios para NNRAM, o que indica que ele proporciona o maior número de engalhamento em suas progênes, a mesma cultivar também foi a mais propícia para PROD. Outro fato analisado foi AIPV, sendo que o genitor BRS7380RR contribuiu positivamente para este caractere. Vale ressaltar que este é um dos exigidos no mercado, pois está diretamente ligado a perda de grãos na colheita quando se tem altura de inserção de primeira vagem acima de 10 cm, ainda assim, este mesmo genitor é o que mais contribuiu para o aumento de NGV (Tabela 8).

O genitor BRS7380RR apresentou os valores mais favoráveis para potencial genético com relação a redução de ciclo em combinação com os demais genitores. Outro fator observado foi a alta probabilidade de repassar estas características para seus descendentes, tendo em vista que os caracteres de NDF e NDM apresentaram predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade (Tabela 6 e 7). O NDF e NDM são determinados principalmente por efeitos aditivos (Rocha et al., 2019) (Tabela 8). Vale ressaltar que a seleção de genótipos com maior precocidade deve ser feita em gerações iniciais, devido a maior predominância do efeito aditivo (Vale et al., 2015).

Enquanto UFUS7910 como genitor em cruzamentos dialélicos pode proporcionar indivíduos com boa ramificação, também foi responsável por obter maior produtividade, visto que estas características apresentaram predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade.

Em relação a CEC obtida, a combinação que melhor proporcionou a precocidade estimados por NDF e NDM foi UFUS8301 X BRS7980, em todas as avaliações de produtividade como APM, NNTM, NNPROD, NNRAM, NV1G, NV2G, NV3G, NVT, NGP e PROD a combinação que proporcionou resultados mais expressivos foi a UFUS7910 X BRS7380RR (tabela 9). De acordo com Cruz et al. (2011), populações segregantes com elevada CEC são resultado de um maior número de loci divergentes e apresentam um desempenho superior aos pais.

Tabela 9 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ij} e s_{ij}) para caracteres agrônômicos e de produção em soja, provenientes de uma análise dialélica envolvendo cinco progenitores e dez combinações segregantes F2, conduzidos em campo em Uberlândia (MG) na safra 2023/24 pelo método 2 de Griffing (1956).

CARACTERE	EFEITOS (s_{ij} e s_{ij})									
	1x2	1x3	1x4	1x5	2x3	2x4	2x5	3x4	3x5	4x5
NDF	-9,50	-1,46	-12,33	-6,66	-5,69	0,76	-4,76	-3,32	4,74	-1,39
NDM	-1,06	5,13	-11,52	-2,58	0,02	0,79	8,53	6,56	-4,59	3,88
APM	-1,40	6,38	4,02	3,70	2,53	-1,82	17,85	-0,28	0,42	-4,22
AIPV	-0,42	-0,10	-0,69	2,25	0,14	0,49	1,77	0,37	-2,57	-1,02
NNTM	0,15	1,56	-0,76	0,09	1,37	-,024	1,62	-0,47	0,86	-0,84
NNRAM	0,08	1,43	-1,09	-1,68	0,06	-0,64	1,96	0,23	0,35	0,72
NNPROD	0,21	1,85	-0,38	-0,96	1,31	-0,53	2,34	-0,41	0,71	-0,12
NV0G	3,88	6,24	-5,12	-2,77	4,58	-2,00	0,60	-4,95	-4,68	2,26
NV1G	-1,43	7,51	-3,40	1,18	7,00	-3,19	15,13	0,82	-4,85	-2,03
NV2G	7,87	9,25	-11,03	-7,10	21,02	-12,79	25,80	9,12	-6,67	1,03
NV3G	5,97	3,48	-16,53	-10,75	8,01	-6,61	16,83	9,84	2,52	2,46
NV4G	0,33	0,53	-0,42	0,26	0,02	-0,06	0,35	-0,13	-0,30	0,13
NVT	16,61	27,03	-36,52	-19,18	40,64	-24,67	58,73	14,70	-14,00	3,85
NGV	-0,00	-0,01	-0,02	-0,02	-0,02	0,03	-0,01	0,11	0,09	0,00
NGP	33,54	38,61	-76-76	-44,21	73,18	-48,88	118,65	48,07	-11,88	34,81
P100G	-0,68	-0,37	1,07	1,05	-0,08	1,68	-0,82	0,34	-0,33	-1,40
PGP	0,37	6,36	-7,44	-3,68	9,12	-2,94	15,68	5,70	-1,43	-152
PROD	-16,21	76,12	-74,00	-14,91	-24,23	-15,00	77,52	16,87	-1,35	9,28

1: UFUS8301; 2: UFUS7910; 3: BRS7481; 4: BRS7980; 5: BRS7380RR Abreviaturas: NDF: Número de dias para florescimento, NDM: Número de dias para maturação, APM: Altura de planta na maturação, AIPV :Altura de inserção da primeira vagem, NNTM, NNRAM, NNPROD: Número de nós totais na maturação, nós ramificados e nós produtivos respectivamente, NV0G, NV1G, NV2G, NV3G, NV4G: Número de vagens com 0, 1, 2, 3 e 4 grãos, NVT: Número de vagens totais, NGV: Número de grãos por vagens, NGP: Número de grãos por planta, P100G: Peso de 100 grãos, PGP: Peso de grãos por planta, PROD: Produtividade.

A AIPV foi propiciada com a combinação UFUS8301 X BRS7380RR, por fim o maior P100G foi obtido através da combinação UFUS7910 X BRS7980 (tabela 9).

Dentre todas as combinações avaliadas por CEC, as que se destacaram em aspectos de produtividade foram as oriundas dos cruzamentos UFUS7910 X BRS7380RR, porém estas foram as mais tardias em relação ao ciclo.

3.3 Agrupamento de médias fenotípicas

Formaram-se cinco grupos dentro do NDF, sendo que dentre destes o que apresentou melhor desempenho foi composto por 8 progênies F₂ (33,1 a 37,6 dias), o grupo com pior desempenho de NDF foi composto por apenas uma progênie e apresentou 71,6 dias. Avaliando-se o NDM, foi observado a formação de quatro grupos, o grupo que apresentou melhor resultado foi composto por 3 progênies F₂ (108,9 a 117,4), e o grupo com o pior resultado de NDM foi composto por um grupo de 3 progênies F₂ (146,4 a 1510 dias) (Tabela 10).

Tabela 10 - Ciclo e caracteres agrônômicos para cinco progenitores e dez combinações segregantes F₂ conduzidos em campo na safra 2023/24 em Uberlândia-MG.

Combinação	Caractere						
	NDF	NDM	AIPV	APM	NNT	NNRAM	NNPROD
	dias		cm por planta ¹			nós por planta	
1x1	71,6e	151,0d	8,5b	76,8b	19,6a	8,7a	17,6a
1x2	44,8b	147,2d	9,1b	77,8b	19,8a	8,2a	17,7a
1x3	42,3b	138,6c	7,4b	86,4a	21,3a	8,4a	19,8a
1x4	40,4b	122,8b	7,6b	82,6a	15,5b	5,2b	13,9b
1x5	36,2a	126,2b	12,5a	82,4a	18,5a	3,6b	15,0b
2x2	61,6d	146,4d	8,9b	66,8b	17,8a	7,4a	15,4b
2x3	35,8a	135,4c	8,1b	78,6b	20,7a	7,0a	18,8a
2x4	51,2c	137,4c	9,3b	72,9b	15,7b	5,7b	13,3b
2x5	35,8a	139,6c	12,5a	92,6a	19,8a	7,2a	17,9a
3x3	33,8a	117,4a	7,1b	72,3b	17,7a	4,7b	16,2a
3x4	36,6a	128,4c	7,2b	72,9b	15,5b	5,4b	13,9b
3x5	34,8a	111,7a	6,2b	72,3b	19,1a	4,4b	16,7a
4x4	57,0d	122,8c	8,1b	75,2b	13,7b	4,9b	11,4b
4x5	37,6a	121,0b	8,6b	69,9b	14,2b	4,1b	12,2b
5x5	33,1a	108,9a	11,3a	65,3b	16,3b	1,7c	13,1b
Médias	43,5	130,3	8,8	76,3	17,5	5,7	15,5

Médias seguidas de letras iguais nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade, 1: UFUS8301; 2: UFUS7910; 3: BRS7481; 4: BRS7980; 5: BRS7380RR. Abreviaturas: NDF: Número de dias para florescimento, NDM: Número de dias para maturação, AIPV: Altura de inserção da primeira vagem, APM: Altura de planta na maturação, NNF, NNT, NRAM, NPROD: número de nós no florescimento, totais, ramificados, e produtivos, respectivamente.

Avaliando o NDF observa-se que o menor ciclo vegetativo foi obtido pelo genitor BRS7380RR e pela combinação entre BRS7481 X BRS7380RR. Já quando se avalia o NDM, o menor ciclo total foi obtido pela cultivar BRS7380RR e combinação BRS7481 X BRS7380RR. O maior NDF e NDM foi obtido apenas pelo genitor UFUS8301 (Tabela 10). É

possível observar que estes resultados corroboram pelos apresentados nas tabelas 7 e 8 onde se encontram CGC e CEC, onde tais hibridações já apresentavam valores propícios a estes através da análise de CGC e CEC.

A obtenção de genótipos mais precoces é um dos principais objetivos dentro dos programas de melhoramento diante da demanda cada vez maior do mercado (Daronch et al., 2019). Além disso, a constante busca para se equilibrar o florescimento e maturidade precoces com alta produção tem sido constantes, visto que estes caracteres são antagonistas (Almeida; Peluzio; Afferi, 2010). Dentre as diversas classificações que existem nas cultivares de soja, estão as classificações quanto ao ciclo, que são: precoce (111 dias), semiprecoce (112 a 124 dias) e tardia (acima de 125 dias) (Almeida et al., 2013). As combinações geradas se classificaram desde precoces até tardias para as condições normais de cultivo para a cultura.

Foram formados dois grupos que representam AIPV, dentro destes grupos os que apresentaram melhores resultados foram compostos por 3 progênies F₂ oscilando entre 11,3 e 12,5 cm de altura, enquanto o segundo grupo composto por 12 progênies F₂ apresentava resultados desde 6,2 até 9,3 cm de altura (Tabela 10).

Segundo Bezerra et al. (2017) o AIPV das cultivares de soja devem variar entre 10,0 e 15,0 cm planta⁻¹, de modo a se obter máxima eficiência na colheita. Assim, apenas os genótipos oriundos dos cruzamentos UFUS8301 x BRS7380RR, UFUS7910 x BRS7380RR e o genitor UFUS7380RR se enquadraram a esse intervalo.

Recomenda-se que cultivares comerciais de soja apresentem altura de 50,0 a 60,0 cm para solos com topografia plana e 70,0 a 80,0 cm para topografias acidentadas, plantas com alturas superiores a 90,0 cm favorecem o acamamento (Bezerra et al., 2017). A APM dos genótipos variou entre 65,3 (BRS7380RR) a 92,6 cm planta⁻¹ (UFUS 7910 × BRS7380RR), ou seja, com exceção das progênies UFUS8301 X BRS7481, UFUS8301 X BRS7980, UFUS8301 X BRS7380RR e UFUS7910 X BRS7380RR todos os genótipos se adequaram no exigido (Tabela 10).

Formaram-se dois grupos representando o NNT, onde um grupo formado por 9 progênies F₂ apresentavam NNT variando entre 17,7 e 21,3 e o segundo grupo composto por 6 progênies F₂ apresentavam NNT variando entre 14,2 e 15,7, onde o maior NNT foi obtido através das progênies UFUS8301 X BRS7481 e o menor NNT foi obtido através das progênies entre BRS7980 X BRS7481 (Tabela 10).

Em relação ao caractere de NNRAM houveram três grupos distintos, onde um grupo composto por 6 progênies F₂ apresentaram NNRAM entre 8,7 e 7,0, o segundo grupo formado por 8 progênies F₂ apresentaram NNRAM entre 3,6 e 5,7 e um terceiro grupo

formado apenas pelo genitor BRS7380RR apresentando 1,7 NNRAM, foi possível observar que o maior NNRAM foi oriundo do genitor UFUS8301 e o menor NNRAM foi oriundo do genitor BRS7380RR. Avaliando-se o NNPROD houveram dois grupos, onde um grupo composto por 7 progênies F₂ apresentou NNPROD entre 16,2 e 19,8 e um segundo grupo composto por 8 progênies F₂ com NNPROD entre 11,4 e 15,4, o menor NNPROD foi encontrado no genitor BRS7980 e o maior NNPROD foi encontrado na progênie UFUS8301 X BRS7481 (Tabela 10). Recomenda-se que as cultivares de soja apresentem entre 17 e 18 nós na haste principal de modo a proporcionar bons rendimentos (Sedyama; Silva; Borém, 2015), portanto apenas o genitor UFUS8301 e a progênie UFUS8301 x UFUS 7910 atenderam a este critério.

Ainda analisando os caracteres de produtividade, formaram-se dois grupos para o NV1G, sendo que o que apresentou melhor desempenho foi composto por 7 progênies F₂ (24,8 a 39,2 vagens planta⁻¹), e o grupo com pior desempenho composto por 8 progênies F₂ (10,2 a 18,5 vagens planta⁻¹). Verificou-se a formação de dois agrupamentos para o NV2G, em que o melhor grupo constituído por 5 progênies F₂ apresentaram 26,9 a 49,2 vagens planta⁻¹, e o agrupamento com resultado inferior foi composto por 10 progênies F₂ apresentando 12,9 a 29,0 vagens planta⁻¹. Para o NV3G houve a formação de três agrupamentos, sendo que o que apresentou ótimo desempenho foi composto por 2 progênies F₂ (78,6 a 87 vagens planta⁻¹, respectivamente), o segundo melhor grupo com bom desempenho composto por 4 progênies F₂ apresentaram 55 a 62,2 vagens planta⁻¹ e o agrupamento com pior resultado foi composto por 9 progênies F₂ apresentando 18 a 40 planta⁻¹ (Tabela 11).

Tabela 11 - Componentes de produção de cinco progenitores e dez combinações segregantes F₂ conduzidos em campo na safra 2023/24 em Uberlândia-MG.

Combinação	Caractere									
	NV1G	NV2G	NV3G	NV4G	NVT	NGV	NGP	P100G	PGP	PROD
	vagens por planta					grãos/ planta		gr	gr	gr m ²
1x1	30,3a	79,7a	87,0a	1,01a	217,4a	2,0a	455,2a	11,0c	51,2a	386,2a
1x2	27,6a	84,0a	78,6a	1,33a	216,8a	2,0a	436,9a	10,4c	46,0a	360,4a
1x3	39,2a	70,6a	58,4b	1,52a	197,0a	1,8b	362,0a	12,6c	46,3a	385,3a
1x4	18,5b	44,0b	32,7c	0,26b	100,8b	2,0a	205,7b	14,8b	27,2b	217,1b
1x5	24,8a	49,2b	40,0c	1,26a	122,5b	2,0a	248,6b	15,7b	33,8b	282,9b
2x2	17,0b	52,1b	55,0b	0,26b	143,2b	1,9a	287,7b	10,6c	31,2b	370,5a
2x3	35,4a	79,3a	57,5b	0,60b	199,3a	1,8b	369,2a	12,5c	45,8a	289,8b
2x4	15,4b	39,1b	37,1c	0,20b	101,4b	2,0a	206,2b	14,4c	28,4b	281,0b
2x5	35,5a	79,1a	62,2b	0,93a	189,2a	2,0a	384,1a	13,4b	49,9a	380,3a
3x3	25,7a	27,2b	19,9c	0,51b	94,3b	1,6c	142,0b	14,7b	21,0b	212,8b
3x4	22,0b	46,3b	36,0c	0,13b	110,6b	2,0a	223,2b	14,9b	31,3b	245,3b
3x5	18,1b	31,8b	30,2c	0,26b	86,2b	2,0a	173,6b	15,8b	27,0b	233,9b
4x4	15,4b	37,6b	25,8c	0,20b	84,6b	2,0a	169,1b	13,8b	23,3b	241,8b
4x5	11,2b	33,2b	24,4c	0,39b	71,5b	2,0a	152,6b	14,8b	21,6b	226,5b
5x5	10,2b	26,9b	18,0c	0,36b	57,3b	2,0a	119,7b	18,5a	21,5b	188,7b
Médias	23,1	52,0	44,2	0,6	132,8	1,9	262,4	13,9	33,7	188,7

Médias seguidas de letras iguais nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade, 1: UFUS8301; 2: UFUS7910; 3: BRS7481; 4: BRS7980; 5: BRS7380RR. Abreviaturas: NV1G, NV2G, NV3G, NV4G: Número de vagens com 1, 2, 3 e 4 grãos, NVT: Número de vagens totais, NGV: Número de grãos por vagens, NGP: Número de grãos por planta, P100G; Peso de 100 grãos, PGP: Peso de grãos por planta, PROD: Produtividade.

Em relação aos componentes de produção, os genitores UFUS8301 e BRS7481, os cruzamentos entre UFUS8301 X UFUS7910, UFUS8301 X BRS7481, UFUS8301 X BRS7380RR e UFUS7910 X BRS7481 apresentaram os maiores valores para NV1G (Tabela 11). Avaliando-se NV2G, os maiores valores obtidos foram com o genitor UFUS8301 e as combinações entre UFUS8301X UFUS7910, UFUS8301 X BRS7481, UFUS7910 X BRS7481 e UFUS7910 X BRS7380RR (Tabela 11). Avaliando-se ainda o NV3G, os maiores valores obtidos foram com o genitor UFUS8301 e a combinação entre UFUS8301X UFUS7910, suscetivelmente (Tabela 11).

Foram formados dois agrupamentos para o NVT, sendo que o agrupamento que obteve melhor desempenho (197 a 217,4 NVT planta⁻¹) foi formado pelo genitor UFUS 8301 e 4 progênies F₂ UFUS8301 X UFUS 7910, UFUS8301 X BRS7481, UFUS7910 X BRS7481 e UFUS7910 X BRS7380RR, o agrupamento inferior apresentou 57,3 a 143,2 NVT planta⁻¹, composto por 10 indivíduos, sendo 4 genitores e 6 progênies F² (Tabela 11).

Segundo Matsuo, Ferreira, Sedyama (2015), as cultivares de soja nacionais apresentam o número total de no máximo 80 vagens por planta, apenas uma combinação sendo BRS7980 X BRS7380RR e o genitor BRS7380RR apresentaram valores inferiores a este.

Em relação ao NGP houve dois grupos, sendo que o melhor grupo composto por 1

genitor e 4 progênies apresentaram resultados entre 362 e 455,2 NGP, o grupo inferior composto por 4 genitores e 6 progênies apresentaram resultados entre 119,7 e 287,7 NGP.

Segundo Yokomiso et al. (2000), a média de peso de 100 grãos vai de 10 gramas em sementes pequenas e pode chegar até 20 gramas em sementes grandes, no presente estudo o P100G foi dividido em três grupos, sendo que o melhor grupo possuindo peso de 18,5 P100G foi estabelecido pelo genótipo BRS7380RR, o segundo grupo obtendo pesos entre 13,4 e 14,8 P100G foi constituído por 2 genitores e 6 progênies F₂ e o terceiro grupo sendo o que apresentou menores resultados, apresentou peso entre 10,4 e 14,4 P100G, constituído por 2 genitores e 4 progênies F₂. Levando em consideração o peso mínimo estabelecido para P100G todas as progênies e genitores avaliados neste presente estudo atenderam a média de P100G.

Em relação ao PGP foram subdivididos em dois grupos, sendo que o grupo que apresentou melhores resultados era composto por 1 genitor e 4 progênies F₂ contendo PGP entre 45,8 e 51,2 e o grupo que apresentou piores resultados composto por 4 genitores e 6 progênies F₂ conteve PGP entre 21,0 e 33,8.

Avaliando-se PROD foi constatado que houveram dois grupos, sendo que o grupo que obteve os melhores resultados foi constituído por 2 genitores e 3 progênies F₂ e teve PROD entre 360,4 e 385,3 gr/m², já o segundo grupo constituído por 3 genitores e 7 progênies F₂ com piores resultados, obteve PROD entre 188,7 e 289,8 gr/m², isto indica que o grupo formado pelos genitores UFUS8301 e UFUS7910, juntamente com as combinações UFUS8301 X UFUS7910, UFUS8301 X BRS7481 e 7910 X 7380RR apresentaram médias de produtividade acima da média nacional da safra 2023/24 que foi de 3.229 kg/ha⁻¹ de acordo com o CONAB (2024).

4 CONCLUSÕES

Constatou-se que, exceto para PROD, houve predominância do efeito gênico aditivo e alta estimativa de herdabilidade na análise dos genitores UFUS8301, UFUS7910, BRS7481, BRS7980 e BRS7380RR;

Os genitores BRS7380RR e BRS7481 contribuem para obtenção de populações segregantes precoces, em função da aditividade para redução do número de dias para maturidade, enquanto os genitores UFUS 8301 e UFUS7910 contribuem para o potencial produtivo devido efeito aditivo para número de vagens totais, com 1, 2, 3 e 4 grãos;

Através da análise da capacidade específica de combinação, observou-se que a combinação segregante UFUS8301 X BRS7980 mostrou promissora para a obtenção de populações precoces;

A combinação UFUS7910 X BRS7380RR se mostrou promissora com alto potencial produtivo, grãos menores, plantas com maior porte e maior engalhamento.

REFERÊNCIAS

- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/7044>. Acesso em: 23 mai. 2024.
- ALMEIDA, F. A.; BRUCKER, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA NETO, F. A. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, [s.l.], v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013. Disponível em: <https://cepnor.ufra.edu.br/index.php?journal=ajaes&page=article&op=view&path%5B%5D=539>. Acesso em: 20 mai. 2024.
<https://doi.org/10.4322/rca.2013.014>
- AKRAM, S.; HUSSAIN, B. N.; AL BARI, M. A.; BURRITT, D. J.; HOSSAIN, M. A. **Variability and association analysis of soybean** [*Glycine max* (L.) Merrill] for yield and yield attributing traits. *Plant Gene and Trait*, [s.l.], p. 1-11, 2016.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L. S.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical Aspects of the Development of Cultivars. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (eds.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. Cap. 21. p. 395-411.
https://doi.org/10.1007/978-3-319-57433-2_21
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). **Melhoramento da soja**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 8. p. 173-195.
- BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 8. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2021. 384 p
- BHULLAR, G. S.; GILL, K. S.; KHEHRA, A. S. **Combining ability analysis over F1-F5 generations in diallel crosses of bread wheat**. *Theoretical and Applied Genetics*, [s.l.], v. 55, n. 2, p. 77-80, 1979. Disponível em <https://link.springer.com/article/10.1007/BF00285194>. Acesso em: 02 abr. 2024.
<https://doi.org/10.1007/BF00285194>
- COLOMBO, G. A.; CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. **Capacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude**. *Revista de Ciências Agrárias*, [s.l.], v. 61, p. 1-9, 2018. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/view/2696>. Acesso em: 01 abr. 2024.
<https://doi.org/10.22491/rca.2018.2696>
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. 514 p., v. 1.

CRUZ, M. F. A.; SOUZA, G. A.; RODRIGUES, F. A.; SEDIYAMA, C. S.; BARROS, E. G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem asiática. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 46, n. 2, p. 215-218, 2011.

Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/bP8JWmjDymhBdTGLVRyY8fh/?lang=pt>. Acesso em: 23 mai. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2011000200015>

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. **Capacidade combinatória de cultivares de soja em F2, sob condições de cerrado tocantinense**. Bioscience Journal, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/18208>. Acesso em: 01 abr 2024.

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

Disponível em: <https://ojs.unesp.br/index.php/rculturaagronomica/article/view/2446-8355.2019v28n1p1-18>. Acesso em: 15 mai. 2024.

DUDLEY, J. W.; MOLL, R. H. Interpretation and use of estimates of heritability and genetic variances in plant breeding. **Crop Science**, Madison, v. 9, p. 257-262, 1969.

Disponível em:

<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci1969.0011183X000900030001> x.

Acesso em: 17 mai. 2024.

<https://doi.org/10.2135/cropsci1969.0011183X000900030001x>

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA – EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja**: Região Central do Brasil 2014. Londrina, PR: EMBRAPA Soja, 2013. 266 p.

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

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

GILBERTO KEN-ITI YOKOMIZO², JOÃO BATISTA DUARTE³ e NATAL ANTONIO VELLO⁴
CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS ENTRE TAMANHO DE GRÃOS E OUTROS CARÁTERES EM TOPOCRUZAMENTOS DE SOJA TIPO ALIMENTO COM TIPO GRÃO

Pesq. agropec. bras., Brasília, v.35, n.11, p.2235-2241, nov. 2000

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100016>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. **Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja**. Comunicata Scientiae, Bom Jesus, v.7, n.3, p.302-310, 2016.

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

MATSUO, É.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A. (ed.). **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa, MG: Editora UFV, 2015. Cap.

2. p. 27-53

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F. **Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F2 generation.** Agrarian, [s.l.], v. 12, n. 45, p. 286-295, 2019.
R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2019.
<https://doi.org/10.30612/agrarian.v12i45.7413>

ROCHA, M. R.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JÚNIOR, S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. **Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean.** Ciência e Agrotecnologia, Lavras, MG, v. 43, e028018, 2019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/cvym94bwtvZYhzcQh7SDFK/?lang=en>. Acesso em: 30 abr. 2024.
<https://doi.org/10.1590/1413-7054201943028018>

ROCHA, M. R. D.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MACHADO JUNIOR, C. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. **Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean.** Ciência e Agrotecnologia, Lavras, v. 43, 2019.
<https://doi.org/10.1590/1413-7054201943028018>

SANTOS, H. G.; T., JACOMINE P. K.; ANJOS, L. H. C.; OLIVEIRA, V. À.; LUMBRERAS, J. F.; COELHO, M. R.; ALMEIDA, J. A.; ARAÚJO FILHO, J. C.; OLIVEIRA, J. B.; CUNHA, T. J. F. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos.** 5. ed. Brasília: Embrapa, 2018. 355 p.

VALE, N. M.; BARILI, L. D.; OLIVEIRA, H. M.; CARNEIRO, J. E. S.; CARNEIRO, P. C. S.; SILVA, F. L. Escolha de genitores quanto à precocidade e produtividade de feijão tipo carioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 2, p. 141-148, 2015. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/DC9dBgcqsmTqxmzww8gq5rx/?lang=pt>. Acesso em: 20 mai. 2024.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000200006>

YOKOMISO, G. K.; DUARTE, B, J; VELLO,A, N Correlações fenotípicas entre tamanho de grãos e outros caracteres em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.11, p.2235-2241, nov. 2000
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001100016>

CAPÍTULO III

MÉTODOS DE APURAÇÃO EM BUSCA DE CICLO E PRODUTIVIDADE EM PROGENIES DE SOJA

RESUMO

A fim de obter sucesso em gerações iniciais, identificando os genitores com alto índice de geração de progênies com características de interesse para o melhoramento e orientar quais são as progênies mais promissoras, é necessário utilizar estimativas de parâmetros genéticos. Estas estimativas podem ser realizadas de forma simultânea, avaliando-se características de importância agrônoma através de índices de seleção, o que auxilia no objetivo do programa de melhoramento. Sendo assim, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e estabelecer métodos de seleção em genótipos de soja em programas de melhoramento genético. A pesquisa foi realizada em condições de campo, em uma das áreas experimentais do Núcleo de Pesquisa em Genética e Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU). O experimento foi conduzido em duas épocas de semeadura, sendo 31/03/2023 e 15/05/2023, em delineamento em blocos casualizados, composto por 22 tratamentos, os quais consistiram em 5 populações segregantes F₄, 11 populações F₃ e as 6 populações parentais que foram utilizadas como controle, constituídas pelas cultivares: BRSGO7560, TMG801, UFUS601, BRS7380RR, TMG1179RR e BMX DESAFIO. O experimento foi avaliado para os caracteres agrônomicos e componentes de produção nos estádios fenológicos R8. Os dados foram submetidos à análise de variância, agrupamentos pelo teste Scott-Knott, índice baseado em soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo. Concluiu-se que, através do índice de seleção, acrescentaram-se ganhos genéticos para os dois índices analisados, dentro dos caracteres ligados ao ciclo: número de dias para maturação (NDM), e caracteres ligados à produtividade: produção (PROD), número total de nós (NNT) e número total de vagens (NTV). Na análise individual de cada época de semeadura, o índice de seleção direta apresentou maiores ganhos de seleção para todos os caracteres avaliados em comparação com os ganhos de seleção apresentados pelo método de “rank”. Na análise conjunta das duas épocas de semeadura, obteve-se maior ganho de seleção pelo índice de seleção direta. Os caracteres de interesse agrônomico ligados ao ciclo foram: número de dias para maturação (NDM) e caracteres ligados à produtividade: número de nós totais (NNT) e número total de vagens (NTV). No entanto, houve o mesmo índice de ganho de seleção para o caráter produção (PROD) tanto pelo índice de seleção direta quanto pelo método de “rank”.

Palavras chaves: ganhos de seleção, genótipos, índices, métodos de seleção, parâmetros genéticos.

ABSTRACT

In order to achieve success in early generations, identifying genitors with a high rate of generating progenies with traits of interest for breeding and guiding which are the most promising progenies, it is necessary to use estimates of genetic parameters. These estimates can be made simultaneously, evaluating traits of agronomic importance through selection indices, which helps to achieve the objectives of the breeding program. The aim of this study was therefore to estimate genetic parameters and establish selection methods for soybean genotypes in breeding programs. The research was carried out under field conditions in one of the experimental areas of the Soybean Genetics and Improvement Research Center at the Federal University of Uberlândia (UFU). The experiment was conducted in two sowing seasons, 03/31/2023 and 05/15/2023, in a randomized block design, consisting of 22 treatments, which consisted of 5 F₄ segregating populations, 11 F₃ populations and 6 parental populations that were used as a control, consisting of the cultivars: BRSGO7560, TMG801, UFUS601, BRS7380RR, TMG1179RR and BMX DESAFIO. The experiment was evaluated for agronomic traits and production components at phenological stage R₈. The data were subjected to analysis of variance, groupings using the Scott-Knott test, an index based on the sum of ranks from Mulamba & Mock (1978) and a genotype-ideotype distance index. It was concluded that the selection index added genetic gains for the two indices analyzed, within the characters linked to the cycle: number of days to maturity (NDM), and characters linked to productivity: yield (PROD), total number of nodes (TNN) and total number of pods (TNP). In the individual analysis of each sowing season, the direct selection index showed greater selection gains for all the characters evaluated compared to the selection gains shown by the rank method. In the joint analysis of the two sowing times, the greatest selection gain was obtained using the direct selection index. The characters of agronomic interest linked to the cycle were: number of days to maturity (NDM) and characters linked to productivity: number of total nodes (TNN) and total number of pods (TNP). However, there was the same rate of selection gain for the yield character (PROD) using both the direct selection index and the rank method.

Keywords: Genetic parameters. Genotypes. Indices. Selection gains. Selection methods.

1 INTRODUÇÃO

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

O sucesso do melhoramento genético vegetal de qualquer cultura agrícola de importância socioeconômica depende diretamente da existência da variabilidade genética, a qual possibilita a seleção de genótipos de soja que sejam superiores em relação aos cultivares existentes (Carneiro et al., 2021; Leite et al., 2016). Estes novos genótipos devem apresentar de maneira simultânea um conjunto de características favoráveis, tais como uma boa adaptabilidade nas áreas de cultivo, e ao mesmo tempo ter de maneira simultânea um conjunto de características favoráveis que proporcionem o aumento significativo da produtividade de grãos e atenda às demandas do mercado (Vianna et al., 2019).

A hibridização artificial passou a ser utilizada a partir do início dos anos de 1900 para desenvolver populações segregantes, pois, no início, os programas de melhoramento da soja eram baseados principalmente na seleção repetida de sementes preferidas pelos agricultores da população cultivada (Zhang et al., 2021). Devido ao sucesso em melhorias significativas em relação a adaptabilidade e produção da soja nos mais diferentes ambientes, a hibridização artificial passou a ser amplamente incorporada aos programas de melhoramento da soja como forma de expansão da base genética (Anderson et al., 2019).

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

Grande parte dos caracteres agrônômicos de importância econômica na cultura da soja são de natureza quantitativa, estando diretamente correlacionados entre si, tornando ainda mais difícil a seleção de genótipos superiores (Leite et al., 2018), fazendo-se então necessária a análise simultânea dos caracteres durante o processo de seleção (Silva et al., 2018). Pode-se realizar tal feito por meio de estimativa de parâmetros genéticos, permitindo identificar e avaliar os caracteres de interesse, enquanto a análise da correlação entre caracteres agrônômicos ajuda a verificar se a variação observada em um caractere pode influenciar a

variação observada em outro (Gesteira et al., 2018).

Pode-se selecionar diretamente genótipos dentro de uma população com elevada variedade através da seleção dos indivíduos com melhor fenótipo, obtendo-se então respostas positivas ou negativas a partir da relação das características com as outras (Cruz, 2012). A seleção também pode ser alcançada a partir da seleção indireta diante do conhecimento das correlações entre as variáveis; ou por intermédio de índices de seleção, que estimam valores de ganho genético fundamentados na seleção simultânea de vários caracteres (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). A seleção indireta é fundamentada na correlação entre caracteres, porém, deve-se tomar cuidado ao selecionar um caractere que se correlaciona negativamente com um e positivamente com outro para não provocar mudança indesejada nas características da descendência.

A estimativa destas variáveis permite escolher o método mais adequado de seleção (Hamawaki et al., 2012; Baldissera et al., 2014). Sendo que alguns dos mais empregados são os baseados no índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e no índice de distância genótipo-ideótipo (Cruz et al., 2017).

Tendo em vista a dificuldade de se escolher ao mesmo tempo múltiplas características, e a complexidade de inferências sobre o que se quer selecionar, os índices de seleção permitem a seleção simultânea eficiente de caracteres (Silva et al., 2021) o conhecimento da associação entre características é de grande importância no melhoramento e surgiu a necessidade de realizar seleção de um conjunto de características (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Portanto, para que os melhoristas alcancem o objetivo desejado em um programa de melhoramento, utilizam-se índices de seleção, os quais permitem realizar seleção simultânea de um conjunto de características de importância agrônômica, como o índice de soma da “ranks” de Mulamba e Mock (1978) já citado. Este consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres avaliados na ordem de maior interesse, e o índice de distância do genótipo ideal que permite valores ótimos para cada variável, onde para cada valor são calculados a média, máximo e o mínimo (Silva et al., 2021; Cruz et al., 2017, Teixeira et al., 2017).

Portanto, o presente estudo teve por objetivo estimar parâmetros genéticos e caracteres de interesse agrônômico em 5 populações segregantes F₄ e 11 populações F₃ de soja e selecionar as progênes superiores simultaneamente para precocidade e produtividade.

2 MATERIAL E MÉTODOS

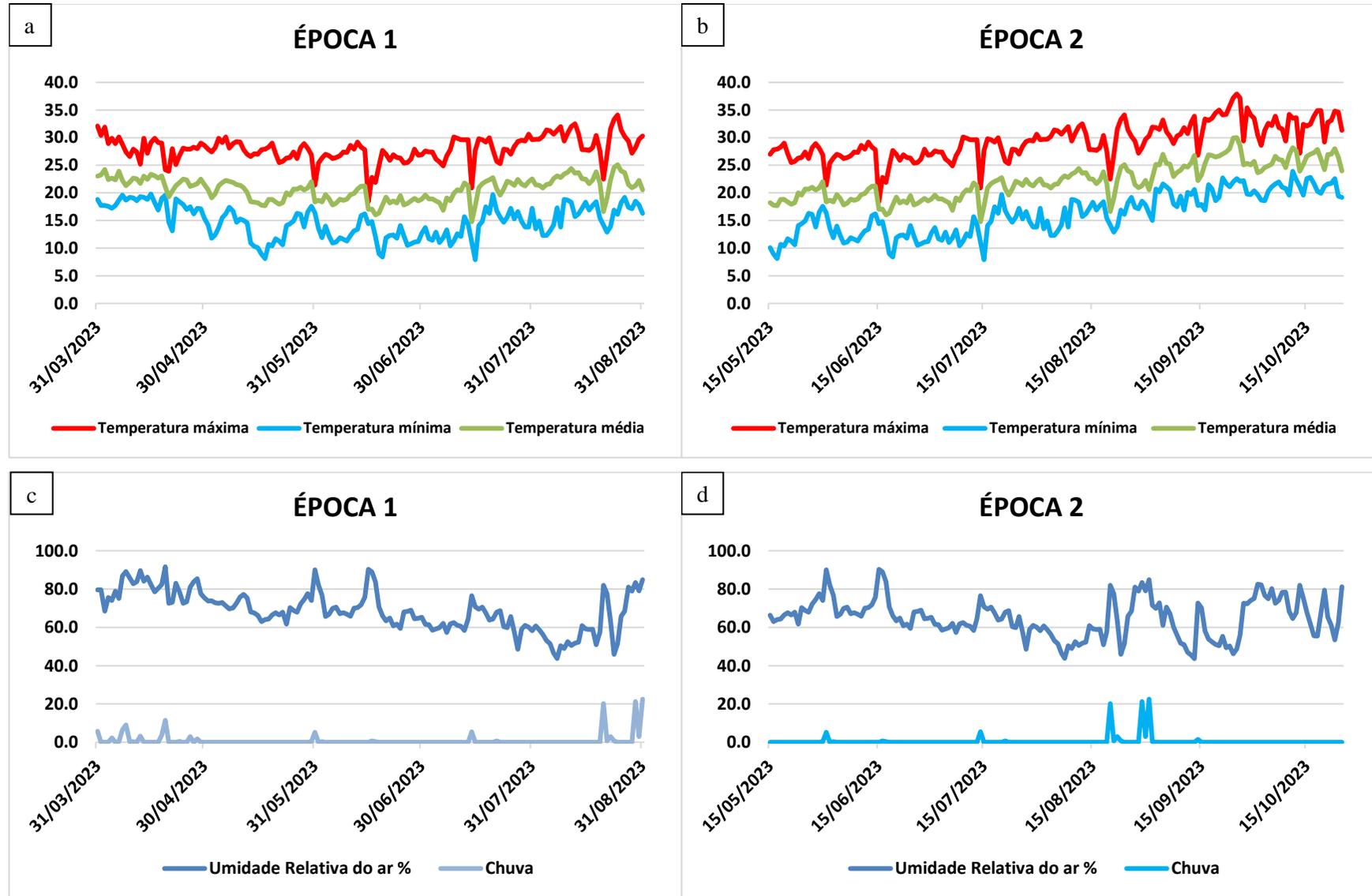
2.1 Localização da área experimental

Conduziu-se a pesquisa em condições de campo na área experimental Núcleo de Pesquisa em Genética e Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), locada na Fazenda Experimental Capim Branco, cujo georreferenciamento é 18° 52' de latitude S, 48° 20' de longitude W e 835 m de altitude, no município de Uberlândia (MG). O experimento foi realizado em duas épocas com 45 dias de diferença, sendo a primeira semeadura no dia 31/03/2023 e a segunda no dia 15/05/2023.

De acordo com a classificação de Köppen e Geiger (1936), o clima da região é classificado como tropical com verão chuvoso (novembro a abril) e inverno seco (maio a outubro). A temperatura média é de 22,6°C e a precipitação média anual é de 1487 mm (Petrucci; Oliveira, 2019).

Durante o experimento foram coletados os parâmetros de temperatura mínima, média e máxima relativa do ar (°C) (Figuras 1; a, b), umidade relativa do ar (%UR) e precipitação pluviométrica (mm) (Figuras 1; c, d) através da Estação Meteorológica da Fazenda Capim Branco (18°52'52,5" S latitude S e 48°20'37,3"O de longitude), localizada a 807 metros de altura, no município de Uberlândia-MG, pelo Banco de Dados Meteorológicos do Instituto Nacional de Meteorologia.

Figuras 1- Temperatura média, mínima e máxima relativa do ar (a, b), umidade relativa do ar (%UR) e precipitação pluviométrica (mm) (c, d), de 31 de março de 2023 a 25 de outubro de 2023, durante a condução em campo do teste de progênies na Fazenda Capim Branco (UFU), Uberlândia - MG



Fonte: o autor

2.2 Esquema experimental

O experimento foi conduzido em delineamento em blocos casualizados composto por 22 tratamentos (Tabela 1), os quais eram constituídos por 6 cultivares “parentais”, 5 progênies segregantes F₄ e 11 populações F₃ de soja. Cada tratamento teve 3 repetições. Cada parcela experimental foi composta por uma linha de 5,0 m de comprimento, espaçada das demais por 0,5 m, com densidade de semeadura de 20 sementes por metro linear.

Tabela 1- Parentais e origem das progênies avaliadas no experimento

PROGÊNIES/PARENTAIS	ORIGEM
UFUS1	UFUS6901/BRSGO7560-RC1P1F1-F2-F3-F4(100)
UFUS2	BRS7380RR/TMG1179RR-RC1P1F1-F2-F3(4)
BRSGO7560 (UFUS3)	BRSGO7560
TMG801 (UFUS4)	TMG801
UFUS5	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P1F1-F2-F3(25)
UFUS6	BRS7380RR/TMG1179RR-RC1P2F1-F2-F3(4)
UFUS7	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P2F1-F2-F3(7)
UFUS8	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P1F1-F2-F3(1)
UFUS6901 (UFUS9)	UFUS6901
UFUS10	TMG801/BMX_DESAFIO-F1-F2-F3-F4(227)
BRS7380RR (UFUS11)	BRS7380RR
UFUS12	UFUS6901/BRSGO7560-RC1P1F1-F2-F3-F4(108)
UFUS13	UFUS6901/TMG801-RC1P2F1-F2-F3-F4(23)
UFUS14	BRS7380RR/TMG1179RR-RC1P1F1-F2-F3(1)
TMG1179RR (UFUS15)	TMG1179RR
BMXDESAFIO (UFUS16)	BMXDESAFIO
UFUS17	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P1F1-F2-F3(12)
UFUS18	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P1F1-F2-F3(6)
UFUS19	BRS7380RR/TMG1179RR-RC1P2F1-F2-F3(3)
UFUS20	BRS7380RR/TMG1179RR-F2-F3-F4(46)
UFUS21	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P1F1-F2-F3(29)
UFUS22	TMG801/BMX_DESAFIO-RC1P2F1-F2-F3(24)

Nota: Para fins de melhor interpretação do quadro e posterior interpretação dos resultados e discussão, adotou-se os nomes seguintes: UFUS3, UFUS4, UFUS9, UFUS11, UFUS15 e UFUS16 para representar as cultivares que foram utilizadas como os parentais que deram origem as progênies avaliadas.

2.3 Instalação e condução do experimento

2.3.1 Preparo e adubação do solo

O solo da área experimental foi previamente preparado pelo sistema convencional, no qual as operações realizadas foram uma subsolagem do solo, uma aração, duas gradagens e uma nivelção (Figura 2). Posteriormente, foi realizada a abertura das linhas com semeadora, balizamento (Figura 3) e cercamento da área experimental (Figura 4). A adubação foi realizada diretamente nos sulcos de semeadura com, aproximadamente, 5,0 cm de profundidade, empregando-se 400 kg ha⁻¹ da fórmula NPK 08-28-16.

Figuras – (2) preparo da área, (3) balizamento da área, (4) experimento já instalado.



Fonte: o autor.

2.3.2 Tratamento de sementes e semeadura

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

A primeira semeadura das sementes ocorreu no dia 31 de março de 2023 e a segunda no dia 15 de maio de 2023, a uma profundidade aproximada de 2,0 cm.

2.3.3 Complementação nutricional

No estágio fenológico V4 (quatro nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas), de acordo com a escala de desenvolvimento da soja de Fehr e Caviness (1977), realizou-se a aplicação via foliar de um fertilizante comercial composto por 4% (50,0 g L⁻¹) de nitrogênio total; 6% (75,0 g L⁻¹) de carbono orgânico total e aminoácidos livres; 1% (12,5 g L⁻¹) de cobalto; 5% (62,5 g L⁻¹) de molibdênio; 7% de agente quelante aminoácido e complexado por extrato de algas e aminoácidos a uma dose de 100 ml ha⁻¹,

utilizando um volume de calda de 100 L ha⁻¹. Para esta operação utilizou-se um pulverizador manual 20 L de calda, com pressão constante de 2 BAR (ou 29 PSI), uma vazão de 0,35 L minuto.

2.3.4 Manejo fitossanitário

De acordo com a necessidade de controle e prévia de manejo de algumas pragas e doenças, foram aplicados os seguintes defensivos constantes na Tabela 2, conforme recomendações constantes na bula.

Tabela 2 – Defensivos utilizados no manejo fitossanitário.

Aplicação	Produto	Ação	Dose	Volume de Calda
05/05/23, 31/05/23, 14/06/23, 30/06/23, 21/07/23/ e 04/08/23	BIXAFEM 125 g/L, PROTIOCONAZOL 175 g/L e TRIFOXISTROBINA 150 g/L	Fungicida	500ml/ ha ⁻¹	150L/ha ⁻¹
05/05/2023, 31/05/23, 14/06/23, 30/06/23, 21/07/23 e 16/08/23	TIAMETOXAM 141 g/L, LAMBDA-CIALOTRINA 106 g/L e NAFTA DE PETRÓLEO 72,76 g/L	Inseticida	150ml/ha ⁻¹	200L/ha ⁻¹
22/06/2023	ACETAMIPRIDO 200 g/L e PIRIPROXIFEM 100 g/L	Inseticida	200 ml/ ha ⁻¹	150L/ha ⁻¹
22/06/2023	O,O-DIETHYL O-3,5,6-TRICHLORO-2-PYRIDYLPHOSPHOROTHIOATE 480g/L e CORRENTE C9 DE PIRÓLISE 490,20 g/L	Inseticida	800 ml/ha ⁻¹	150 L/ha ⁻¹
16/08/2023	MANCOZEBE 800 g/kg	Fungicida	1,5kg/ ha ⁻¹	200L/ha ⁻¹

Figura 5 - Aplicação de defensivos na área experimental.



Fonte: o autor

2.3.5 Complementação hídrica

Após ser instalado o primeiro experimento e 6 dias sem precipitação pluviométrica, realizou em 05 de abril de 2023 a irrigação, com aspersor, utilizando uma lâmina de água de 20 mm durante uma hora. A operação foi repetida conforme a necessidade de irrigação. É possível averiguar os dois experimentos já instalados e os sistemas de irrigação montado na área experimental (Figura 6).

Figura 6 - Experimentos e irrigação instalados.



Fonte: o autor

2.4 Avaliações

Foram avaliados no experimento os caracteres agronômicos e componentes de produção no estágio fenológico R8 (95% das vagens na cor do genótipo) seguindo a classificação de Fehr e Caviness (1977). Para todos os caracteres, com exceção da produção de grãos por parcela, foram amostradas as 3 plantas fenotipicamente superiores, seguindo os atributos agronômicos prescritos por Bezerra et al. (2017) visando o desenvolvimento de cultivares, tais como precocidade, altura de planta próxima a faixa de 60,0 a 70,0 cm, planta

ereta, altura de inserção da primeira vagem variando próxima a 10,0 a 15,0 cm, resistência à deiscência de vagens e quantidade de vagens. Os caracteres obtidos foram:

- Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio fenológico R8, resultado foi expresso em dias;
- Altura da planta na maturidade (APM): foi mensurada a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal com auxílio de uma trena metálica no estágio fenológico R8, o resultado foi expresso em cm planta⁻¹;
- Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): foi mensurada a distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal no estágio fenológico R8, o resultado foi expresso em cm planta⁻¹;
- Número de nós totais na maturidade (NNTM): contagem manual do número total de nós na haste principal no estágio fenológico R8, resultado foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós ramificados na maturidade (NNRAM): número total de nós com ramificações da haste principal no estágio fenológico R8, resultado foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de nós produtivos na maturidade (NNPROD): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens no estágio fenológico R8, resultado foi expresso em nós planta⁻¹;
- Número de vagens com 1 grão (NV1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita, resultado foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 2 grãos (NV2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita, resultado foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens com 3 grãos (NV3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita, resultado foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de vagens totais (NVT): posterior à colheita, foram contadas todas as vagens produzidas pela planta, posterior a colheita, resultado foi expresso em vagens planta⁻¹;
- Número de sementes por vagem (NGV): contagem do número de grãos por vagem, posterior a colheita, resultado foi expresso em sementes planta⁻¹;
- Produção de 100 grãos (P100G): peso de 1 0 0 grãos de soja produzidos por planta, expresso em grama;
- Produção de grãos por planta (PGP): peso de grãos de soja produzidos por planta, expresso em gramas;
- Produção de grãos por parcela (PROD): peso total de grãos de soja produzidos por

parcela, expresso em gramas.

2.5 Análises estatísticas dos dados

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

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

Sendo:

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

μ : média geral do caractere;

B_j : efeito aleatório do bloco “j”;

G_i : efeito fixo do genótipo “i”;

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

Ainda, foi estimado o parâmetro herdabilidade no sentido amplo com base na Equação 5:

$$H^2 = \frac{\theta g}{\frac{QM \text{ genótipo}}{r}}$$

$$\theta g = \frac{QM \text{ genótipo} - QM \text{ erro}}{r}$$

Sendo:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

θg : coeficiente quadrático genético;

$QM \text{ genótipo}$: quadrado médio dos genótipos;

$QM \text{ Erro}$: quadrado médio do erro;

r : número de repetições

A ANOVA e o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott e as análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (Cruz, 2016). As médias dos genótipos foram submetidas ao teste de agrupamento de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. Em seguida foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos das populações segregantes

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

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

Sendo:

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

X_{si} : média das progênes selecionadas para o caractere i;

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

h_i^2 : herdabilidade do caractere i;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população;

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

Sendo:

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

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

h_i^2 : herdabilidade do caractere i;

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

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

Sendo:

I : é o valor do índice para determinado indivíduo;

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

r_n : o número de caractere considerados no índice;

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

genótipo.

Logo, se tem:

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

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

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

Sendo:

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

LS_j : limite superior a ser apresentado pelo genótipo para o caractere j ;

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

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

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

Sendo:

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

a_j : peso ou valor econômico da característica.

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

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

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

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

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Estimativas de indicadores genéticos

Um dos requisitos nos programas de melhoramento é a existência de variabilidade genética para análise da viabilidade do processo seletivo (Soares et al., 2020). Portanto, a estimação de parâmetros genéticos é de suma importância no melhoramento. A seguir, são apresentados os resultados dessas estimativas (Tabela 3), onde observou-se a existência de variabilidade genética nas duas épocas de semeadura para todas as características avaliadas nas progênies das populações segregantes a nível de 1% pelo teste de F (QMG).

Tabela 3 - Quadrados médios, coeficientes de variação e parâmetros genéticos de caracteres agrônômicos e produção de grãos de 22 progênies de soja avaliadas no município de Uberlândia – MG em duas épocas de semeadura, 31/03/2023 e 15/05/2023.

Caracteres	Semeadura Março			
	QMG	H ² (%)	CV _g /CV _e	CV (%)
NDM	508,28**	91,76	1,93	5,42
APM	298,48**	72,79	0,94	16,56
AIPV	18,09 ^{ns}	10,85	0,20	34,67
NNT	8,12**	64,49	0,78	14,29
NNR	4,43**	73,43	0,95	41,10
NNP	4,95*	45,29	0,52	16,74
NV1G	38,63**	75,62	1,01	41,90
NV2G	121,00**	83,80	1,31	29,62
NV3G	90,17**	81,62	1,21	30,02
NTV	587,29**	89,32	1,67	21,93
NGV	0,04 ^{ns}	35,40	0,42	7,41
P100G	23,09 ^{ns}	4,04	0,11	33,36
PGP	38,42**	78,78	1,11	27,23
PROD	38,55**	81,82	1,22	26,87

Caracteres	Semeadura Maio			
	QMG	H ² (%)	CV _g /CV _e	CV (%)
NDM	320,16**	81,51	1,21	5,69
APM	480,12**	74,72	0,99	17,99
AIPV	56,97**	66,44	0,81	29,62
NNT	16,36**	76,39	1,03	13,39
NNR	6,96**	61,67	0,73	10,67
NNP	26,88 ^{ns}	22,69	0,31	36,39
NV1G	76,62**	80,68	1,18	41,58
NV2G	167,10**	76,63	1,04	33,44
NV3G	96,58 ^{ns}	40,01	0,47	46,45
NTV	767**	71,84	0,92	33,08
NGV	0,059**	64,11	0,77	6,66
P100G	7,35 ^{ns}	17,47	0,26	23,72
PGP	51,49 ^{ns}	43,67	0,50	40,51
PROD	60724**	74,35	0,98	29,23

NDM: número de dias para maturidade , APM: altura de planta na maturação , AIPV: altura de inserção da primeira vagem, NNT: número de nós totais, NNR: número de nós ramificados, NNP: número de nós produtivos, NV1G, NV2G, NV3G: número de vagens com 1, 2 e 3 grãos, NTV: número total de vagens, NSV: número de sementes por vagem, P100G: peso de 100 grãos, PGP: peso de grãos por planta, PROD: produção de

grãos (g); QMG: quadrado médio dos genótipos; H^2 : herdabilidade; CVg: coeficiente de variação genético; CVe: coeficiente de variação experimental; CV: coeficiente de variação geral; ^{ns}: não significativo; ^{**} significativo ao nível de 1% probabilidade, pelo teste F.

Analisando-se a variabilidade genética, na primeira época de semeadura foi constatada variância genética para todos os caracteres, exceto AIPV, NGV e P100G, também na segunda época todos apresentaram variância genética, exceto NNP, NV3G, P100G e PGP.

A alta precisão experimental ocasiona a redução na variação do acaso (Quadrado Médio do Resíduo), aumentando assim a chance de se encontrar diferenças significativas e melhores estimativas dos parâmetros genéticos. Utiliza-se então como média deste parâmetro o coeficiente de variação (CV), este por sua vez é uma medida estatística infinitamente utilizada em ensaios agropecuários para avaliação da exatidão dos experimentos. Portanto, quanto menor o CV, menor a variação do acaso e, conseqüentemente, uma maior precisão experimental (Leite et al., 2015). Valores iguais ou abaixo de 20% para CV são considerados ideais (Ferreira, 2018; Pimentel-Gomes, 2009).

Observou-se CV's menores que 20% nos caracteres da primeira época NDM, APM, NNT, NNP e NGV e CV's, e abaixo de 20% na segunda época para os caracteres NDM, APM, NNT, NNR e NGV, demonstrando assim estar dentro do padrão ideal. Ainda sobre o CV, pode-se observar que ele apresentou valores acima de 20% na primeira época de semeadura para os caracteres AIPV, NNR, NV1G, NV2G, NV3G, NTV, P100G, PGP e PROD e na segunda época valores maiores que 20% nos caracteres AIPV, NNP, NV1G, NV2G, NV3G, NTV, P100G, PGP e PROD. De acordo com Ferreira (2018) é esperado que o CV de ensaios agropecuários não ultrapasse 20%, entretanto, o mesmo autor afirma que há circunstâncias em que CV's superiores a 20% são aceitáveis, como no caso de estudos realizados com as primeiras gerações de soja, nos quais foram verificados altos CV's (Santos et al., 2018; Santos et al., 2019; Bianchi et al., 2020; Carneiro et al., 2021; Silva et al., 2021).

Utiliza-se a herdabilidade (H^2) para predizer o progresso do ganho de seleção de um caractere agrônômico (Falconer, 1987; Sulisty e Mejaya, 2018), refletindo os valores da herança que passarão para a próxima geração no processo de seleção de genótipos superiores. A variação deste coeficiente ocorre no intervalo de 0 a 100%, sendo que estimativas maiores do que 70% representam uma alta herdabilidade e valores entre 50% e 69% representam média-alta herdabilidade, sendo que uma herdabilidade média ocorrerá no intervalo de 20 a 50% e baixa herdabilidade está associada a valores menores que 20% (Silveira et al., 2006). Com base nestas informações, tem-se que o presente estudo apresentou alta herdabilidade para os seguintes caracteres na primeira época NDM, APM, NNR, NV1G, NV2G, NV3G,

NTV, PGP e PROD, enquanto na segunda época os caracteres que apresentaram alta herdabilidade foram NDM, APM, NNT, NV1G, NV2G NTV e PROD. De acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) os caracteres NDM, APM e NNTM apresentaram valores de H^2 superiores à 70%, o que de acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) denota que estes obtiveram altas estimativas, logo, o fenótipo pode ser considerado totalmente determinado pelo genótipo. Estes resultados indicam probabilidade de sucesso na seleção de genótipos com superioridade em gerações iniciais nas populações estudadas, apenas os caracteres P100G e AIPV apresentaram baixa herdabilidade na primeira época, todos os outros caracteres avaliados apresentaram média herdabilidade nas duas épocas de semeadura. Para Leite et al. (2016), Santos et al. (2018) e Machado et al. (2017) os caracteres APF, APM, NNTM e PROD obtiveram resultados semelhantes ao realizado no estudo. Ainda de acordo com Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), para os demais caracteres com baixa H^2 como AIPV e P100G na primeira época e P100G na segunda época, deve-se realizar a seleção em gerações avançadas, quando estas apresentarão maior homozigose.

A divisão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (CV_g/CV_e) é um indicador eficiente em relação ao grau de obtenção de ganhos genéticos na seleção de genótipos superiores. Assim, as condições são favoráveis para seleção quando este indicador apresenta unidades superiores ou iguais a 1,0 (Leite et al., 2016). Nestas condições, os ganhos de seleção são significativos ao se aplicar métodos simples de seleção e pode ser empregada como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de progênies para cada caractere (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Obteve-se neste estudo índices maiores que 1 os caracteres NDM, NV1G, NV2G, NV3G, NTV, PGP e PROD na primeira época, e na segunda época os caracteres NDM, NNT, NV1G e NV2G, evidenciado assim um cenário favorável para a seleção destes caracteres. Foi observado resultado semelhante a este por Silva et al. (2021), Azevedo et al. (2021) e Leite et al. (2015), em que estes também obtiveram resultados maiores que 1 para alguns dos caracteres citados neste presente estudo.

3.2 Conjunto de médias fenotípicas

Verificou-se a formação de diferentes grupos pelo teste de agrupamento de Scott-Knott a uma probabilidade de 5% para a maioria dos caracteres agrônômicos avaliados. A amplitude das médias de cada um dos grupos dentro dos caracteres se encontra nas Tabelas 4 e 5.

Tabela 4 - Médias dos caracteres: número de dias para maturidade (NDM), altura de planta na maturação (APM), altura de inserção da primeira vargem (AIPV), número de nós totais (NNT), número de nós ramificados (NNR), número de nós produtivos (NNP) de 22 genótipos de soja, em duas épocas de semeadura, sendo 31/03/2023 e 15/05/2023 no município de Uberlândia – MG.

Genótipos	Caracteres											
	NDM		APM		AIPV		NNT		NNR		NNP	
	dias		cm por planta-1				nós por planta-1					
	Época											
	1 ^a	2 ^a	1 ^a	2 ^a	1 ^a	2 ^a	1 ^a	2 ^a	1 ^a	2 ^a	1 ^a	2 ^a
UFUS01	102.33Aa	114.67Ba	55.33Ab	44.20Ac	10.11Aa	13.14Ab	13.22Aa	11.44Ab	2.00Ab	3.78Ab	11.00Aa	9.67Aa
UFUS02	126.67Bc	138.00Bc	46.35Ab	50.01Ac	8.47Aa	10.29Ab	10.56Ab	12.33Ab	2.55Ab	4.11Ab	9.00Ba	21.78Aa
UFUS03	93.67Aa	112.33Ba	46.09Ab	46.92Ac	15.62Aa	12.17Ab	9.22Ab	11.00Ab	2.67Ab	3.22Ab	7.22Aa	7.89Aa
UFUS04	133.33Bc	143.67Bc	52.22Ab	63.58Ab	13.32Aa	16.56Aa	11.78Ab	14.45Ab	4.78Aa	5.67Aa	11.00Aa	12.45Aa
UFUS05	109.67Ab	145.50Bc	43.09Bb	62.83Ab	10.47Aa	11.92Ab	10.89Bb	17.17Aa	1.67Bb	5.17Aa	8.22Ba	16.00Aa
UFUS06	116.33Ab	139.67Bc	46.59Bb	63.67Ab	10.98Aa	14.83Ab	11.11Bb	16.33Aa	2.89Ab	3.56Ab	11.00Aa	12.78Aa
UFUS07	126.00Ac	143.00Bc	48.89Bb	77.71Aa	14.26Aa	15.72Aa	11.78Bb	15.67Aa	2.89Ab	4.67Aa	10.22Aa	13.11Aa
UFUS08	126.33Bc	134.33Bc	61.35Aa	72.52Aa	11.17Aa	17.47Aa	11.89Bb	17.22Aa	5.11Aa	3.22Ab	10.11Aa	13.8Aa
UFUS09	104.00Aa	125.67Bb	56.44Ab	55.65Ac	9.61Aa	9.97Ab	14.11Aa	12.89Ab	1.33Ab	2.45Ab	10.78Aa	10.33Aa
UFUS10	122.30Bc	132.00Bb	46.78Ab	52.39Ac	10.50Aa	14.26Ab	10.33Ab	13.33Ab	2.3 Bb	4.67Aa	9.33Aa	10.45Aa
UFUS11	105.67Aa	119.67Ba	51.03Ab	64.57Ab	11.17Aa	13.20Ab	13.11Aa	14.56Ab	1.55Ab	2.33Ab	10.78Aa	12.22Aa
UFUS12	102.67Aa	131.67Ab	69.39Aa	61.77Ab	12.11Ba	19.03Aa	13.89Aa	12.78Ab	0.78Ab	1.33Ab	10.67Aa	9.55Aa
UFUS13	112.00Ab	127.33cb	47.20Ab	51.68Ac	11.15Aa	10.26Ab	10.66Bb	13.89Ab	2.78Bb	5.89Aa	9.55Aa	12.55Aa
UFUS14	127.33Ac	140.67Bc	77.56Aa	78.93Aa	14.92Aa	21.73Aa	15.00Ba	19.11Aa	3.11Ba	6.56Aa	12.11Aa	15.22Aa
UFUS15	123.67Bc	129.33Bb	49.43Ab	44.24Ac	8.98Aa	9.45Ab	10.33Bb	13.44Ab	2.11Ab	3.44Ab	8.89Aa	10.67Aa
UFUS16	103.67Aa	132.00Bb	37.45Ab	40.92Ac	9.88Aa	7.65Ab	10.33Ab	11.50Ab	0.55Ab	1.50Ab	8.22Aa	8.17Aa
UFUS17	138.67Bc	147.33Bc	60.56Aa	66.19Ab	10.13Aa	16.69Aa	10.33Bb	15.22Aa	3.89Aa	5.78Aa	8.78Aa	12.45Aa
UFUS18	126.00Ac	146.33Bc	66.75Aa	87.47Aa	12.58Ba	25.60Aa	13.11Ba	18.33Aa	2.00Bb	5.67Aa	10.67Aa	14.67Aa
UFUS19	125.67Ac	140.33Bc	71.04Aa	70.45Ab	10.51Ba	19.76Aa	14.44Ba	18.11Aa	3.22Aa	3.00Ab	11.22Aa	14.22Aa
UFUS20	130.00Ac	146.00Bc	52.66Ab	58.70Ac	11.75Aa	14.88Ab	9.89Bb	14.33Ab	1.78Bb	5.11Aa	8.00Aa	11.67Aa
UFUS21	137.33Bc	145.67Bc	57.92 Bb	77.44Aa	18.47Aa	17.49Aa	12.78Ba	16.00Aa	3.55Aa	5.33Aa	9.56Aa	14.00Aa
UFUS22	132.67Bc	139.00Bc	53.33Ab	55.44Ac	8.70Aa	12.63Ab	12.55Aa	13.78Ab	4.55Aa	6.67Aa	11.89Aa	11.89Aa

Médias seguidas pelas mesmas letras maiúsculas na horizontal (1^a Época x 2 Época) constituem grupo estatisticamente homogêneo; médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas na vertical (Genótipos) constituem grupo estatisticamente homogêneo.

Tabela 5 - Médias dos caracteres: número total de vagens (NTV), número de vagens com 1, 2 e 3 grãos (NV1G, NV2G, NV3G), número de sementes por vagem (NSV), peso de 100 grãos (P100G), peso de grãos por planta (PGP), produção (PROD) de 22 genótipos de soja, em duas épocas de semeadura, sendo 31/03/2023 e 15/05/2023 no município de Uberlândia – MG.

Genótipos	Caracteres															
	NTV		NV1G		NV2G		NV3G		NGV		P100G		PGP		PROD	
	vagens por planta ⁻¹								nº grãos		gramas		gramas m ²			
Épocas																
	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª	1ª	2ª
UFUS01	21.89Ab	38.55Ac	5.45Ac	7.33Ac	7.44Ac	14.11Ac	9.00Ab	17.11Aa	2.14Ab	2.28Aa	14.18Aa	9.22Aa	6.78Ab	9.46Ab	209.00Ab	229.67Ab
UFUS02	51.78Aa	40.45Ac	10.78Ab	4.11Ad	19.22Ab	16.56Ac	21.67Aa	19.78Aa	2.21Ab	2.38Aa	11.54Aa	9.66Aa	13.00Aa	11.63Ab	350.67Aa	442.33Aa
UFUS03	16.67Ab	18.44Ad	3.44Ac	4.11Bd	7.56Ac	7.45Ac	5.67Ab	6.89Ab	2.13Ab	2.18Aa	11.90Aa	11.02Aa	4.11Ab	7.27Ab	206.00Ab	281.33Ab
UFUS04	48.11Aa	39.56Ac	8.00Ab	8.44Ac	22.44Ab	16.22Ac	17.67Aa	14.89Aa	2.20Ab	2.11Ab	14.53Aa	13.30Aa	15.78Aa	14.00Aa	405.00Aa	483.67Aa
UFUS05	16.11Bb	75.17Aa	3.67Bc	2.27Aa	6.89Bc	29.00Ab	5.44Bb	23.33Aa	2.11Ab	2.00Ab	22.98Aa	9.70Ba	6.89Bb	20.67Aa	156.33Bb	486.00Aa
UFUS06	42.22Aa	52.22Ab	9.00Ab	9.33Ac	17.00Ab	20.89Ab	16.11Aa	21.44Aa	2.17Ab	2.24Aa	11.92Aa	10.22Aa	10.89Aa	15.89Aa	293.67Bb	645.67Aa
UFUS07	32.44Bb	55.11Ab	5.00Bc	11.11Ac	14.89Ac	21.22Ab	12.11Bb	22.44Aa	2.22Ab	2.17Aa	17.33Aa	11.53Aa	11.22Ba	19.56Aa	331.67Ba	598.67Aa
UFUS08	49.78Aa	50.56Ab	10.44Ab	15.22Ab	20.89Ab	22.89Ab	18.44Aa	12.22Ab	2.17Ab	1.95Ab	13.50Aa	10.22Aa	12.00Aa	13.79Aa	279.67Bb	603.00Aa
UFUS09	25.44Ab	29.78Ac	5.67Ac	3.11Ad	11.45Ac	10.78Ac	8.33Ab	15.78Aa	2.10Bb	2.42Aa	11.85Aa	9.53Aa	6.44Ab	10.26Ab	182.33Ab	136.00Ab
UFUS10	31.00Ab	36.00Ac	8.67Ab	9.89Ac	14.22Ac	20.00Ab	6.89Ab	6.11Ab	2.07Ab	1.90Ab	14.59Aa	13.07Aa	8.67Ab	11.25Ab	466.00Aa	526.67Aa
UFUS11	29.22Ab	34.55Ac	4.67Ac	4.11Ac	9.89Ac	12.78Ac	14.55Aa	17.67Aa	2.38Aa	2.40Aa	12.61Aa	8.45Aa	8.67Ab	10.10Ab	225.00Ab	376.67Aa
UFUS12	23.89Ab	20.89Ad	6.11Ac	4.56Ad	8.67Ac	9.00Ac	9.11Ab	7.33Ab	2.13Ab	2.22Aa	17.17Aa	12.50Aa	9.22Ab	9.00Ab	268.33Ab	342.00Ab
UFUS13	42.56Aa	58.33Ab	7.44Ac	12.11Ac	21.44Ab	26.44Ab	13.66Aa	19.89Aa	2.15Ab	2.14Ab	16.11Aa	8.85Ba	14.11Aa	13.68Aa	366.33Aa	232.67Ab
UFUS14	55.89Aa	48.56Ab	15.33Aa	8.78Bc	19.56Ab	18.00Ac	20.33Aa	21.45Aa	2.10Ab	2.28Aa	11.42Aa	9.24Aa	13.55Aa	14.62Aa	345.33Aa	451.67Aa
UFUS15	40.67Aa	39.22Ac	9.11Ab	5.55Ad	14.78Ac	16.89Ac	16.67Aa	16.78Aa	2.20Ab	2.29Aa	13.05Aa	8.78Aa	11.34Aa	10.38Ab	360.67Aa	441.67Aa
UFUS16	18.67Ab	20.67Ad	2.00Ac	4.00Ad	7.56Ac	9.33Ac	8.56Ab	7.17Ab	2.43Aa	2.18Aa	12.72Aa	9.23Aa	5.78Ab	63.7Ab	167.33Ab	167.50Ab
UFUS17	48.56Aa	57.67Ab	8.44Ab	13.11Ab	17.67Ab	22.78Ab	22.45Aa	21.78Aa	2.28Aa	2.13Ab	13.81Aa	11.25Aa	15.22Aa	18.66Aa	460.67Aa	492.00Aa
UFUS18	32.33Ab	49.11Ab	3.78Bc	11.22Ac	13.11Ac	21.00Ab	13.78Aa	16.55Aa	2.42Aa	2.12Bb	14.95Aa	11.84Aa	9.89Bb	17.50Aa	193.33Bb	517.67Aa
UFUS19	39.67Aa	38.89Ac	6.66Ac	6.89Ad	14.44Ac	15.22Ac	17.78Aa	16.78Aa	2.32Aa	2.23Aa	12.98Aa	8.78Aa	12.00Aa	11.99Ab	438.00Aa	553.33Aa
UFUS20	32.56Ab	49.44Ab	5.67Ac	9.45Ac	12.22Ac	18.00Ac	14.55Aa	21.78Aa	2.27Aa	2.26Aa	10.28Aa	8.25Aa	7.78Ab	11.41Ab	305.00Ab	392.33Aa
UFUS21	25.55Ab	42.00Ac	5.56Ac	9.22Ac	14.11Ac	21.78Ab	5.89Ab	10.67Ab	1.98Ab	2.05Ab	16.90Aa	12.43Aa	9.06Ab	14.50Aa	255.00Bb	477.33Aa
UFUS22	69.33Aa	82.78Aa	16.22Aa	19.22Aa	33.44Aa	40.78Aa	19.67Aa	22.78Aa	2.07Ab	2.04Ab	14.07Aa	11.32Aa	18.22Aa	20.51Aa	593.50Aa	512.33Aa

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

Avaliando-se APM, os genótipos UFUS3, UFUS4, UFUS5, UFUS18 e UFUS21 apresentaram menor desempenho na primeira época, quando se compara os genótipos dentro de cada época, os genótipos UFUS8, UFUS9, UFUS12, UFUS14, UFUS 17, UFUS18 e UFUS 19 apresentaram desempenho melhores e homogêneos na primeira época, e os genótipos UFUS7, UFUS8, UFUS14 UFUS 18 e UFUS21 apresentaram desempenho melhor e homogêneo na segunda época.

Para AIPV, os genótipos UFUS12, UFUS18 e UFUS 19 apresentaram menor desempenho na primeira época, porém ao se comparar os genótipos dentro de cada época, todos os genótipos foram estatisticamente iguais na primeira época, já na segunda época, apenas os genótipos UFUS4, UFUS7, UFUS8, UFUS12, UFUS14, UFUS17, UFUS18, UFUS19 e UFUS21 mantiveram os padrões para as duas épocas.

O desempenho de NNT se manteve melhor na primeira época nos genótipos UFUS1, UFUS2, UFUS3, UFUS4, UFUS9, UFUS10, UFUS11, UFUS12, UFUS17 e UFUS22, já quando se compara os genótipos dentro de cada época, os genótipos UFUS1, UFUS UFUS9, UFUS11, UFUS12, UFUS14, UFUS, UFUS18, UFUS19, UFUS21 e UFUS22 apresentaram os melhores resultados na primeira época, sendo que na segunda época os melhores resultados foram obtidos pelos genótipos UFUS5, UFUS6, UFUS7, UFUS8, UFUS14, UFUS17, UFUS18, UFUS19 e UFUS21.

A variável NNRAM apresentou parâmetros menores na primeira época nos genótipos UFUS5, UFUS10, UFUS13, UFUS14, UFUS18 e UFUS20, quando se compara os genótipos dentro de cada época, os melhores resultados na primeira época foram obtidos por UFUS4, UFUS8, UFUS14, UFUS17, UFUS19, UFUS21 e UFUS22, porém na segunda época os melhores resultados foram obtidos por UFUS4, UFUS5, UFU7, UFUS10, UFUS13, UFUS14, UFUS18, UFUS19, UFUS21, UFUS22 e UFUS23.

Apenas a progênie UFUS2 apresentou diferença no NNPRO quando se compara as duas épocas, sendo que na primeira época a mesma apresentou resultados menores se comparado com a segunda época, porém quando se compara todos os genótipos em cada época, não houve diferenças significativas em nenhum dos genótipos para nenhuma das épocas.

O NV1G quando se compara as duas épocas, tiveram parâmetros inferiores na primeira época os genótipos UFUS5, UFUS7 e UFUS18, já na segunda época, apenas os genótipos UFUS2 e UFUS14 apresentaram médias inferiores quando comparadas com a primeira época, dentro da primeira época, os melhores resultados na primeira época foram apresentados apenas por UFUS14 e UFUS22, e na segunda época por UFUS5 e UFUS22.

Apenas o genótipo UFUS5 apresentou diferença de NV2G entre a duas épocas de semeadura, sendo que ela apresentou desempenho inferior de NV2G na primeira época, assim como no NV1G, o genótipo UFUS22 apresentou os melhores parâmetros de NV2G dentre todos os genótipos, tanto na primeira quanto na segunda época.

O NV3G teve resultado inferior na primeira época para os genótipos UFUS5 e UFUS7, e os demais genótipos apresentaram resultados semelhantes entre as duas épocas. Dentro da primeira época, os resultados inferiores de NV3G foram obtidos por UFUS1, UFUS3, UFUS5, UFUS7, UFUS9, UFUS10, UFUS12, UFUS16, e na segunda época por UFUS3, UFUS8, UFUS10, UFUS12, UFUS16 e UFUS21.

Houve diferença de PGP entre épocas nos genótipos UFUS5, UFUS7 e UFUS18, sendo que estes apresentaram resultado inferior na primeira época. Dentro da primeira época os melhores resultados foram gerados por UFUS2, UFUS4, UFUS6, UFUS7, UFUS8, UFUS13, UFUS14, UFUS15, UFUS17, UFUS19 e UFUS22, já na segunda época os melhores resultados foram expressos por UFUS4, UFUS5, UFUS6, UFUS7, UFUS8, UFUS12, UFUS14, UFUS17, UFUS18, UFUS21 e UFUS22.

Os genótipos UFUS2, UFUS4, UFUS8, UFUS10, UFUS15, UFUS17, UFUS21 e UFUS22 apresentaram resultados inferiores para NDM na primeira época quando se comparada com a segunda época, demonstrando assim, que a primeira época foi mais propícia para a precocidade. Dentro da época 1, os resultados mais propícios para a precocidade foram gerados pelos genótipos: UFUS1, UFUS3, UFUS 9, UFUS 11, UFUS12, UFUS16, e na segunda época gerados por UFUS1, UFUS3 e UFUS11, demonstrando que estes foram mais precoces tanto na primeira quanto na segunda época.

Houve diminuição no P100G apenas nos genótipos UFUS5 e UFUS13 na segunda época, e ao se avaliar todos os genótipos nas duas épocas, estes se mantiveram estatisticamente iguais entre os genótipos dentro de cada época.

Houve decréscimo na PROD na primeira época nos genótipos UFUS5, UFUS6, UFUS7, UFUS8, UFUS18 e UFUS21. Dentro de cada época, os melhores resultados na época 1 foram apresentados por UFUS2, UFUS4, UFUS7, UFUS10, UFUS13, UFUS14, UFUS15, UFUS17, UFUS19 e UFUS22, já na segunda época, os melhores resultados obtidos foram por UFUS2, UFUS4, UFUS5, UFUS6, UFUS7, UFUS8, UFUS10, UFUS11, UFUS14, UFUS15, UFUS17, UFUS18, UFUS19, UFUS20, UFUS21 e UFUS22.

Avaliando-se NSV, houve decréscimo para este caractere na primeira época para o genótipo UFUS9, e na segunda época para o genótipo UFUS18. Dentro da primeira época os melhores genótipos foram UFUS11, UFUS16, UFUS17, UFUS18, UFUS19 e UFUS20, já na

segunda época, os melhores resultados foram obtidos por UFUS1, UFUS2, UFUS3, UFUS6, UFUS7, UFUS9, UFUS 11, UFUS12, UFUS14, UFUS15, UFUS16, UFUS19 e UFUS20.

Apresentou-se decréscimo no NTV apenas na primeira época para os genótipos UFUS5 e UFUS7. Dentro da primeira época, os melhores resultados de NTV foram obtidos por UFUS2, UFUS4, UFUS6, UFUS8, UFUS13, UFUS14, UFUS15, UFUS17, UFUS19, e UFUS22, já na segunda época, os melhores resultados foram expressos apenas por UFUS5 e UFUS22.

Ao se avaliar a análise de variância conjunta (Tabela6) foi possível observar que houve variabilidade genética entre os genótipos para os caracteres: NDM, APM, AIPV, NNT, NNR, NTV, NV1G, NV2G, NV3G, NSV, PGP e PROD, porém, ao se avaliar os ambientes, houve variabilidade genética apenas para os caracteres NDM, NNT, NNR e P100G. Ainda sobre a análise de variância conjunta, observa-se que houve variabilidade genética ao se avaliar genótipo x ambiente apenas para os caracteres: NDM, NNT, NTV, NV1G, e PROD.

Tabela – 6 Resumo da análise de variância conjunta de caracteres agrônômicos e produção de grãos de 22 genótipos de soja em duas épocas em Uberlândia, Minas Gerais.

FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS						
		NDM	APM	AIPV	NNT	NNR	NNP	NTV
B/A	4	12,63	174,62	4,46	9,20	4,43	35,72	329,70
Genótipos	21	733,86*	628,50*	52,56*	17,13*	8,72*	17,53 ^{ns}	1030,75*
Ambientes	1	8265,00*	1531,29 ^{ns}	332,63 ^{ns}	258,30*	87,98*	240,40 ^{ns}	2299,00 ^{ns}
G x A	21	94,58**	150,09 ^{ns}	22,50 ^{ns}	7,35*	2,67 ^{ns}	14,30 ^{ns}	324,50*
Erro	84	50,54	101,30	17,62	3,37	1,92	18,61	139,46
CV (%)		5,58	17,40	31,87	13,83	40,11	38,60	29,32
FV	GL	QUADRADOS MÉDIOS						
		NV1G	NV2G	NV3G	NSV	P100G	PGP	PROD
B/A	4	13,86	42,38	87,99	0,03	10,58	41,38	71662,15
Genótipos	21	72,80*	242,15*	143,90*	0,06*	19,82 ^{ns}	69,96*	71344,64*
Ambientes	1	122,84 ^{ns}	461,00 ^{ns}	263,42 ^{ns}	0,00 ^{ns}	458,72*	260,82 ^{ns}	436540,00 ^{ns}
G x A	21	42,45*	45,97 ^{ns}	42,86 ^{ns}	0,35 ^{ns}	10,61 ^{ns}	19,95 ^{ns}	27932,30*
Erro	84	12,11	29,33	37,26	0,24	14,11	18,58	11291,33
CV (%)		42,00	32,20	40,76	7,05	30,67	36,25	28,77

FV: fontes de variação; NDM: número de dias para maturação, APM: altura de planta na maturação, AIPV: altura de inserção da primeira vagem, NNT: número de nós totais, NNR: número de nós ramificados, NNP: número de nós produtivos, NTV: número total de vagens, NV1G: número de vagens com 1 grão, NV2G: número de vagens com 2 grãos, NV3G: número de vagens com 3 grãos, NSV: número de sementes por vagem, P100G: peso de 100 grãos, PGP: peso de grãos por planta, PROD: produtividade, ^{ns} não significativo, ** e *: significativo ao nível de 1% e 5% respectivamente pelo teste F.

Para realizar a seleção de genótipos superiores, os programas de melhoramento utilizam o método de índice de seleção. Assim, quando se tem vários atributos de interesse econômico, através dos índices, será possível obter uma maior eficiência dentro dos processos

de seleção de progênes (Teixeira et al., 2017). A Tabela 7 apresenta estimativas de ganho de seleção pela seleção direta e indireta das progênes em duas épocas de semeadura.

Tabela 7 - Estimativas de ganho de seleção obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em 22 genótipos de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG) em duas épocas de semeadura

Semeadura em março de 2023											
Caracteres	NDM	APM	NNT	NNR	NNP	NV1G	NV2G	NV3G	NVT	PGP	PROD
NDM	-13,91	-1,99	1,51	-32,66	-1,15	-28,8	-35,96	-32,66	-36,6	-30,18	-27,56
APM	1,72	19,78	9,71	5,64	5,19	11,81	2,15	14,02	10,4	6,36	-1,75
NNT	-5,35	15,41	12,24	-15,24	6,12	5,38	-14,79	-3,91	-6,81	-6,64	-6,04
NNR	11,00	3,54	-0,07	48,28	1,1	24,89	37,9	19,64	30,08	26,86	22,82
NNP	-0,74	11,12	10,79	5,64	7,25	26,26	12,99	8,8	15,68	6,89	10,97
NV1	-8,94	-7,42	-2,96	-26,49	-3,71	-39,36	-33,35	-23,84	-33,41	-25,66	-32,07
NV2	5,36	5,22	2,7	39,64	4,17	43,01	48,24	26,45	42,12	31,94	22,61
NV3	8,43	7,22	1,02	33,43	2,53	50,81	40,4	41,84	46,91	29,44	24,71
NVT	8,43	7,22	1,02	33,43	2,53	50,81	40,4	41,81	46,91	29,44	24,71
PGP	7,25	5,01	1,01	32,84	2,94	38,88	44,63	31,27	41,52	36,79	32,11
PROD	8,59	3,15	0,05	30,97	1,92	23,5	30,8	20,04	27,78	26,27	42,2

Semeadura em maio de 2023											
Caracteres	NDM	APM	AIPV	NNT	NNR	NV1G	NV2G	NV3G	NVT	NSV	PROD
NDM	-9,2	-10,54	-13,57	-10,0	-8,09	-27,01	-17,95	-2,3	-13,77	3,1	-30,58
APM	4,11	21,44	21,81	13,47	11,78	16,21	9,4	0,68	7,46	-1,98	17,91
AIPV	3,46	17,05	26,86	11,39	1,52	-9,75	-6,91	-4,47	-7,37	-0,04	7,24
NNT	3,76	16,11	20,43	17,24	6,48	32,3	10,4	4,1	12,94	-1,94	16,64
NNR	2,66	2,35	3,67	3,19	26,52	26,86	25,25	9,15	20,89	-1,21	1,33
NV1	-5,82	-11,75	-18,48	-11,56	-19,81	-46,77	-29,98	-7,16	-25,33	3,92	-25,44
NV2	2,12	0,6	-4,34	4,05	15,45	62,9	39,74	8,77	33,05	-3,8	6,68
NV3	5,41	3,58	-1,75	2,9	17,39	51,09	31,45	14,74	31,65	-1,78	12,1
NVT	3,16	1,87	-5,91	2,44	19,64	55,73	38,37	13,76	34,52	-2,48	6,53
NSV	-5,86	-11,6	-15,99	-9,07	-12,59	-38,45	-18,31	2,53	-12,84	5,12	-17,69
PROD	1,61	7,45	7,43	7,58	-6,49	10,78	5,57	-1,43	3,4	-2,43	27,63

Em destaque corresponde ao ganho de seleção direta do caractere. Abreviaturas: NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade, respectivamente; APV: Altura de inserção da primeira vagem; NNF e NNTM: número de nós no florescimento e na maturidade, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (g) por parcela.

Verificou-se que o ganho de seleção direto na primeira semeadura variou entre -39,36 e 48,28 para NV1G e NNR respectivamente, e apenas a seleção de NDM e NV1G apresentaram decréscimo no ganho de seleção direta. Foi possível constatar que houve seleção direta para todos os caracteres avaliados, exceto: AIPV, NSV, P100G. Selecionando diretamente a redução de NDM, ocorreu indiretamente a redução do ganho de seleção para todos os outros caracteres selecionados, exceto NNT: ao selecionar de forma direta APM, todos os outros caracteres selecionados indiretamente tiveram acréscimo no ganho de seleção, exceto PROD; selecionando de forma direta NNT, houve decréscimo no ganho de seleção para todos os caracteres, exceto APM, NNT, NV1G; selecionando-se diretamente NNR, apenas NNT apresentou decréscimo no ganho de seleção; selecionando NNP, todos os

caracteres obtiveram ganho de seleção, exceto NDM; selecionando o NV1, houve decréscimo de ganho de seleção apenas para NDM. Para a seleção dos demais caracteres NV2G, NV3G, NVT, PGP e PROD houve ganho de seleção indireta para todos os outros caracteres.

A respeito da segunda época de semeadura, verificou-se que houve ganho de seleção para todos os caracteres avaliados, exceto PGP, NNP e P100G, variando entre -46,77 e 39,74 para NV1 e NV2 respectivamente, e apenas NDM e NV1G apresentaram decréscimo no ganho de seleção direta. A seleção direta para NDM proporcionou decréscimo no ganho de seleção indireta para todos os caracteres, exceto NSV; a seleção direta para APM proporcionou decréscimo no ganho de seleção apenas para NSV; a seleção direta de AIPV proporcionou indiretamente acréscimo no ganho de seleção para NDM, APM, AIPV, NNT, NNR e PROD, e decréscimo para os demais caracteres: a seleção direta de NNT proporcionou indiretamente decréscimo no ganho de seleção apenas para NSV; a seleção direta para NNR proporcionou indiretamente decréscimo de ganho de seleção apenas para NSV; a seleção direta para NV1G proporcionou acréscimo no ganho de seleção apenas para NSV; a seleção direta para NV2G, NV3G e NVT proporcionaram decréscimo no ganho de seleção apenas para AIPV e NSV; a seleção direta para NSV proporcionou indiretamente ganho de seleção apenas para NV3; selecionando-se PROD houve indiretamente decréscimo no ganho de seleção para NNR, NV3 e NSV.

Através da seleção direta foi possível averiguar quais são as progênes que foram selecionadas de acordo com o caractere de interesse, é possível averiguar quais foram estas progênes na tabela 8.

Tabela 8 – Progênes selecionadas de forma direta através do ganho de seleção

Época 1		Época 2	
Caractere	Progênes	Caractere	Progênes
APM	8, 18, 12, 14, 19	NDM	1, 3, 9, 11, 13
NNT	1, 9, 12, 14, 19	APM	7, 8, 14, 18, 21
NNR	4, 8, 17, 21, 22	AIPV	12, 14, 18, 19, 21
NNP	1, 9, 14, 19, 22	NNT	5, 8, 14, 18, 19
NV1G	3, 5, 11, 16, 18	NNR	4, 13, 14, 17, 22
NV2G	2, 8, 13, 14, 22	NV1G	2, 3, 9, 11, 16
NV3G	2, 8, 14, 17, 22	NV2G	5, 8, 13, 17, 22
PGP	4, 13, 14, 17, 22	NV3G	5, 7, 17, 20, 22
NDM	1, 3, 9, 12, 16	PROD	6, 7, 8, 19, 20
PROD	4, 10, 17, 19, 22	NVT	5, 7, 13, 17, 22
NVT	2, 8, 14, 17, 22	NSV	1, 2, 9, 11, 15

Tendo em vista a necessidade de selecionar simultaneamente progênies mais precoces e produtivas, a seleção direta e indireta pode não resultar em resultados expressivos, pois este método seleciona apenas um caractere de cada vez, assim, a alternativa mais viável é aplicar os índices de seleção que selecionam de forma eficaz combinando vários caracteres (Rosado et al., 2012).

Os ganhos de seleção obtidos pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) e índice da distância genótipo-ideótipo estão expostos na Tabela 9.

Tabela 9 - Estimativas dos ganhos de seleção (GS%) para caracteres pela seleção pelo índice da soma de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) para progênies F₄ e F₅ de 4 populações segregantes RCF_{4,5} de soja conduzidas no município de Uberlândia (MG), em duas épocas de semeadura.

Caractere	Ganho de Seleção (%)	
	Semeadura Março	Semeadura Maio
NDM	7,46	4,95
APM	11,6	16,54
AIPV	-	18,72
NNT	6,81	11,74
NNRAM	42,11	14,03
NNPRO	5,71	-
NV1	41,4	12,72
NV2	40,39	8,58
NV3	31,41	10,61
NVT	40,69	13,06
PGP	28,77	-
NSV	-	0,22
PROD	26,37	19,91
Ganho total	282,27	146,8

O índice de seleção de “rank” apresentou na primeira época valores entre 5,71 e 42,11 para NNPRO e NNR respectivamente, valores diferentes dos valores apresentados pela seleção direta, levando em consideração NDM, o método de seleção por “rank” obteve valor mais alto em relação ao método de seleção direta, sendo -13,91 pelo método de seleção direta e 7,46 pelo método de “rank” levando o método de ranks a selecionar progênies mais tardias. Ao se avaliar o caráter PROD, a diferença entre ambas esteve bem distante, sendo 42,2 para o método de seleção direta e 26,37 pelo método de “rank”, levando a considerar que o método de ranks teve tendência ao selecionar progênies mais tardias e menos produtivas.

Na segunda época o índice de seleção de “rank” apresentou valores entre 0,22 e 19,91 para NDM e PROD respectivamente, valores diferentes dos valores apresentados pela seleção direta, levando em consideração NDM, o método de seleção por “rank” obteve valor mais baixo em relação ao método de seleção direta, sendo -9,2 pelo método de seleção direta e

4,95 pelo método de “ranks” levando o método de ranks a selecionar progênes mais tardias, ao se avaliar o caráter PROD, também observou-se diferença entre ambos os métodos, sendo 27,66 para o método de seleção direta e 19,91 pelo método de “rank”, levando a considerar que o método de “rank” teve tendência ao selecionar progênes menos produtivas na segunda época.

Na tabela 10 consta quais as progênes que foram selecionadas pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978).

Tabela 10 – Progênes selecionadas pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978)

Progênes	Épocas									
	1				2					
	4	8	14	19	22	7	6	14	17	18

Utilizando-se ainda a o índice de seleção direta e indireta, avaliou-se de forma conjunta entre as duas épocas de semeadura qual seria o ganho de seleção para quatro caracteres, sendo eles: NDM, NNT, NTV, PROD. Na tabela 11 consta o índice de seleção direta e indireta de forma conjunta.

Tabela 11- Seleção direta e indireta a partir da análise conjunta

Caractere	Análise direta e indireta conjunta			
	NNT	NDM	NTV	PROD
NNT	135,69	-4,8	168,24	147,16
NDM	-43,44	-19,18	-77,04	-70,51
NTV	108,24	-68,99	212,16	11,42
PROD	126,61	25,35	176,52	243,31

Avaliando-se o caractere NNT, é possível avaliar que houve acréscimo na seleção conjunta direta e também acréscimo no ganho de seleção indireto para NTV e PROD, porém houve decréscimo no ganho de seleção para NDM, a seleção direta conjunta para NDM proporcionou indiretamente decréscimo no ganho de seleção para NNT, NTV e PROD, já ao selecionar diretamente de forma conjunta NTV houve aumento no ganho de seleção para NNT e PROD e diminuição apenas para NDM, por fim, a seleção direta para PROD propiciou aumento no ganho de seleção para NNT, NDM e NTV.

Realizou-se também a seleção conjunta pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978) (Tabela 12), entre as duas épocas de semeadura, com o intuito de averiguar quais os ganhos de seleção para NNT, NDM, NTV e PROD e quais foram as progênes selecionadas de forma conjunta pelo mesmo método.

Tabela 12 – Seleção conjunta pelo método de “ranks” de Mulamba, Mock (1978)

Seleção pelo índice Soma de Ranks a partir da análise conjunta	
Caractere	GS
NNT	126,61
NDM	25,35
NTV	176,52
PROD	243,31

Foi possível averiguar que ao avaliar as duas épocas de semeadura levando em consideração os dois métodos de seleção, o método de seleção por “rank” selecionou progênies com menor ganho de seleção para NNT, NDM e NTV, no método de seleção direta o ganho de seleção para NNT foi de 135,69 enquanto o de “rank” foi de 126,61, ao se avaliar o NDM pelo método de seleção direta, este apresentou o valor de -19,18, enquanto o método de “rank” apresentou valor bem superior, sendo 25,35, e avaliando NTV, o método de seleção direta obteve o ganho de seleção de 212,16, enquanto o método de “rank” apresentou o valor de 176,52, porém o ganho de seleção permaneceu o mesmo para PROD nos dois métodos, sendo 243,31.

Houve ainda a seleção a partir da análise conjunta de progênies tanto no método de seleção direta e indireta e também pelo método de “rank” (Tabela 13).

Tabela 13 – Progênies selecionadas pela análise conjunta pelos métodos de rank e seleção direta e indireta.

Método	Caractere	Progênie
“Rank”	NNT, NDM, NTV, PROD	1, 8, 9, 16, 17
Seleção direta e indireta	NNT	1, 9, 14, 16, 17
	NDM	3, 5, 13, 19, 21
	NTV	1, 2, 9, 17, 18
	PROD	1, 8, 9, 16, 17

4 CONCLUSÕES

Constatou que a herdabilidade apresentou alta relevância, acima de 70% para os caracteres: NDM, NTV, NV2G e 90% para PROD;

A relação CV_g/CV_e foi favorável para seleção dos caracteres NDM, APM, NV2G e PROD nas 22 progênies de soja analisadas;

Na primeira época de semeadura, na seleção direta em relação ao caractere PROD, todas os outros caracteres apresentaram estimativas de ganho de seleção positivo;

Na segunda época de semeadura, na seleção direta em relação ao caractere PROD, todas os outros caracteres apresentaram estimativas de ganho de seleção positivo, exceto (NNR, NSV e NV3) ou seja, os que estão relacionados com a produtividade das progênies avaliadas;

A seleção direta conjunta apresentou diretamente decréscimo nos ganhos genéticos para NDM e decréscimo indiretamente para NNT, NTV e PROD, diretamente acréscimo para NNT, e indiretamente acréscimo para NTV e PROD e decréscimo para NDM, diretamente acréscimo para NTV e indiretamente decréscimo para NDM e indiretamente acréscimo para NNT e PROD, diretamente acréscimo para PROD e indiretamente acréscimo para NDM, NVT e NNT;

O índice de seleção por “rank” proporcionou ganhos de seleção positivo para todos os caracteres avaliados nas duas épocas de semeadura, exceto AIPV e NSV na primeira época e NNPRO e PGP na segunda época;

O método de seleção conjunta por “rank” proporcionou ganhos de seleção para NDM, NNT, NTV e PROD.

REFERÊNCIAS

- ANDERSON, E.J.; ALI, M.L.; BEAVIS, W.D.; CHEN, P.; TILMON, K.J. Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] **Breeding: History, Improvement, Production and Future Opportunities**, [s.l.], pp. 431–516. Cham: Springer, 2019. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-030-23400-3_12. Acesso em: 18 de maio. 2024.
- ASHWORTH, A. J.; OWENS, P. R.; ALLEN, F. L. Long-term cropping systems management influences soil strength and nutrient cycling. **Geoderma**, [s.l.], v. 361, p. 114062, 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0016706119314430?via%3Dihub>. Acesso em: 20 maio. 2023.
<https://doi.org/10.1016/j.geoderma.2019.114062>.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Fatores genéticos relacionados com a herança em populações de plantas autógamas. **Revista de Ciências Agroveterinárias**, Lages, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <https://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632>. Acesso em: 27 de maio. 2024.
- BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; SOARES, I. O.; RIBEIRO, F. O.; GESTEIRA, G. S. Heritability and the genotype×environment interaction in soybean. **Agrosystems, Geosciences & Environment**, [s.l.], v. 3, e20020, 2019.
Disponível em: 89 89 <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/agg2.20020>. Acesso em: 29 de maio. 2023.
- CARNEIRO, A. R. T.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, A. F. E.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Selection strategies in agronomic characters in progenies F3:4 of transgenic soy RR. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 45, e012421, 2021.
Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/gZFskhbd67gkfZXtBGcJr3t/?lang=en>. Acesso em: 19 de maio. 2024
<https://doi.org/10.1590/1413-7054202145012421>
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p
- FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva, M. A. e Silva, J. C. Viçosa: Imprensa Universitária, p. 279, 1987.
- FERREIRA, P. V. **Estatística experimental aplicada às ciências agrárias**. Viçosa, MG; Editora UFV, 2018. 588 p
- GESTEIRA, G. S.; BRUZI, A. T.; ZITO, R. K.; FRONZA, V.; ARANTES, N. E. Selection of Early Soybean Inbred Lines Using Multiple Indices. **Crop Science**, Madison, v. 58, n. 6, p. 2494-2502, 2018.
Disponível em: <https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2018.05.0295>. Acesso em: 24 maio. 2024
<https://doi.org/10.2135/cropsci2018.05.0295>
- HAMAWAKI, O. T.; DE SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; JÚNIOR, C. D. S.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.
Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 28 de maio 2024

HARTMAN, G. L.; SIKORA, E. J.; RUPE, J. C. Rust. In: HARTMAN, G. L.; RUPE, J. C.; G. L.; SIKORA, E. J.; DOMIER, L. L.; DAVIS, J. A.; STEFFEY, K. L. **Compendium of soybean diseases and Pests**. 5 ed. Saint Paul: APS Press, 2015. p. 56-59
<https://doi.org/10.1094/9780890544754>

KÖPPEN, W. **Das geographische System der Klimate**. Gebr: Borntraeger, 1936. 44 p

LEITE, W. D. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. de. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, [s.l.], v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/nativa/article/view/2303>. Acesso em: 30 de maio. 2024.
<https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; DE ALCANTARA NETO, F.; DE OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Genetic parameters estimation, correlations and selection indexes for six agronomic traits in soybean lines F8. **Comunicata Scientiae**, [s.l.], v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/1176>. Acesso em: 30 de maio. 2023.
<https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LEITE, W. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; SILVA, F. M.; SILVA, A. J.; DI MAURO, A. O. Identification of superior genotypes and soybean traits by multivariate analysis and selection index. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 49, n. 3, p. 491-500, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/xTq3J59Skz7kDBFv6s4cRMz/?lang=en>. Acesso em: 15 maio. 2024
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20180056>

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

MACHADO, B.Q.V.; NOGUEIRA, A.P.O.; HAMAWAKI, O.T.; JORGE, G.L.; REZENDE, G.F.; GLASENAPP, J.S.; HAMAWAKI, R.L.; HAMAWAKI, C.D.L. 91 91 Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal** [online], vol. 33, no. 6, 2017. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/37240>. Acesso em: maio. 2023.

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

PETRUCCI, E.; OLIVEIRA, L. A. Relações entre intensidade, duração e frequência das precipitações máximas de 24 horas e equação de chuvas intensas para a cidade de UberlândiaMG. **Revista Brasileira de Climatologia**, Dourados, n. 15, v. 25, p. 337-354, 2019. Disponível em: <https://revistas.ufpr.br/revistaabclima/article/view/57767/39230>. Acesso em 28 de maio. 2024.
<https://doi.org/10.5380/abclima.v25i0.57767>

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

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/KmpTGhgpXVNFL7nZn3LgGct/?lang=en>. Acesso em: 01 jun. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>

SANTOS, M. F.; MÖLLER, M.; CLOUGH, S. T.; PINHEIRO, J. B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in an F2:3 soybean population derived from IAC-100. *Journal of Crop Improvement*, [s.l.], v. 32, n. 1, p. 1-18, 2018.

Disponível

em:

<https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2017.1370404?journalCode=w> cim20.

Acesso em: 30 de maio. 2023.

<https://doi.org/10.1080/15427528.2017.1370404>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C. R.; PEREIRA, P. R.; CAPONE, A., BARROS, H. B. Parâmetros genéticos e avaliação agrônômica em progênies F2 de soja no Distrito Federal, Brasil. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, [s.l.], v. 14, n.1, e5625, 2019. 92-92

Disponível em: <http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: 29 de maio. 2023.

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

SILVA, F. C.; PEREIRA, H. S.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C. Selection of parents and segregating populations of common bean with high agronomic potential and slow seed-coat darkening. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, Goiânia, v.48, n.1, p.75-82, 2018.

Disponível: <https://www.scielo.br/j/pat/a/QsdjvYmJsL6CDYdPfws6VcC/?lang=en>. Acesso em: 28 de maio. 2024.

<https://doi.org/10.1590/1983-40632018v4849519>

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

Acesso em: 30 de maio. 2023.

<https://doi.org/10.1002/agj2.20692>

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

Acesso em: 29 de maio. 2024

<https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n4a59>

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal –SP, Ano agrícola 2003-2004. *Científica*, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 92-98, 2006. Disponível em: <https://cientifica.dracena.unesp.br/index.php/cientifica/article/view/33>. Acesso em: 30 maio. 2023.

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

30 maio. 2023.

<https://doi.org/10.1088/1755-1315/197/1/012041>

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of Precocity and of Agronomic Characters in Soybean. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, p. 1-16, 2017. Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/articles/year2017/vol16-4/pdf/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: 01 de abril 2023.
<https://doi.org/10.4238/gmr16039842>

ZHANG, M.; LIU, S.; WANG, Z.; YUAN, Y.; ZHANG, Z.; LIANG, Q.; YANG, X.; DUAN, Z.; LIU, Y. KONG, F.; LIU, B.; TIAN, Z. Progress in soybean functional genomics over the past decade. **Plant Biotechnology Journal**, [s.l.], 2022. DOI: 10.1111/pbi.13682. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13682>. Acesso em: 27 de maio. 2024.