

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

CAROLINA OLIVEIRA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉLICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE
GRÃOS E PRECOCIDADE**

UBERLÂNDIA

2024

CAROLINA OLIVEIRA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉLICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE
GRÃOS E PRECOCIDADE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em
Agronomia do Instituto de Ciências Agrárias da
Universidade Federal de Uberlândia como requisito para
obtenção do título de Doutor em Produção Vegetal.

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.

- S586a
2024
- Silva, Carolina Oliveira da, 1984-
Análise dialética, estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos e seleção de genótipos de soja para produção de grãos e precocidade [recurso eletrônico] / Carolina Oliveira da Silva. - 2024.
- Orientador: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki.
Coorientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Uberlândia, Programa de Pós-graduação em Agronomia.
Modo de acesso: Internet.
Disponível em: <http://doi.org/10.14393/ufu.te.2025.5015>
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

CAROLINA OLIVEIRA DA SILVA

**ANÁLISE DIALÉLICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E
FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA PRODUÇÃO DE
GRÃOS E PRECOCIDADE**

Tese apresentada ao Programa de Pós-graduação em Agronomia
do Instituto de Ciências Agrárias da Universidade Federal de
Uberlândia como requisito para obtenção do título de Doutor em
Produção Vegetal.

Uberlândia, 08 de outubro de 2024

Banca examinadora:

Profª. Dra. Larissa Barbosa de Sousa
Profª. Dra. Polianna Alves Silva Dias
Prof. Dr. Wanderlei Dias Guerra
Prof. Dr. Demerson Sanglard

UFU
IFGOIANO
APROSOJA
UFMG



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:	Tese 013/2024, PPGAGRO				
Data:	Oito de outubro de dois mil e vinte e Quatro	Hora de início:	09:00	Hora de encerramento:	12:34
Matrícula do Discente:	12013AGR006				
Nome do Discente:	Carolina Oliveira da Silva				
Título do Trabalho:	ANÁLISE DIALÉTICA, ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS E SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PARA GANHOS DE PRODUTIVIDADE E PRECOCIDADE				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de plantas				

Reuniu-se no auditório 4G, Campus Umuarama, da Universidade Federal de Uberlândia, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Larissa Barbosa de Sousa - UFU; Polianna Alves Silva Dias - IFGoiano; Wanderlei Dias Guerra - Fundação MT; Demerson Arruda Sanglard - UFMG; Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU orientador da candidata.

Iniciando os trabalhos o presidente da mesa, Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki - UFU, apresentou a Comissão Examinadora e a candidata, agradeceu a presença do público, e concedeu à discente a palavra para a exposição do seu trabalho. A duração da apresentação da 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 a candidata. Ultimada a arguição, que se desenvolveu dentro dos termos regimentais, a Banca, em sessão secreta, atribuiu o resultado final, considerando a candidata:

Aprovado.

Essa tese possui mérito para ser indicada como destaque do Programa? (x) SIM NÃO ()

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

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

interna da UFU.

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



Documento assinado eletronicamente por **Oswaldo Toshiyuki Hamawaki, Usuário Externo**, em 08/10/2024, às 12:40, 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 08/10/2024, às 12:40, 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 **Polianna Alves Silva Dias, Usuário Externo**, em 08/10/2024, às 12:41, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Demerson Arruda Sanglard, Usuário Externo**, em 09/10/2024, às 13:20, 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 **Wanderlei Guerra, Usuário Externo**, em 09/10/2024, às 14:03, 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 **5762744** e o código CRC **97240261**.

AGRADECIMENTOS

A Deus, por sempre abençoar meus caminhos e colocar pessoas maravilhosas em minha vida, que me apoiam e ajudam na minha jornada.

À minha mãe, que sempre me incentivou nos estudos e mostrou a importância de seguir em frente, mesmo diante das dificuldades. Ao meu pai, pelo apoio e compreensão. À minha irmã Priscila, pelos conselhos, pela ajuda e por sempre me mostrar que era possível. Também sou grata à minha irmã Tércia, que, mesmo distante, sempre foi um exemplo de determinação.

Aos amigos que fiz durante o período de pós-graduação, que me ajudaram, ensinaram e aconselharam, especialmente Josef, Borges, Kátia, Michelle, Arthur, Giulyana, Matheus, Fábio e Rafael (agregado).

Ao Programa de Melhoramento Genético da Soja, pela disponibilização de todo o material genético e infraestrutura necessários à execução dos meus experimentos.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, pela confiança e pela parceria construída ao longo desses seis anos de trabalho (Mestrado e Doutorado), sendo ele um dos responsáveis pelas minhas conquistas profissionais.

À minha coorientadora, Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira, pela amizade, pela ajuda, pela dedicação e por todos os ensinamentos transmitidos.

Aos membros da Banca Examinadora, por aceitarem o convite para avaliar esta tese.

À Universidade Federal de Uberlândia – UFU, por me proporcionar a oportunidade de acesso a um dos melhores cursos de pós-graduação do Brasil.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pelo apoio financeiro, que foi essencial para meus estudos.

E a todos os demais que não foram mencionados, mas que, de forma direta ou indireta, contribuíram para a realização deste trabalho e para minha formação profissional.

Muito obrigada!

*"Educação não transforma o mundo. Educação muda
pessoas. Pessoas transformam o mundo."*

(Freire, 1987)

RESUMO GERAL

O estudo da herança de caracteres agronômicos e a seleção dos métodos mais eficazes, são fundamentais nos programas de melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares de soja. Esta tese foi subdividida em dois capítulos: o primeiro teve como objetivo obter estimativas da capacidade geral e específica de combinação de seis genitores de soja por meio do dialelo parcial, visando identificar os genótipos mais promissores para caracteres agronômicos e as melhores combinações para o desenvolvimento de linhagens superiores. Foram analisadas quinze combinações híbridas, sem recíprocos, e seis genitores (UFUS7101, UFUS8401, UFUS7201, UFUS 7910, UFUS7010 e BRS511) por meio do dialelo parcial proposto por Geraldi e Miranda Filho (1988). Pôde-se concluir que os genitores BRS511 e UFUS7010 se destacaram quanto à precocidade, e o genitor UFUS8401, quanto ao potencial produtivo. A combinação UFUS7101 x UFUS8401 mostrou-se promissora para a obtenção de populações precoces com alto potencial produtivo. O segundo capítulo teve como objetivo analisar a herança de caracteres agronômicos nas gerações segregantes F_2 e $F_{2:3}$ e seus genitores, SYN1163RR e UFUS7415. Os caracteres agronômicos avaliados foram: número de dias para florescimento, altura da planta no florescimento, número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de nós totais, número de nós produtivos, número de nós ramificados, número de vagens com 1, 2 e 3 grãos, número total de vagens, produção de grãos por planta e produção de grãos por fileira. As estimativas de herdabilidade e do número mínimo de genes confirmam a natureza quantitativa dos caracteres agronômicos, principalmente para a produção de grãos por planta na geração F_2 . Além disso, constatou-se a presença de indivíduos transgressivos para a maioria dos caracteres avaliados, o que possibilitou a seleção de indivíduos superiores. Na geração $F_{2:3}$, obteve-se a formação de grupos distintos de médias para os caracteres estudados, com alto ganho de seleção para ambos os índices utilizados, quais sejam, a distância genótipo-ideótipo e a soma de "ranks" de Mulamba & Mock (1978).

Palavras-chave: capacidade combinatória; índices de seleção; parâmetros genéticos; potencial produtivo; precocidade.

GENERAL ABSTRACT

The study of the inheritance of agronomic traits and the selection of the most effective methods are fundamental in breeding programs for the development of new soybean cultivars. This thesis was subdivided into two chapters. The first aimed to estimate the general and specific combining abilities of six soybean parents through a partial diallel, with the goal of identifying the most promising genotypes for agronomic traits and the best combinations for developing superior lines. Fifteen hybrid combinations, without reciprocals, and six parents (UFUS7101, UFUS8401, UFUS7201, UFUS7910, UFUS 7010, and BRS511) were analyzed through the partial diallel proposed by Geraldi and Miranda Filho (1988). From the diallel analysis, it can be concluded that the parents BRS 511 and UFUS7010 stood out in terms of earliness, and the parent UFUS8401 for its yield potential. The combination UFUS7101 x UFUS8401 proved to be promising for obtaining early populations with high yield potential. The second chapter aimed to analyze the inheritance of agronomic traits in the segregating F_2 and $F_{2:3}$ generations and their parents, SYN1163 RR and UFUS7415. The agronomic traits evaluated were: number of days to flowering, plant height at flowering, number of days to maturity, plant height at maturity, first pod height, total number of nodes, number of productive nodes, number of branched nodes, number of pods with 1, 2, and 3 seeds, total number of pods, grain yield per plant, and grain yield per row. The estimates of heritability and minimum number of genes evidenced the quantitative nature of the agronomic traits, particularly for grain yield per plant in the F_2 generation. Furthermore, the presence of transgressive individuals for most of the traits evaluated was observed, enabling the selection of superior individuals. In the $F_{2:3}$ generation, distinct groups of means for the studied traits were formed, and there was a high selection gain for both selection indices used: the Genotype-Ideotype distance and the sum of ranks by Mulamba & Mock (1978).

Keywords: combining capacity; selection indexes; genetic parameters; productive potential; precocity.

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO GERAL	11
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	11
2.1 Importância econômica da soja.....	11
2.2 Aspectos botânicos da soja [(<i>Glycine max</i> (L.) Merrill)].....	12
2.3 Melhoramento genético em soja	13
2.4 Análise dialélica	14
2.5 Parâmetros genéticos.....	15
2.6 Índices de seleção.....	17
3 OBJETIVO GERAL	17
4 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	18
REFERÊNCIAS.....	19
CAPÍTULO I: CAPACIDADE COMBINATÓRIA ESTIMADA ENTRE GENITORES DE SOJA EM POPULAÇÕES F ₁	15
RESUMO	15
CHAPTER 1: COMBINING ABILITY AMONG SOYBEAN PARENTS IN F ₁ POPULATIONS	16
ABSTRACT.....	16
1 INTRODUÇÃO	17
2 MATERIAL E MÉTODOS	18
2.1 Local de instalação do experimento	18
2.2 Dialelo balanceado com progenitores e sem recíprocos	20
2.2.1 Delineamento experimental.....	20
2.2.2 Caracteres avaliados.....	20
2.2.3 Análise estatística	21
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	23
3.1 Análise de variância e herdabilidade.....	23
3.2 Capacidade geral e específica de combinação de genitores	26
3.3 Agrupamento de médias fenotípicas	30
4 CONCLUSÕES.....	33
REFERÊNCIAS.....	35
CAPÍTULO II: ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA	

PRODUÇÃO DE GRÃOS E PRECOCIDADE NAS GERAÇÕES F ₂ E F _{2:3} DE	
SOJA	40
RESUMO	40
CHAPTER II: ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR GRAIN	
PRODUCTION AND PRECOCITY IN THE F ₂ AND F _{2:3} GENERATIONS OF	
SOYBEAN.....	42
ABSTRACT	42
1INTRODUÇÃO	43
2 MATERIAL E MÉTODOS	43
2.1 Local do experimento.....	43
2.2 Escolha dos genitores, obtenção de sementes híbridas e da população segregante F ₂	
.....	43
2.3 Implantação e condução da população F ₂	45
2.4 Obtenção e condução da geração F _{2:3}	45
2.5 Caracteres avaliados nas gerações F ₂ e F _{2:3}	46
2.6 Análise genético-estatística para geração F ₂	48
2.7 Análise genético-estatística para a geração F _{2:3}	49
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO	53
3.1 Parâmetros fenotípicos e genéticos em população F ₂ de soja	53
3.2 Parâmetros fenotípicos e genéticos em população F _{2:3} de soja	64
4 CONCLUSÕES.....	69
REFERÊNCIAS.....	71

1 INTRODUÇÃO GERAL

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] destaca-se entre diversas espécies de leguminosas devido a sua notável presença no mercado global. Sua alta produção e consumo a posiciona como o quarto grão mais importante no cenário mundial, sendo precedida apenas do milho, trigo e arroz em termos de volume de oferta e demanda (Jandong; Uguru; Okechukwu, 2020).

O aumento na produção mundial de grãos é amplamente atribuído aos programas de melhoramento genético, apoiados por pesquisas de instituições de ensino e empresas públicas e privadas (Maranna *et al.*, 2021). O desenvolvimento de novas cultivares de soja enfrenta inúmeros desafios, principalmente devido à natureza quantitativa dos caracteres agrônômicos, que são fortemente influenciados pelo ambiente, como a produção de grãos e a resistência a algumas doenças (Xiong *et al.*, 2018).

O processo de melhoramento genético é composto por diversas etapas, incluindo a escolha de genitores com características superiores e distintas, hibridações, avanço de gerações e seleção de indivíduos superiores, com base em estimativas de parâmetros genéticos e índices de seleção (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021). Por fim, testes preliminares, intermediários e finais, resultam no desenvolvimento de cultivares com caracteres desejáveis, como resistência a pragas e doenças, precocidade, alta adaptabilidade, estabilidade e elevada produção de grãos (Bhering *et al.*, 2017; Diniz *et al.*, 2014).

Para a obtenção de uma nova cultivar utilizam-se diversas metodologias, dialelos, cruzamentos duplos, triplos e complexos, seguidos de estudos de gerações e testes de progênies, com o objetivo de estimar variâncias genéticas, ganhos de seleção e herdabilidade de características específicas (Miller; Song; Li, 2023). Assim, o escopo do presente estudo foi estimar as capacidades geral e específica de combinação de seis genitores de soja, por meio de um dialelo parcial em geração F₁, além de estimar parâmetros genéticos e realizar a seleção de progênies F₂ e F_{2:3}, fazendo uso de diferentes métodos.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Importância econômica da soja

A economia brasileira é marcada por sua diversificação, abrangendo áreas como indústria, serviços, infraestrutura, mineração e o agronegócio, que geram empregos e

impulsionam o sistema econômico. Em 2024, o agronegócio representou 10,0% do produto interno bruto (PIB), a indústria 20,0% do PIB, enquanto o setor de serviços se destacou com uma participação de 68,9% (IBGE, 2024).

No agronegócio, a soja [*Glycine max* (L.) Merrill], apresenta grande importância socioeconômica devido a geração de empregos, receita e por ser uma das mais importantes fontes de proteína e óleo vegetal do mundo. Seus grãos contêm aproximadamente 40% de proteína e 20% de óleo (Sediyama; Silva; Borém, 2015; Sobko *et al.*, 2020). A soja é comercializada sob a forma de grãos, farelo e óleo, podendo ser utilizada para alimentação humana e animal, na indústria química e como biocombustível (Mishra *et al.*, 2024).

A produção mundial desta *commodity* deve atingir na safra 2023/24 mais de 390,0 milhões de toneladas, sendo o Brasil o maior produtor mundial com estimativa de produção de 153,0 milhões de toneladas na safra 23/24, seguido dos Estados Unidos com cerca de 113 milhões de toneladas (CONAB, 2024). O Brasil se tornou o principal produtor e exportador de soja devido a décadas de investimentos em pesquisas, estradas e infraestrutura, financiado por instituições públicas e privadas. Somado a isso, as condições edafoclimáticas ideais e alta disponibilidade de terras (Lima *et al.*, 2019; Piras; Wesz Júnior; Ghinoi, 2021).

Outrossim, os avanços tecnológicos, tais como: a soja transgênica, que possibilitou o controle de pragas e de plantas infestantes; a implantação do zoneamento agroclimático; a adoção da agricultura de precisão pelos agricultores mais avançados; a adoção massiva do sistema de plantio direto e dentre outras conquistas, possibilitaram o crescimento da cultura da soja no Brasil (Cattelan; Dall'agnol, 2018). Além do atual sucesso da soja brasileira que pode ser atribuído, em grande medida, ao melhoramento genético da cultura, permitindo a expansão da soja para regiões de baixa latitude, isto é, do Sul para o Norte do país, bem como resistência a doenças, pragas e condições ambientais (Silva *et al.*, 2024).

2.2 Aspectos botânicos da soja [(*Glycine max* (L.) Merrill)]

A soja, pertencente à família Fabaceae do gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill, é uma planta diploide ($2n=40x=40$) que apresenta cleistogamia, ou seja, a polinização e fecundação da flor ocorrem antes de sua antese (Sediyama; Oliveira; Sediyama, 2016).

O fruto da soja, originado do ovário completamente desenvolvido, é categorizado como vagem ou legume, podendo conter de uma a cinco sementes. Ao longo do processo de maturação, a coloração da vagem varia de verde para tons de amarelo-pálido, marrom-claro,

marrom ou cinza. As variedades nacionais geralmente produzem em média de 30 a 80 vagens por planta, embora em condições ideais de cultivo esse número possa chegar em até 400 vagens por planta (Sediyama, 2016). Quanto à pubescência das vagens e da haste, a coloração pode ser cinza ou marrom (Matsuo *et al.*, 2015).

As folhas cotiledonares armazenam nutrientes destinados a nutrir a plântula nos estádios iniciais de desenvolvimento. Após a deiscência das cotiledonares surge um par de folhas unifolioladas acima do nó cotiledonar. Posteriormente, desenvolvem-se as folhas trifolioladas, que apresentam filotaxia alterna e são compostas por três folíolos (Matsuo; Ferreira; Sediyama, 2015; Nogueira *et al.*, 2009).

O sistema radicular é composto por uma raiz principal axial e um extenso número de raízes secundárias, configurando-se como um sistema difuso (Sediyama *et al.*, 1985). A soja possui a capacidade de produzir proteína de alta qualidade sem a necessidade de aplicação de adubos nitrogenados, devido ao processo natural de fixação biológica de nitrogênio (N₂), que ocorre através da simbiose com as bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii* (Sediyama; Oliveira; Sediyama, 2016).

A altura da planta pode variar significativamente, entre 30 e 200 cm, o que pode afetar diversos aspectos, incluindo a quantidade de ramificações (Nogueira *et al.*, 2013). No entanto, as cultivares comerciais brasileiras geralmente apresentam uma altura que varia de 50 a 90 cm (Bezerra *et al.*, 2015). A altura em que a primeira vagem se desenvolve varia entre 10 e 20 cm. O tipo de crescimento da soja pode ser classificado como determinado, semideterminado ou indeterminado (Shilpashree *et al.*, 2021).

A soja é classificada como uma planta de dias curtos. A indução floral ocorre quando a quantidade de horas de luz é menor ou igual ao fotoperíodo crítico específico de cada cultivar. Esse processo de indução floral transforma os meristemas vegetativos em meristemas reprodutivos, influenciando diretamente o número de nós e, consequentemente, afetando o potencial de rendimento da planta (Silva *et al.*, 2016). O grupo de maturidade é categorizado de 000 a X mundialmente, enquanto no Brasil varia de V a X (Feliceti *et al.*, 2020).

2.3 Melhoramento genético em soja

As pesquisas conduzidas nos programas de melhoramento genético da soja viabilizam a obtenção de cultivares superiores de maneira sustentável e ecologicamente equilibrada. Os principais objetivos das instituições de pesquisa são: a criação de linhagens com ciclos mais

precoces, alta produção de grãos, resistência a doenças e estabilidade e adaptação otimizadas a diversas condições de cultivo (Hamawaki *et al.*, 2012; Ribeiro; Toledo; Ramalho, 2009; Todeschini, 2018).

No processo de melhoramento genético, as características identificadas podem ser categorizadas da seguinte forma: qualitativas, quando a herança é determinada por alelos em um único locus ou em poucos loci; e quantitativas, em que a herança é regulada por vários genes e é mais fortemente influenciada pelo ambiente. Dentre essas características, as de natureza quantitativa, como produtividade e quantidade de grãos por vagem, são particularmente valorizadas do ponto de vista comercial (Miladinovic *et al.*, 2011; Silva *et al.*, 2017).

Todeschini (2018) calculou o avanço genético obtido por meio de programas de melhoramento para a produtividade de grãos nas cultivares lançadas entre 1965 e 2011. O estudo constatou que, em média, houve um incremento de 40,06 kg ha⁻¹ ano⁻¹, equivalente a um aumento anual de 2,40% na produtividade. Esses resultados destacam a contribuição do melhoramento genético para o aumento da produção de soja ao longo do tempo. Outras pesquisas envolvendo o ciclo, têm documentado mudanças em características fenológicas, indicando que cultivares modernas demonstraram uma diminuição no período vegetativo (De Felipe; Gerde; Rotundo, 2016; Rowntree *et al.*, 2014; Wu *et al.*, 2015) e no ciclo total em comparação com as cultivares mais antigas (Cober; Voldeng, 2012; Liu *et al.*, 2012; Ustun; Allen; English, 2001).

2.4 Análise dialélica

Uma das abordagens mais eficazes e frequentemente utilizadas em programas de melhoramento genético é a análise dialélica. Esta proporciona estimativas de parâmetros importantes para a seleção de genitores destinados à obtenção de populações de melhoramento úteis, além de ajudar no entendimento da atuação dos genes relacionados à determinação das características (Otusanya *et al.*, 2022).

A aplicação da análise dialélica na geração F₁ tem sido utilizada no melhoramento de várias culturas, entre elas a soja (Rocha; Pereira; Vello, 2018). Os critérios fundamentais na seleção dos genitores incluem a adaptabilidade, o desempenho em relação às características agrônômicas de interesse e a capacidade combinatória (Bhering; Peixoto; Cruz, 2017). O método da capacidade combinatória é um dos principais enfoques utilizados, oferecendo a vantagem de gerar progênies com alto potencial, mesmo quando se utilizam genitores de

desempenho mediano. Além disso, esse método possibilita uma compreensão mais aprofundada da ação genética envolvida na herança das características (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

No método de estimativa de capacidade combinatória, por meio dos cruzamentos dialélicos, é possível compreender o comportamento intrínseco dos genitores por meio de dois componentes de combinação: a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021; Nardino *et al.*, 2020; Teodoro *et al.*, 2019).

A CGC de um genitor, indica em que medida ele se diferencia da média geral da população dialélica. Valores mais altos ou mais baixos da CGC, sejam positivos ou negativos, sinalizam uma maior disparidade em comparação com os outros genitores. Por outro lado, a CEC revela situações em que determinadas combinações híbridas apresentam desempenho superior ou inferior ao esperado, com base na média de desempenho dos genitores que compõem o híbrido em questão. Assim, a CEC reflete a complementaridade entre os genótipos em relação às frequências dos alelos nos loci que exibem dominância (Pinto, 2009).

Diversas pesquisas foram conduzidas com o propósito de avaliar a capacidade combinatória de genótipos de soja, com o objetivo de estabelecer estratégias eficazes na seleção de indivíduos superiores. Entre esses estudos, destacam-se aqueles voltados para a obtenção de linhagens superiores em termos de produção de grãos (Daronch *et al.*, 2014), teor de óleo e proteína (Del Conte, 2017), e resistência à ferrugem asiática (Pereira *et al.*, 2018). Contudo, a necessidade de novos cultivares-elite de soja é constante, e os programas de melhoramento precisam ser dinâmicos para superar os atuais padrões de produtividade e desempenho exigidos pelo mercado.

2.5 Estimativas de parâmetros genéticos

Com o intuito de selecionar características agronomicamente relevantes, a estimativa de parâmetros genotípicos e fenotípicos tem sido amplamente empregada (Follmann *et al.*, 2019; Kumari *et al.*, 2022; Leite *et al.*, 2016). Silva *et al.* (2018) realizaram estimativas e comparações de parâmetros genotípicos para analisar diferentes métodos e estratégias de seleção em um estudo com 20 populações de soja. As avaliações dos parâmetros genéticos desempenham um papel crucial na tomada de decisões, bem como na previsão do sucesso e da viabilidade das estratégias de seleção. Tais estimativas podem ser calculadas em várias fases de um programa

de melhoramento, desde as primeiras gerações em populações segregantes até as etapas mais avançadas na seleção de linhagens (Baldissera *et al.*, 2014; Hamawaki *et al.*, 2012).

Os parâmetros mais utilizados, que fornecem informações valiosas para a seleção de genótipos superiores, incluem os componentes de variância, herdabilidade e número de genes. A avaliação das variâncias dos caracteres em uma população é realizada de forma detalhada por meio de componentes específicos de variância. Esses componentes compreendem a variância fenotípica (VF), a variância genotípica (VG) e a variância ambiental (VE). Vale destacar que o enfoque recai sobre a VG, que representa a herança genética. A VF resulta da soma entre os efeitos genéticos e ambientais, possibilitando a previsão dos ganhos de seleção e a definição das estratégias a serem adotadas no melhoramento de plantas (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

Um dos parâmetros genéticos mais importantes é a herdabilidade (h^2), pois identifica a proporção da variância fenotípica que possui causas genéticas. Em populações segregantes, a herdabilidade pode ser calculada de duas maneiras: no sentido amplo, que considera a razão entre as variâncias genéticas e fenotípicas; ou no sentido restrito, que avalia a razão entre a variância aditiva e a variância fenotípica (Hamawaki *et al.*, 2012).

Andrade *et al.* (2016) examinaram o ganho genético devido à seleção utilizando modelos mistos e abordagens multivariadas. O estudo de Liu *et al.* (2019) demonstrou o impacto da interação genótipo x ambiente (GxE) no peso da soja, enquanto Soares *et al.* (2020) concluíram que as estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos são cruciais nos programas de seleção recorrente de soja.

O controle de um caráter pode ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica (Lobo; Giordano; Lopes, 2005), que permite prever o tamanho da população necessária para recuperar determinado genótipo. Quanto maior o número de genes envolvidos, maior será o número de combinações genotípicas possíveis em uma população, e maior será o número de gerações necessárias para atingir a homozigose (Baldissera *et al.*, 2014).

Diversas pesquisas foram realizadas nas primeiras gerações provenientes de autofecundação de linhagens de soja, com o intuito de estimar parâmetros genéticos como a herdabilidade, as correlações genotípicas e fenotípicas. Essas avaliações foram conduzidas em diferentes localidades, conforme evidenciado nos estudos de Bologna *et al.* (2014), Charnai *et al.* (2014), Malek *et al.* (2014), Bizari *et al.* (2017) e Follmann *et al.* (2017).

2.6 Índices de seleção

A seleção direta baseada em um ou poucos caracteres, pode resultar em alterações desfavoráveis em outros, devido à presença de correlações negativas entre eles. Como os programas de melhoramento buscam desenvolver cultivares superiores, é necessário que todas, ou a maioria das plantas, apresentem características agronômicas favoráveis. Assim, os índices de seleção tornam-se uma opção eficiente para selecionar genótipos que apresentem, simultaneamente, um conjunto de características-alvo do melhoramento (Cruz; Regazzi, 1997; Rezende *et al.*, 2014).

Na cultura da soja, diversos índices de seleção são utilizados, oferecendo diferentes alternativas e percentuais de ganhos genéticos (Bizari *et al.*, 2017; Rezende *et al.*, 2014). A predição dos ganhos permite aos melhoristas identificarem, de forma eficaz e rápida, as progênies superiores (Leite *et al.*, 2016; Teixeira *et al.*, 2017).

Cada índice oferece diferentes alternativas de seleção e ganhos genéticos, identificando de maneira rápida e eficiente, os genótipos mais adequados aos objetivos do melhorista (Cruz; Regazzi, 1997; Rezende *et al.*, 2014). Os índices mais utilizados incluem: o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); o índice base de Williams (1962); o índice de Pesek e Baker (1971); o índice baseado na soma de "ranks" de Mulamba & Mock (1978); e o índice da distância genótipo-ideótipo (Cruz, 2013).

O índice da distância genótipo-ideótipo (Cruz, 2013) permite fixar valores ótimos para cada variável, assim como o intervalo de valores classificados como favoráveis para o melhoramento. Para cada variável é calculada a média, o valor máximo e o mínimo. Já o índice de soma de "ranks" de Mulamba e Mock (1978) consiste em classificar os genótipos para cada um dos caracteres, em ordem de interesse do melhorista (Rezende *et al.*, 2014).

3 OBJETIVO GERAL

O objetivo deste trabalho foi obter populações de soja por meio de um dialelo parcial e cruzamentos biparentais, visando selecionar aquelas com maior produção de grãos e precocidade para o posterior desenvolvimento de linhagens.

4 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Avaliar o desempenho agronômico em cada geração avançada por meio da capacidade geral e específica de combinação, bem como pelo método de seleção genealógico modificado.
- Estimar parâmetros genéticos e realizar a seleção de progênies superiores por diferentes métodos.
- Selecionar populações de soja visando o desenvolvimento de germoplasma com alto potencial produtivo e ciclo precoce.

REFERÊNCIAS

ANDRADE, A. C. B.; SILVA, A. J.; FERRAUDO, A. S.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. *African Journal of Agricultural Research*, Nigeria, v.11, p.23- 31, 2016. DOI: 10.5897/AJAR2015.9715. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJAR/article-authors/CD2848756664>. Acesso em: 05 dez. 2023. AR

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://www.bvs-vet.org.br/vetindex/periodicos/revista-de-ciencias-agroveterinarias/13-\(2014\)-2/fatores-geneticos-relacionados-com-a-heranca-em-populacoes-de-plantas/](https://www.bvs-vet.org.br/vetindex/periodicos/revista-de-ciencias-agroveterinarias/13-(2014)-2/fatores-geneticos-relacionados-com-a-heranca-em-populacoes-de-plantas/). Acesso em: 12 nov. 2023 AR.

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (ed.) *Soja: do plantio à colheita*. UFV, Viçosa, 2015, p. 9-26. CL

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciência Agronômica*, Ceará, v. 48, n. 1, p.110-117, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCmJn6s7DJR/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 18 nov. 2023 AR
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

BHERING, L. L. Rbío: A tool for biometric and statistical analysis using the R platform. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 17, n. 2, p. 187-190, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/ndxxG8NyDnqfh9vDH48WTrK/>. Acesso em: 13 set. 2024. AR
<https://doi.org/10.1590/1984-70332017v17n2s29>

BOLOGNA, S. B.; ROJAS, E.; SOLDINI, D. O.; GILLI, J. R.; SEQUIN, L.; MARTÍNEZ ALVAREZ, D. L. Desarrollo de germoplasma de soja sin lipoxigenasas y factores antinutricionales. *Journal of Basic and Applied Genetics*, Buenos Aires, v. 25, n. 1, p. 9-20, 2014. Disponível em: <https://www.scielo.org.ar/pdf/bag/v25n1/v25n1a02.pdf>. Acesso em: 8 dez. 2023. AR

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. *Melhoramento de plantas*. 8. ed. Viçosa: Editora UFV, 2021. LI

CHARNAL, K.; MAURO, A. O. D.; SANTIAGO, S.; VIANNA, V. F.; REVOLTI, L. T. M.; COSTA, M. M. Estimates of genetic parameters in F4-F5 soybean populations resistant to Asian Soybean rust. *African Journal of Agricultural Research*, Nigeria, v. 9, n. 15, p. 1200-

1206, 2014. Disponível em: <https://academicjournals.org/journal/AJAR/article-references/72304E443893>. Acesso em: 19 dez. 2023. AR
<https://doi.org/10.5897/AJAR2014.8538>

COBER, E. R.; VOLDENG, H. D. A retrospective look at short-season soybean cultivar development in Ontario. *Canadian Journal of Plant Science*, Ottawa, v. 92, p.1239-1243, 2012. Disponível em: <https://cdnsiencepub.com/doi/10.4141/cjps2012-032>. Acesso em: 13 nov. 2023. AR
<https://doi.org/10.4141/cjps2012-032>

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO (Brasil). Acompanhamento da safra brasileira de grãos: 12º levantamento da safra 2023/24. Brasília, DF: CONAB, 2024. v.11 LI

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 1997. LI

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: 10 set. 2024. AR

CATTELAN, A. J.; DALL'AGNOL, A. The rapid soybean growth in Brazil. *Oilseeds and fats, Crops and Lipids*, [s. l.], v. 25, n. 1, D102, 2018. Disponível em: https://www.ocl-journal.org/articles/ocl/full_html/2018/01/ocl170039/ocl170039.html. Acesso em: 26 dez. 2023. AR
<https://doi.org/10.1051/ocl/2017058>

DE FELIPE, M.; GERDE, J. A.; ROTUNDO, J. L. Soybean genetic gain in maturity groups III to V in Argentina from 1980 to 2015. *Crop Science*, Madison, v. 56, p.1-12, 2016. DOI: 10.2135/cropsci2016.04.0214. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2016.04.0214>. Acesso em: 14 dez. 2023. AR

DEL CONTE, M. V. Uso de modelos mistos no melhoramento da soja para teores de óleo e proteína nos grãos. 2017. 60f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2017. DM

DO VALE, N. M. Melhoramento de feijão carioca com ênfase em precocidade. 2015. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015. TD

FELICETI, M. L.; SIEGA, T. de C.; SILVA, M.; MESQUITA, A. P. B.; SILVA, J. A.; BAHRY, C. A.; POSSENTI, J. C. Grupos de maturidade relativa frente à qualidade fisiológica das sementes de soja. *Brazilian Journal of Development*, [S. l.], v. 6, n. 5, p. 27410-27421, 2020. Disponível em:

<https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/10020>. Acesso em: 15 jan. 2024. AR

<https://doi.org/10.34117/bjdv6n5-260>

FOLLMANN, D. N.; SOUZA, V. Q. de; CARGNELUTTI FILHO, A.; DEMARI, G. H.; NARDINO, M.; OLIVOTO, T.; CARVALHO, I. R.; SILVA, A. D. B.; MEIRA, D.; MEIER, C. Agronomic performance and genetic dissimilarity of second-harvest soybean cultivars using REML/BLUP and Gower's algorithm. *Bragantia*, Campinas, v.78, p.197-207, 2019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/j8fxFhwV6S5MjwDtrLd5XLg/?lang=en>.

Acesso em: 19 jan. 2024.

<https://doi.org/10.1590/1678-4499.20180194>

FOLLMANN, D. N.; FILHO, A. C.; SOUZA, V. Q.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; DEMARI, G. H.; FERRARI, G.; PELEGRIN, A. J.; SZARESKEI, V. J. Relações lineares entre caracteres de soja safrinha. *Revista de Ciências Agrárias*, Portugal, v. 40, n. 1, p.213-221, 2017. Disponível em: <https://revistas.rcaap.pt/index.php/rca/article/view/16444>. Acesso em: 12 dez 2023.

<https://doi.org/10.19084/RCA16027>

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P. O.; SANTOS JÚNIOR, C.D.; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae*, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012. DOI:

<https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Disponível em:

<https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 2 set. 2024. AR

HARTMAN, G. L.; WEST, E. D.; HERMAN, T. K. Crops that feed the World 2. Soybean - worldwide production, use, and constraints caused by pathogens and pests. *Food Security*, [s.l.], v. 3, p. 5-17, 2011. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s12571-010-0108-x>. Acesso em: 29 dez. 2023. AR

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

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro. Londrina, PR: Embrapa Soja, 2014. LI

IBGE. PIB. 2024. Disponível em: <https://www.ibge.gov.br/explica/pib.php>. DS

JANDONG, E. A.; UGURU, M. I.; OKECHUKWU. Estimates of genetic variability, heritability and genetic advance for agronomic and yield traits in soybean (*Glycine max* L.). *African Journal of Biotechnology*, Nairobi, v. 19, n. 4, p. 201-206, 2020. DOI: 10.5897/AJB2019.16910. Disponível em: <http://www.academicjournals.org/AJB>. Acesso em: 20 ago. 2024. AR

KUMARI, S.; MEENA, B. L.; SHARMA, S. C.; KOLI, N. R.; TAK, Y.; FOZDAR, P. Study on genetic variability parameters in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes. *Journal of Agriculture and Ecology*, Bikaner, v. 14, p. 72-76, 2022. Disponível em:

<https://doi.org/10.53911/>. Acesso em: 12 ago. 2024. AR
<https://doi.org/10.58628/JAE-2214-210>

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, p. 302-310, 2016. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/312051633_Estimativas_de_parametros_geneticos_correlacoes_e_indices_de_selecao_para_seis_caracteres_agronomicos_em_linhagens_F8_de_soja. Acesso em: 24 nov. 2023. AR
<https://doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>

LIMA, M.; SILVA JÚNIOR, C. A.; RAUSCH, L.; GIBBS, H. K.; JOHANN, J. A. Demystifying sustainable soy in Brazil. *Land Use Policy*, London, v. 82, p. 349-352, 2019. Disponível em: <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0264837718317836>. Acesso em: 22 dez. 2023. AR
<https://doi.org/10.1016/j.landusepol.2018.12.016>

LIU, G.; YANG, C.; XU, K.; ZHANG, Z.; LI, D.; WU, Z.; CHEN, Z. Development of yield and some photosynthetic characteristics during 82 years of genetic improvement of soybean genotypes in northeast China. *Australian Journal of Crop Science*, Lismore, v. 6, p. 1416-1422, 2012. Disponível em: https://www.cropj.com/liu_6_10_2012_1416_1422.pdf. Acesso em: 02 mar. 2024. AR

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha bacteriana em tomateiro. *Fitopatologia Brasileira*, Brasília, DF, v. 30, p. 343-349, 2005. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/fb/a/3VSFD5twMbVqxzfFnw8DL7Ft/?lang=pt>. Acesso em: 23 mar. 2024. AR
<https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002>

MALEK, M. A.; RAFII, M. Y.; AFROZ, M. S. S.; NATH, U. K.; MONDAL, M. M. A. Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association, and divergence in soybean mutants. *Scientific World Journal*, [s.l.], v. 2014, 2014. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/25197722/>. Acesso em: 15 fev. 2024. AR
<https://doi.org/10.1155/2014/968796>

MARANNA, S.; NATARAJ, V.; KUMAWAT, G.; CHANDRA, S.; RAJESH, V.; RAMTEKE, R.; PATEL, R. M.; RATNAPARKHE, M. B.; HUSAIN, S. M.; GUPTA, S.; KHANDEKAR, N. Breeding for higher yield, early maturity, wider adaptability and waterlogging tolerance in soybean (*Glycine max* L.): A case study. *Scientific Reports*, [S. l.], v. 11, n. 1, 2021. <https://www.nature.com/articles/s41598-021-02064-x>. Acesso em: 14 ago. 2024. AR
<https://doi.org/10.1038/s41598-021-02064-x>

MILADINOVIC, J. et al. Soybean breeding: comparison of the efficiency of different selection methods. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, Ankara, v. 35, n. 5, p. 469-

480, 2011. DOI: 10.3906/tar-1011-1474. Disponível em:
<https://journals.tubitak.gov.tr/agriculture/vol35/iss5/3/>. Acesso em: 16 fev. 2024. AR

MILLER, M. J.; SONG, Q.; LI, Z. Genomic selection of soybean (*Glycine max*) for genetic improvement of yield and seed composition in a breeding context. *Plant Genome*, [S. l.], v. 16, n. 4, 2023. Disponível em:
<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/tpg2.20384>. Acesso em: 15 fev. 2024. AR
<https://doi.org/10.1002/tpg2.20384>

MISHRA, R.; TRIPATHI, M. K.; SIKARWAR, R. S.; SINGH, Y.; TRIPATHI, N. Soybean (*Glycine max* L. Merrill): A Multipurpose Legume Shaping Our World. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, [S. l.], v. 25, n. 3-4, p. 17-37, 2024. Disponível em:
https://www.researchgate.net/publication/379836860_Soybean_Glycine_max_L_Merrill_A_Multipurpose_Legume_Shaping_Our_World. Acesso em: 12 nov. 2023. AR
<https://doi.org/10.56557/pcbmb/2024/v25i3-48643>

NARDINO, M.; BARROS, W. S.; OLIVOTO, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, F. F. E.; PELEGRIN, A. J.; SOUZA, V. Q.; CARVALHO, I. R.; SZARESKEI, V. J.; OLIVEIRA, A. C.; MAIA, L. C.; KONFLANZ, V. A. Multivariate diallel analysis by factor analysis for establish mega-traits. *Annals of the Brazilian Academy of Sciences*, [s.l.], v. 92, n. 1, e20180874, 2020. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/aabc/a/DB4jJFhTywD6cbR98PrhvkL/?lang=en>. Acesso em: 19 nov. 2023. AR
<https://doi.org/10.1590/0001-3765202020180874>

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, T. R. C. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (ed.) *Tecnologias de produção e usos da soja*. Londrina: Mecenass, 2009. p. 7-16. CL

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Estádio de desenvolvimento. In SEDIYAMA, T. 2013. *Tecnologias de produção de sementes de soja*. Londrina Mecenass, 2013, p. 15-44. CL

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic improvement. *Agronomy Science and Biotechnology*, Londrina, v. 1, p. 1-9, 2015. Disponível em:
<https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/1>. Acesso em: 12 dez. 2023. AR
<https://doi.org/10.33158/ASB.2015v1i1p1>

OTUSANYA, Gbemisola O.; CHIGEZA, G.; CHANDER, S.; ABEBE, A. T.; SOBOWALE, O. O.; OJO, D. K.; AKORODA, M. O. Combining Ability of Selected Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] Parental Lines. *Indian Journal of Agricultural Research*, [S. l.], v. 56, n. 1, p. 7-11, 2022. DOI: 10.18805/IJARE.A-638. Disponível em:
<https://arccjournals.com/journal/indian-journal-of-agricultural-research/A-638>. Acesso em: 18 dez. 2023. AR

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F.; DIDONE, C. A. Rust effect estimation in soybean crosses for tolerance to Asian rust. *Ciência Rural, Local?* v. 48, n. 3, p. e20170496, 2018. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cr/a/wK83QX3SqyDSSM9fBvY9PyG/?format=html&lang=en>.

Acesso em: 10 set. 2024. AR

<https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170496>

PIMENTEL, A.J.B., SOUZA, M.A., CARNEIRO, P.C.S., ROCHA, J.R.A.S.C., MACHADO, J.C., RIBEIRO, G. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 48, p. 1555-1561, 2013. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/kffr8skQzRWTgfXZgwxzybJ/?lang=pt>. Acesso em: 22 set. 2024. AR

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

PINTO, R. J. B. Introdução ao melhoramento genético de plantas. 2. ed. Maringá: Eduem, 2009. LI

PIRAS, S.; WESZ JÚNIOR, V. J.; GHINOI, S. Soy Expansion, Environment, and Human Development: An Analysis across Brazilian Municipalities. *Sustainability*, [s.l.], v. 13, e7246, 2021. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2071-1050/13/13/7246>. Acesso em: 22 dez. 2023. AR

<https://doi.org/10.3390/su13137246>

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. *Coffee Science*, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, 2014. Disponível em:

<http://www.sbicafe.ufv.br:80/handle/123456789/8059>. Acesso em: 13 set. 2024. AR

RIBEIRO, A. S.; TOLEDO, J. F. F.; RAMALHO, M. A. P. Interference of genotypes X environments interaction in the genetic control of resistance to Asian Rust soybean. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 44, p.1160-1167, 2009. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/pab/a/XTjQJR7vXyY5kF4Qb6cjHYn/?lang=en>. Acesso em: 12 set. 2024. AR

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000900014>

ROCHA, A. F.; PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A. Potencial of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Piracicaba, v.18, p. 267-275, 2018. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cbab/a/DgSRcNgcR857cz4LJyKQYVj/?lang=en>. Acesso em: 23 set. 2024.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n3a40>

ROWNTREE, S. C.; SUHRE, J. J.; WEIDENBENNER, N. H.; WILSON, E. W.; DAVIS, V. M.; NAEVE, S. L.; CASTEEL, S. N.; DIERS, B. W.; ESKER, P. D.; CONLEY, S. P.

Physiological and Phenological Responses of Historical Soybean Cultivar Releases to Earlier Planting. *Crop Science*, Madison, v. 54, p. 804-816, 2014. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2013.06.0428>. Acesso em: 19 ago. 2024. AR

<https://doi.org/10.2135/cropsci2013.06.0428>

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. *Produtividade da soja*. Londrina: Mecnas, 2016, p. 11-29. CL

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. Botânica, descrição da planta e cruzamentos artificial. In: SEDIYAMA, T. *Cultura da soja: I parte*. Viçosa: UFV, 1985, p. 5-6. CL

SEDIYAMA, T. *Produtividade da Soja*. Viçosa: Editora UFV, 2016. LI

SHILPASHREE, N. DEVI, S. N.; MANJUNATHAGOWDA, D. C.; MUDDAPPA, A.; ABDELMOHSEN, S. A. M.; TAMAN, N.; ELANSARY, H. O.; EL-ABEDIN, T. K. Z.; ABDELBACKI, A. M. M.; JANHAVI, V. Morphological characterization, variability and diversity among vegetable soybean (*Glycine max* L.) genotypes. *Plants*, [S. l.], v. 10, n. 4, 2021. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/33807322/>. Acesso em: 24 set. 2024. AR

<https://doi.org/10.3390/plants10040671>

SILVA, W. B. Da; MENEZES FILHO, A. C. P.; REIS, M. N. O.; SOARES, S. L.; BERTAN, I.; GODOI, C. R. C.; FERREIRA, M. C.; CAVALCANTE, A. K.; FERREIRA, J. C. S.; VENTURA, M. V. A. Adaptability and stability of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] strains in Central-West Brazil. *Brazilian Journal of Science*, [S. l.], v. 3, n. 7, p. 1-16, 2024. Disponível em: <https://periodicos.cerradopub.com.br/bjs/article/view/594>. Acesso em: 25 ago. 2024. AR

<https://doi.org/10.14295/bjs.v3i7.594>

SMITH H. F. A discriminant function for plant selection *Annals Eugenics*, Londres, v. 7, p.240-250, 1936. CL

<https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

SOARES, I. O.; BIANCHI, M. C.; BRUZI, A. T.; GERENTE, G. de S.; SILVA, K.B.; WILLIHERME, S. R.; CIANZIO, M. R. Genetic and phenotypic parameters associated with soybean progenies in a recurrent selection program. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, Viçosa, v. 20, n. 4, 2020. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cbab/a/pLJtgKSZB6LzpwDTBpmLYhD/?lang=en>. Acesso em: 12 mar. 2024. AR

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

SOBKO, O.; ZIKELI, S.; CLAUPEIN, W.; GRUBER, S. Seed yield, seed protein, oil content, and agronomic characteristics of soybean (*Glycine max* L. Merrill) depending on different seeding systems and cultivars in Germany. *Agronomy*, [S. l.], v. 10, n. 7, 2020.

Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/10/7/1020>. Acesso em: 14 dez. 2023. AR
<https://doi.org/10.3390/agronomy10071020>

TEODORO, L. P. R.; BHERING, L. L.; GOMES, B. E. L.; CAMPOS, C. N. S.; BAIO, F. H. R.; GAVA, R.; SILVA JÚNIOR, C. A.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. PLOS ONE, [s.l.], v. 14, n. 12, e0226523, 2019. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0226523>. Acesso em: 19 fev. 2024. AR
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0226523>

TODESCHINI, M. H. Progresso genético da soja no Brasil quanto à caracteres fisiológicos e agronômicos. 2018. Dissertação (Mestrado) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Pato Branco, 2018. Disponível em: <http://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/3061>. Acesso em: 12 fev. 2024. DM

USTUN, A.; ALLEN, F. L.; ENGLISH, B. C. Genetic progress in soybean of the U.S. Midsouth. Crop Science, Madison, v. 41, p. 993-998, 2001. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2001.414993x>. Acesso em: 24 set. 2024. AR
<https://doi.org/10.2135/cropsci2001.414993x>

XIONG, Q.; TANG, G.; ZHONG, L.; HE, H.; CHEN, X. Response to nitrogen deficiency and compensation on physiological characteristics, yield formation, and nitrogen utilization of rice. Frontiers in Plant Science, [s.l.], v. 9, p.1075, 2018. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant>. Acesso em: 10 set. 2024. AR
<https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01075>

WU, T.; SUN, S.; WANG, C.; LU, W.; SUN, B.; SONG, X.; HAN, X.; GUO, T.; MAN, W.; CHENG, Y.; NIU, J.; FU, L.; SONG, W.; JIANG, B.; HOU, W.; WU, C.; HAN, T. Characterizing Changes from a Century of Genetic Improvement of Soybean Cultivars in Northeast China. Crop Science, Madison, v.55, p.2056-2067, 2015. Disponível em: <http://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.2135/cropsci2015.01.0023>. Acesso em: 09 set. 2024. AR
<https://doi.org/10.2135/cropsci2015.01.0023>

CAPÍTULO I

CAPACIDADE COMBINATÓRIA ESTIMADA ENTRE GENITORES DE SOJA EM POPULAÇÃO F₁

RESUMO

Estudos sobre a capacidade de combinação e a diversidade genética fornecem informações essenciais sobre os recursos genéticos presentes no germoplasma, sendo uma ferramenta fundamental para a obtenção de populações superiores em relação a caracteres agronômicos de interesse, como precocidade e produtividade. O objetivo deste estudo foi estimar a capacidade geral e específica de combinação de seis genitores de soja, utilizando o dialelo parcial, a fim de identificar genitores e combinações promissoras para precocidade e produção de grãos. Os genitores utilizados foram: UFUS7101, UFUS8401, UFUS7201, UFUS7910, UFUS7010 e BRS511. Os cruzamentos foram realizados em dialelo balanceado entre os genitores, sem recíprocos, de acordo com o método 2 de Griffing. As 15 combinações híbridas F₁ e seus respectivos genitores foram cultivadas em delineamento de blocos casualizados, com nove repetições. A unidade experimental consistiu em vasos de 5 dm³ preenchidos com substrato, nos quais foram semeadas uma semente de soja, mantidos em casa de vegetação. Foram avaliados 13 caracteres agronômicos. A análise dialélica foi realizada conforme o método 2 de Griffing e os dados foram submetidos à análise de variância, com as médias agrupadas pelo teste Scott-Knott. Foi observada variabilidade genética para todos os caracteres, com predominância de efeitos gênicos aditivos. As estimativas de herdabilidade foram elevadas para todos os caracteres, exceto para o número de nós totais e número de nós produtivos. Os genitores BRS511 e UFUS7010 contribuíram para a obtenção de populações segregantes precoces, em virtude da aditividade para a redução do número de dias até a maturidade. Por outro lado, o genitor UFUS8401 destacou-se no potencial produtivo, devido ao efeito aditivo sobre o número total de vagens, com um, dois e três grãos, e a produção de grãos. A combinação UFUS7101 x UFUS8401 mostrou-se promissora para a obtenção de populações precoces e com alto potencial produtivo.

Palavras-chave: CGC; CEC; dialelo parcial; precocidade; produtividade; seleção de genitores

CHAPTER 1

COMBINING ABILITY AMONG SOYBEAN PARENTS IN F₁ POPULATION

ABSTRACT

Studies on combining ability and genetic diversity provide essential information on the genetic resources within germplasm, serving as a crucial tool for obtaining superior populations for agronomic traits of interest, such as earliness and yield. The objective of this study was to estimate the general (GCA) and specific combining ability (SCA) of six soybean parents using a partial diallel, to identify promising parents and combinations for earliness and grain yield. The parents used were UFUS7101, UFUS8401, UFUS7201, UFUS7910, UFUS7010, and BRS 511. Crosses were performed in a balanced diallel without reciprocals, according to Griffing's method 2. The 15 combinations of F₁ hybrid seeds and their respective parents were grown in a randomized block design with nine replications. The experimental unit consisted of 5 dm³ pots filled with substrate, with a single soybean seed planted per pot, all cultivated in a greenhouse. Thirteen agronomic traits were evaluated. Data were subjected to analysis of variance, with means grouped using the Scott-Knott test, and diallel analysis was performed according to Griffing's method 2. Genetic variability was observed for all traits, with additive gene effects predominating. Heritability estimates were high for all traits except for total node number (TNN) and productive node number (PNN). The parents BRS511 and UFUS7010 contributed to the development of early segregating populations due to additive effects that reduced days to maturity. Conversely, UFUS8401 contributed to yield potential due to additive effects on total pod number, including pods with one, two, and three seeds, and overall grain production. The UFUS7101 x UFUS8401 combination showed promise for developing early-maturing populations with high yield potential.

Keywords: combining ability; partial diallel; precocity; yield; selection of parents

1 INTRODUÇÃO

A escolha de genitores deve ser criteriosa, realizada a partir das características fenotípicas desejadas em relação aos caracteres agronômicos, como produtividade de grãos, precocidade e resistência às doenças. Além disso, deve-se preferencialmente optar por genitores divergentes e complementares. Algumas estratégias permitem a seleção de genitores, como os estudos de diversidade genética e análise dialélica (Ribeiro; Pinto, 2020).

A análise dialélica permite identificar os genitores de maior capacidade de combinação, bem como identificar as combinações mais promissoras. Griffing (1956) propôs dialelos balanceados e definiu que os possíveis genótipos podem ser reunidos em uma tabela $p \times p$ e divididos em três grupos distintos: a) genitores; b) $p(p-1)/2$ híbridos F_1 's; c) $p(p-1)/2$ híbridos recíprocos.

Ainda de acordo com Griffing (1956), os dialelos balanceados podem ser divididos em quatro métodos experimentais, sendo eles: a) Método 1: p^2 combinações são incluídas; b) Método 2: $p(p+1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos híbridos F_1 's recíprocos; c) Método 3: $p(p-1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos genitores; d) Método 4: $p(p-1)/2$ combinações são incluídas, com ausência dos híbridos F_1 's recíprocos e genitores.

O cruzamento dialélico balanceado de meia tabela (método 2) realizam as combinações sem a presença dos recíprocos, apenas cruzamentos diretos (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). Este tipo de cruzamento dialélico, denominados “dialelos parciais”, é usualmente utilizado devido às limitações geradas pelo emprego de grande número de genitores e suas combinações híbridas em relação aos dialelos completos (Rocha *et al.*, 2019). Esse método envolve avaliar os genitores em dois grupos, pertencendo ou não a um conjunto comum, e fornece informações sobre suas habilidades gerais e específicas de combinação (Geraldi; Miranda Filho, 1988), possibilitando a produção de progênes com alto potencial, mesmo ao utilizar genitores medianos, além de aprimorar a compreensão da ação gênica envolvida na herança dos caracteres (Borém; Miranda; Fritsche-Neto, 2021).

A capacidade geral de combinação (CGC) representa o desempenho médio da progênie de um determinado indivíduo quando cruzado com diversos outros. Essa estimativa é maior para genitores que possuem uma maior frequência de alelos favoráveis para o caráter em estudo (Vasconcelos *et al.*, 2020). A CGC equivale à metade do valor genético aditivo, uma vez que cada genitor contribui com apenas 50% dos genes para a prole, enquanto a outra metade é proveniente de outros indivíduos da população (Borém *et al.*, 2021). A capacidade específica

de combinação (CEC) mede o desempenho de uma progênie resultante do cruzamento entre dois genitores específicos, desconsiderando os efeitos aditivos de cada um deles. Dessa forma, a CEC reflete exclusivamente a ação de genes não aditivos, como dominância e epistasia, na expressão do fenótipo (Borém *et al.*, 2021).

Diversos estudos têm sido conduzidos para avaliar as capacidades combinatórias gerais e específicas em genótipos de soja, visando identificar genitores e combinações promissoras para características de interesse, como produção de grãos (Bagateli *et al.*, 2020), teor de óleo e proteína (Chagas *et al.*, 2023), além da resistência a doenças (Pereira *et al.*, 2018; Lin *et al.*, 2022). No entanto, a demanda contínua por cultivares com características superiores como precocidade, alta produtividade, resistência a doenças e adaptabilidade a diferentes ambientes, exige a realização de novas pesquisas para superar os desafios atuais e atender as exigências do mercado.

O presente estudo teve como objetivo estimar as capacidades gerais e específicas de combinações de seis genitores de soja, utilizando o delineamento dialélico parcial. A partir dessas estimativas, buscou-se identificar os genitores e as combinações mais promissoras para as características de precocidade e produtividade de grãos de soja.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local de instalação do experimento

A pesquisa foi conduzida na casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada na Fazenda Experimental Capim Branco, com coordenadas geográficas de 18°52' de latitude Sul, 48°20' de longitude Oeste e a uma altitude de 805 metros, no município de Uberlândia, Minas Gerais.

Seis cultivares de soja foram selecionadas como genitores, tendo em vista a precocidade do ciclo e a alta produção de grãos (Tabela 1).

Tabela 1 – Caracterização dos genótipos de soja utilizados como genitores em bloco de cruzamento dialélico.

Características					
Genótipos	Ciclo	Cor da Flor	Cor do hilo	Pubescência	Tipo de crescimento
UFUS7101 ¹	Precoce	Branca	Marrom	Marrom	Semi determinado
continua					

Características					
Genótipos	Ciclo	Cor da Flor	Cor do hilo	Pubescência	Tipo de crescimento
UFUS8401 ¹	Tardia	Roxa	Marrom Claro	Cinza	Determinado
UFUS7201 ¹	Precoce	Roxa	Preto	Marrom	Determinado
UFUS7910 ¹	Médio	Roxa	Preto	Marrom	Determinado
UFUS7010 ¹	Precoce	Branca	Marrom Médio	Marrom Claro	Indeterminado
BRS511 ²	Precoce	Roxa	Marrom Claro	Cinza	Indeterminado

conclusão

Fonte: ¹Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; ² Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA.

O bloco de cruzamento foi conduzido em dialelo parcial, método 2 de Griffing (1956), a partir de combinações de seis genitores onde foram geradas quinze combinações híbridas F₁ (Tabela 2).

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

Genitores	UFUS7101	UFUS8401	UFUS7201	UFUS7910	UFUS7010	BRS511
UFUS7101	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5	1x6
UFUS8401		2x2	2x3	2x4	2x5	2x6
UFUS7201			3x3	3x4	3x5	3x6
UFUS7910				4x4	4x5	4x6
UFUS7010					5x5	5x6
BRS511						6x6

Fonte: delineamento do método 2 de Griffing (1956). (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012)

O bloco de cruzamento dialélico foi conduzido nos anos agrícolas de 2021 e 2022. Foram utilizados vasos de polietileno preto com capacidade de 5,0 dm³, preenchidos com substrato na proporção de 3:1:1 (solo: substrato comercial: esterco bovino). O solo empregado foi classificado como Latossolo Vermelho, de acordo com o Sistema Brasileiro de Classificação de Solos (Santos *et al.*, 2018). A adubação de semeadura aplicada foi equivalente a 400 kg ha⁻¹ da fórmula comercial de NPK 08-28-16.

Foram semeadas dez sementes por vaso, de maneira escalonada a cada três dias, visando à sincronia do florescimento entre os genitores utilizados. O desbaste das plantas foi realizado no estágio fenológico V₁ (folhas unifolioladas completamente desenvolvidas) (Fehr; Caviness,

1977), mantendo-se quatro plantas por vaso. No estágio V₅, foram removidos os meristemas apicais das plantas para evitar o estiolamento e favorecer as ramificações.

Foram realizadas adubações a cada 15 dias, a partir da data da semeadura, com NPK na formulação 08-28-16 e com o composto nitrogenado mono-amônio-fosfato (MAP). Foram realizadas duas irrigações diárias, além de tratos culturais e fitossanitários, conforme recomendado para a cultura da soja (Embrapa, 2014). As hibridações artificiais foram realizadas por meio da técnica de emasculação da flor, seguindo o esquema apresentado na Tabela 2, e todos os cruzamentos realizados foram identificados com uma etiqueta (Sediyama, 2015). Após o estágio R₈, foi realizada a colheita das vagens, obtendo-se de 10 a 15 sementes híbridas F₁ de cada combinação dialélica.

2.2 Dialelo balanceado com genitores e sem recíprocos

2.2.1 Delineamento experimental

O experimento foi instalado em casa de vegetação no dia 02 de agosto de 2023, em delineamento de blocos casualizados. Foram utilizados seis genitores e suas 15 combinações em F₁, com nove repetições, totalizando 189 parcelas. Cada parcela consistiu em um vaso de polietileno de 5 dm³ contendo uma única planta de soja. Replantios foram realizados quando necessários. Foram realizadas duas irrigações diárias, além de tratos culturais e fitossanitários, conforme recomendações da Embrapa (2014).

Todos os cruzamentos foram conferidos utilizando características fenotípicas visíveis dominantes, como cor da flor, tipo de crescimento e cor da pubescência.

2.2.2 Caracteres avaliados

No estágio de desenvolvimento R₈, conforme a escala de Fehr e Caviness (1977), foram avaliados os seguintes caracteres em cada planta:

- a. Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio fenológico R₈ em dias;
- b. Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): distância do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal em cm;

- c. Altura da planta (AP): distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em cm;
- d. Número de nós totais (NNT): número total de nós na haste principal em nós por planta;
- e. Número de nós ramificados (NNR): número total de nós com ramificações da haste principal em nós por planta;
- f. Número de nós produtivos (NNP): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens em nós por planta;
- g. Número de vagens com 1 grão (V1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- h. Número de vagens com 2 grãos (V2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- i. Número de vagens com 3 grãos (V3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
- j. Número de vagens totais (NVT): número de vagens totais produzidas pela planta, posterior a colheita;
- k. Número de sementes por vagem (NSV): número de sementes por vagem, posterior a colheita em sementes por planta.
- l. Produção de grãos por planta (PROD): massa de grãos de soja produzidos por planta, em gramas. Utilizando balança digital profissional até 40 Kg.

2.2.3 Análise estatística

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variância genética nos caracteres estudados. Foi utilizado o modelo estatístico descrito pela equação 1, considerando o delineamento em blocos casualizados e os efeitos aleatórios:

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

Em que:

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

- μ : média geral;
- 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 com um nível de 1% 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:

$$h_a^2 = \frac{\sigma_g^2}{\frac{QMT}{r}} \quad (\text{Eq. 2})$$

$$\sigma_g^2 = \frac{QMT - QMr}{r} \quad (\text{Eq. 3})$$

Em que:

- h_a^2 : herdabilidade no sentido amplo;
- σ_g^2 : variância genética;
- QMT : quadrado médio do tratamento na ANOVA;
- QMR : quadrado médio do resíduo na ANOVA;
- r : número de repetições.

Para a análise dialélica balanceada, foi utilizado o método 2 proposto por Griffing (1956), no qual são incluídos apenas os genitores e as combinações F_1 , sem os seus recíprocos. O efeito das populações na geração F_1 foi decomposto em capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), de acordo com o modelo estatístico descrito na Equação 4:

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

Em que:

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:

$$\sum_i g_i = 0 \text{ e } \sum_i s_{ij} + s_{ii} = 0 \quad (\text{para cada } i)$$

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, teste de agrupamento de médias de Scott-Knott e as análises genético-estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional GENES (CRUZ, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Análise de variância e herdabilidade

Observou-se a existência de variância genética para todos os caracteres avaliados ao nível de 1% de significância pelo teste de F (Tabela 3). Esse resultado sugere a possibilidade

de seleção de progenitores superiores com o objetivo de desenvolver futuros genótipos no programa de melhoramento genético (Souza *et al.*, 2020).

Tabela 3 – Quadrado médio do genótipo (QMG), quadrado médio da capacidade geral de combinação (QCGC), quadrado médio da capacidade específica de combinação (QCEC), razão do QCGC/QCEC, coeficiente de variação (CV %) e herdabilidade no sentido amplo (h_a^2) de uma análise dialélica envolvendo seis genitores e quinze combinações segregantes F_1 , conduzida em casa de vegetação em Uberlândia (MG), na safra 2023.

Caráter	QMG	QCGC	QCEC	QCGC/QCEC	CV(%)	Ha2(%)
NDM	96,15**	298,12**	28,4**	10,5	3,68	83,61
AIPV	31,05**	36,39**	29,25**	1,24	31,08	75,83
AP	461,42**	828,95**	339**	2,45	18,6	83,63
NNT	15,23**	23,87**	12,34**	1,93	15,52	56,7
NNR	16,83**	24,15**	14,4**	1,68	30,45	84,86
NNP	18,47**	7,34**	22,2**	0,33	24	42,96
NTV	4697,93**	5580,76**	4403,2**	1,27	31,67	87,7
V1G	119,30**	162,29**	105,07**	1,54	62,77	67,07
V2G	705,35**	984,13**	612,34**	1,61	40,41	79,81
V3G	1802,25**	1906,71**	1767,7**	1,08	44,84	85,87
NSV	0,23**	0,42**	0,17**	2,47	8,3	83,93
PROD	406,64**	312,82**	437,67**	0,71	27,2	87,47

*Significância: ($p < 0,01$) pelo teste de F. Abreviaturas: QMG: Quadrado médio do genótipo; QCGC e QCEC: Quadrado médio da capacidade geral e específica de combinação, respectivamente; QCGC/QCEC: Relação entre capacidade geral e específica de combinação; CV(%): Coeficiente de variação; h_a^2 (%): herdabilidade no sentido amplo; NDM: número de dias para maturidade, respectivamente; AIPV: Altura de inserção da primeira vagem; NNT, NNR e NNP: número de nós totais, ramificados e produtivos, respectivamente; NTV: número de vagens total; V1G, V2G e V3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta. Fonte: a autora.

A significância do quadrado médio da capacidade geral de combinação (QCGC) e do quadrado médio da capacidade específica de combinação (QCEC) para todos os caracteres estudados sugere a presença de efeitos aditivos e não aditivos, respectivamente (Tabela 3) (Abou, 2020; Bi *et al.*, 2015). O efeito do QCGC está relacionado aos efeitos gênicos aditivos, ou seja, pelo menos um genitor apresenta maior frequência de alelos favoráveis, contribuindo significativamente para o desempenho médio das progênes. Adicionalmente, a significância observada no QCEC está relacionada aos efeitos gênicos não aditivos e revela a presença de pelo menos uma população cujo desempenho médio se distingue do esperado, auxiliando na escolha das melhores combinações a serem selecionadas (Suza *et al.*, 2023).

Esses resultados são consistentes com outras pesquisas (Pereira *et al.*, 2019; Rocha *et al.*, 2018) e demonstram que os efeitos aditivos e não aditivos estão envolvidos no controle dos caracteres em soja. Em todos os caracteres avaliados, com exceção do NNP e PROD, como

indicado na Tabela 3, observou-se uma maior magnitude do QCGC em relação ao QCEC, indicando o predomínio da ação gênica aditiva (Ferreira *et al.*, 2018; Otusanya *et al.*, 2022).

A relação QCGC/QCEC na maioria dos caracteres em estudo foi superior a 1 (um) (Tabela 3) demonstrando que os efeitos gerais dos genitores são mais importantes para o desempenho do caráter do que as interações específicas entre eles, resultando em maiores ganhos de seleção na geração seguinte, além de estabilidade e previsibilidade no desempenho dos híbridos (Otusanya *et al.*, 2022). No presente estudo, a relação QCGC/QCEC variou de 10,5 a 0,33 para NDM e NNP, respectivamente. Quanto maior a relação, maior a predominância de efeitos aditivos no controle dos caracteres, prevendo-se ganhos de maior magnitude (Bhering *et al.*, 2017).

Os efeitos genéticos aditivos são mais importantes na determinação de caracteres em relação aos efeitos não aditivos, especialmente para caracteres quantitativos, o que também possibilita uma seleção bem-sucedida em gerações iniciais, mesmo para caracteres que apresentam maior dificuldade de seleção devido à maior interferência do ambiente (Rocha *et al.*, 2019). Efeitos aditivos de genes também foram predominantes na análise da geração F₁ em um estudo realizado em Rio Verde, GO, na safra 2019/2020, resultantes de um dialelo parcial envolvendo 10 cultivares de soja (SOARES *et al.*, 2023). Assim como Rocha *et al.* (2019), que, ao analisarem as habilidades gerais e específicas de combinação de cinco genitores de soja por meio de cruzamentos dialélicos, concluíram a importância dos efeitos aditivos dos genes no controle do rendimento de grãos em populações F₂ de soja.

Por outro lado, Colombo *et al.* (2018) observaram uma contribuição mais significativa de genes não aditivos na geração F₁ para a expressão do número de dias para floração e maturidade, além do rendimento de grãos. Os resultados divergentes podem estar relacionados à população de interesse, visto que as estimativas de parâmetros genéticos são intrínsecas à população-alvo.

Os coeficientes de variação (CV%) oscilaram de 3,68% (NDM) a 62,77% (V1G). Os altos coeficientes observados para V1G (62,77%), V2G (40,41%) e V3G (44,84%) podem ser atribuídos à natureza quantitativa desses caracteres. Altos valores de CV também foram encontrados em um estudo utilizando cruzamentos dialélicos com cinco cultivares de soja na geração F₂, onde foram registrados coeficientes de 53,5% para peso da semente por planta e 43,2% para número de vagens (Hakim; Suvamto, 2017). Da mesma forma, Gastl Filho *et al.* (2022) obtiveram valores de CV de 65,38% (V1G), 55,86% (V2G) e 69,51% (V3G), indicando

que coeficientes altos não necessariamente refletem baixa qualidade ambiental, uma vez que dependem do tipo de ensaio e dos fatores estudados (Ferreira, 2018).

As estimativas de herdabilidade no sentido amplo foram elevadas para a maioria dos caracteres, com exceção de NNT (56,7%) e NNP (42,96%). Isso sugere que a variação fenotípica dos caracteres em estudo se deve a variações genéticas totais, ou seja, a diferenças genéticas entre os indivíduos, e não a fatores ambientais. As altas magnitudes de herdabilidade (H_a^2) obtidas para os caracteres NDM (83,61%), AIPV (75,83%), AP (83,63%), NNR (84,86%), NTV (87,7%), V1G (67,07%), V2G (79,81%), V3G (85,87%), NSV (83,93%) e PROD (87,47%) orienta as estratégias de seleção no melhoramento genético e garante maior sucesso na obtenção de genótipos superiores (Inocente *et al.*, 2021).

Valores menores foram observados em um estudo sobre capacidade de combinação e componentes genéticos de seis genitores de soja e seus meio-dialelos na geração F₁, realizado na Estação de Pesquisa Agrícola Etay El-Baroud, onde os valores obtidos foram de 79% (NDM), 67% (AP), 47% (NSV) e 53% (NST) (Waly; Ibrahim, 2021). Da mesma forma, em Uberlândia-MG, a estimativa de herdabilidade obtida para PROD em um dialelo balanceado com quatro genitores e seis combinações na geração F₂ foi de 53,54%, inferior àquela encontrada no presente estudo (Nascimento, 2021).

3.2 Capacidade geral e específica de combinação de genitores

Estimativas de efeitos gerais de capacidade de combinação (\hat{g}_i) estão apresentadas na Tabela 4, sendo que todos os efeitos gerais diferiram significativamente de zero.

Tabela 4 – Estimativa dos efeitos da capacidade geral de combinação (g_i) de caracteres agrônômicos e de produção em seis genitores de soja conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2023 pelo método 2 de Griffing (1956).

Caráter	Progenitores					
	UFUS 7101	UFUS 8401	UFUS 7201	UFUS 7910	UFUS 7010	BRS 511
NDM	-0,93	3,58	-0,49	1,15	-1,56	-1,74
AIPV	-0,38	-0,47	-0,8	1,18	0,31	0,16
AP	0,18	-0,9	-4,37	-2,82	4,74	2,54
NNT	0,62	0,29	-0,35	0,37	0,04	-0,96
NNR	-0,46	0,83	0,36	0,19	-0,14	-0,77
NNP	0,52	0,24	-0,19	-0,05	-0,33	-0,19
						continua

Caráter	Progenitores					
	UFUS 7101	UFUS 8401	UFUS 7201	UFUS 7910	UFUS 7010	BRS 511
NTV	-0,45	17,3	-2,68	-2,86	-3,62	-7,7
V1G	-0,19	1,67	-1,85	-1,31	1,82	-0,14
V2G	-1,23	6,98	-0,06	-3,95	-0,32	-1,55
V3G	0,8	8,21	-0,85	2,47	-4,66	-5,98
NSV	0,04	0,02	0,03	0,09	-0,09	-0,09
PROD	0,46	3,32	1,05	-0,64	-2,41	-1,78
conclusão						

Abreviaturas: NDM: número de dias para maturidade; AIPV: Altura de inserção da primeira vagem; AP: altura da planta; NNT, NNR e NNP: número de nós totais, ramificados e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens total; V1G, V2G e V3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta. Fonte: a autora.

Para a seleção de populações potencialmente superiores, busca-se altos valores positivos para todos os caracteres em análise (Tabela 4), exceto para NDM, em que altos valores negativos são desejáveis. Em programas de melhoramento genético, o objetivo é desenvolver cultivares mais produtivas e precoces (El-Seidy *et al.*, 2022; Vogel *et al.*, 2021).

Os resultados dos efeitos gerais de capacidade de combinação revelaram que os genitores UFUS7101 (-0,93), UFUS7201 (-0,49), UFUS7010 (-1,56) e BRS511 (-1,74) expressaram efeitos negativos significativos para a redução do período de maturidade, enquanto a linhagem UFUS8401 (3,58) apresentou o maior valor desfavorável à redução do ciclo (Tabela 4). Assim, os genitores UFUS7010 (-1,56) e BRS511 (-1,74) (Tabela 4), apresentaram maiores potenciais genéticos para redução do ciclo de maturidade em comparação com os demais genitores em estudo, com alta probabilidade de passar estas características para seus descendentes, uma vez que o caráter NDM apresentou predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade (Tabelas 3 e 4). A seleção de genótipos com maior precocidade deve ser feita em gerações iniciais, devido a maior predominância do efeito aditivo (Vale *et al.*, 2015).

Para o aumento favorável dos caracteres relacionados aos componentes de produção: NNT, NNR, NNP, NTV, NV1G, NV2G, NSV e PGP a linhagem UFUS8401 se destacou (Tabela 4) e as linhagens UFUS7010 e BRS511 apresentaram valores favoráveis tanto para NDM quanto para AP que estão relacionadas à produção de grãos (Tabela 4). A seleção de novos genótipos que combinem precocidade e alta produção é um desafio, uma vez que essas características apresentam correlação negativa; ou seja, cultivares mais precoces geralmente apresentam menores produções (Krause; Rodrigues; Leal, 2012).

A altura da planta é uma característica que determina a adaptação do genótipo a um ambiente e está diretamente correlacionada à produção de grãos. Assim, os genitores que podem contribuir para o aumento da AP durante a maturidade foram UFUS7101 (0,18), UFUS7010 (4,47) e BRS511 (2,54), visto que esta característica apresenta predominância de efeitos aditivos e alta estimativa de herdabilidade (83,63%) (Tabelas 3 e 4).

Soares *et al.* (2023) em um estudo de capacidade combinatória utilizando dialelo parcial em Rio Verde, GO, selecionaram dois genitores com CGC favorável para a diminuição do ciclo e, concomitantemente, para o aumento da altura da planta, resultados que são semelhantes aos encontrados neste estudo (UFUS7010 e BRS511).

Em relação à capacidade de combinação específica (CEC) (Tabela 5), as combinações que proporcionaram as maiores reduções de NDM foram UFUS7101 x UFUS8401 (-2,92) e UFUS7910 x UFUS7010 (-2,42). Os maiores aumentos favoráveis para AP ocorreram nas combinações UFUS8401 x UFUS7010, UFUS7201 x UFUS7010 e UFUS7910 x UFUS7010; para NNT, as combinações UFUS7101 x UFUS8401 e UFUS8401 x UFUS7010 se destacaram.

Para os caracteres NNR e NNP (Tabela 5), as melhores combinações foram UFUS7101 x UFUS8401 e UFUS7201 x BRS511. Em relação à NTV, os cruzamentos UFUS7101 x UFUS8401, UFUS7101 x UFUS7201 e UFUS7910 x UFUS7010 proporcionaram os maiores aumentos favoráveis. Quanto a NV1G, NV2G e NV3G, as combinações em destaque foram UFUS7101 x UFUS7010, UFUS7101 x UFUS8401 e UFUS8401 x BRS511, respectivamente. Para NSV, o maior aumento foi observado entre UFUS8401 x BRS511, e para PROD, entre UFUS7101 x UFUS7201.

Populações com elevada CEC apresentam um maior número de loci divergentes e habilidade de um genótipo interagir favoravelmente com outro, resultando em descendentes com características desejáveis e superiores aos genitores (Cruz *et al.*, 2011). Das quinze combinações avaliadas quanto à CEC, destacaram-se UFUS7101 x UFUS8401 e UFUS7910 x UFUS7010, devido à sua superioridade em relação à precocidade, e as combinações UFUS8401 x UFUS7010 e UFUS8401 x BRS511 foram úteis tanto para redução de ciclo quanto para aumento da produção de grãos (Tabela 5). Contudo, não houve seleção favorável para AIPV, e para UFUS8401 x UFUS7010, a seleção para NV1G e NV2G foram negativas.

Outros estudos relacionados aos efeitos da CGC e da CEC obtiveram valores negativos para o período de maturação e positivos para a altura da planta, características almejadas por programas de melhoramento genético, como no presente estudo (Gastl Filho *et al.*, 2022; Soares *et al.*, 2023; Waly; Ibrahim, 2021).

Tabela 5 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ii} e s_{ij}) para caracteres agrônômicos e de produção em soja, provenientes de análise dialélica envolvendo seis progenitores e quinze combinações segregantes F_2 , conduzidos em casa de vegetação em Uberlândia (MG) na safra 2023 pelo método 2 de Griffing (1956).

Caráter	Efeitos (sii e sij)																				
	1x1	1x2	1x3	1x4	1x5	1x6	2x2	2x3	2x4	2x5	2x6	3x3	3x4	3x5	3x6	4x4	4x5	4x6	5x5	5x6	6x6
NDM	-0,404	-2,916	0,594	-0,605	2,222	1,514	2,791	0,411	0,668	-1,740	-0,67	-0,069	0,842	0,889	-0,599	2,434	-2,419	-2,018	0,289	0,470	0,651
AIPV	0,556	-0,450	-0,526	-1,256	0,084	1,035	2,234	-0,142	-2,222	-0,352	-1,301	1,581	-1,569	-0,399	-0,527	4,241	-1,939	-1,497	1,491	-0,377	1,334
AP	-4,36	2,939	1,866	-0,313	0,049	4,179	1,728	-7,19	-10,154	6,458	4,488	-2,388	-2,996	7,785	5,305	3,925	5,646	-0,034	-9,913	-0,113	-6,913
NNT	-1,117	1,655	0,077	-0,868	0,905	0,465	-0,562	0,519	-1,536	1,688	-1,202	-0,619	-0,455	0,219	0,879	1,270	0,604	-0,286	-1,952	0,488	-0,172
NNR	-1,986	2,062	1,303	0,142	0,256	0,209	-1,571	-0,645	0,519	0,403	0,807	-1,398	0,990	-0,236	1,388	-1,291	1,153	-0,223	0,843	0,111	-1,146
NNP	-1,336	2,053	-0,177	-0,427	0,963	0,261	-1,559	0,211	-1,039	0,901	0,990	-1,699	-0,279	0,221	3,420	0,581	1,301	-0,719	-1,749	0,110	-2,031
NTV	-33,433	31,36	24,339	-5,179	11,504	4,816	-27,298	0,026	-3,131	12,741	13,604	-25,66	6,743	8,955	11,257	-8,075	19,248	-1,560	-34,770	17,093	-22,61
V1G	-4,485	0,874	1,059	-2,153	7,170	2,019	0,683	-0,692	2,765	-1,911	2,402	-2,847	2,840	3,154	-0,667	-2,932	1,282	1,130	-5,735	1,774	-0,927
V2G	-14,406	11,936	7,964	-4,242	9,989	3,465	-3,271	1,206	0,550	-1,629	-5,522	-9,436	1,798	3,509	4,395	-1,519	8,073	-3,141	-13,326	7,010	-3,104
V3G	-13,638	15,718	15,126	1,696	-5,066	-0,199	-23,588	0,399	-5,499	16,629	20,726	-12,780	1,460	2,248	7,125	-3,420	9,488	-0,305	-15,835	8,373	-17,860
NSV	0,041	0,078	0,040	0,039	-0,196	-0,044	-0,196	-0,004	-0,085	0,170	0,233	-0,011	-0,112	-0,027	0,125	0,016	0,071	0,054	-0,064	0,108	-0,239
PROD	-9,853	7,01	9,091	1,214	-0,073	2,463	-9,488	1,684	-0,574	7,140	3,665	-8,945	3,028	1,121	2,966	-4,560	4,184	1,269	-9,343	6,263	-8,313

1: UFUS7101; 2: UFUS8401; 3: UFUS7201; 4: UFUS7910; 5: UFUS7010; 6: BRS511: NDM: número de dias para maturidade; AIPV: Altura de inserção da primeira vagem; NNT, NNR e NNP: número de nós totais, ramificados e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens total; V1G, V2G e V3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta. Fonte: a autora.

3.3 Agrupamento de médias fenotípicas

Para a análise de agrupamento utilizando o método de Scott-Knott (Tabela 6) foram identificados três grupos estatisticamente distintos para o número de dias até a maturidade (NDM). O grupo com melhor desempenho incluiu 17 combinações F₁, que apresentaram ciclos mais curtos, variando de 105 a 109,33 dias. O segundo grupo consistiu em três combinações com ciclos entre 111,33 e 112,56 dias, enquanto o terceiro grupo teve uma combinação com um ciclo de 117,78 dias.

Os menores ciclos foram obtidos a partir dos genitores UFUS7101, UFUS7201, UFUS7010 e BRS511, e das combinações UFUS7201 x BRS511, UFUS7010 x BRS511, UFUS7910 x BRS511, UFUS7101 x BRS511, UFUS8401 x BRS511, UFUS7201 x UFUS7010, UFUS7910 x UFUS7010, UFUS7101 x UFUS7201, UFUS7101 x UFUS7910, UFUS7101 x UFUS7010, UFUS8401 x UFUS7010 e UFUS7101 x UFUS8401. Esses resultados corroboram as observações feitas nas análises de capacidade de geração combinatória (CGC) e capacidade de combinação específica (CEC) (Tabelas 4 e 5).

Tabela 6 – Ciclo e caracteres agrônômicos para 6 progenitores e 15 combinações segregantes F₁, conduzidas em casa de vegetação em Uberlândia, MG, safra 2023.

Combinação	Caracteres											
	NDM	AIPV	AP	NNT	NNR	NNP	NTV	V1G	V2G	V3G	NSV	PROD
1x1	105,55c	8,62b	43,99b	14,78a	2,33c	13,22a	41,56c	5,11b	12,67b	23,56c	2,46a	17,21c
1x2	107,56c	7,52b	49,57a	17,22a	7,67a	16,33a	124,11a	12,33a	47,22 ^a	60,33a	2,47a	36,93a
1x3	107,00c	7,12b	45,03b	15,00b	6,44a	13,67a	97,11b	9,00b	36,33 ^a	50,67a	2,45a	36,74a
1x4	107,44c	8,37b	44,40b	14,78b	5,11b	13,56a	67,44d	6,33b	20,11b	40,56b	2,51a	27,17b
1x5	107,56c	8,84b	52,33a	16,22a	4,89b	14,67a	83,33c	18,78a	37,67 ^a	26,67c	2,09c	24,12b
1x6	106,67c	9,64b	54,26a	14,78b	4,22b	14,11a	72,56c	11,67a	30,22 ^a	30,22c	2,24b	27,28b
2x2	117,78 ^a	10,11b	46,64b	14,67b	5,33b	12,44a	83,22c	14,00a	40,22 ^a	28,44c	2,17b	23,29b
2x3	111,33b	7,41b	34,26c	15,11b	5,78a	13,78a	90,56c	9,11b	37,78 ^a	42,56b	2,38a	32,19a
2x4	111,89b	7,31b	32,84c	13,78b	6,78a	12,67a	87,22c	13,11a	33,11 ^a	40,78b	2,36a	28,24b
2x5	108,11c	8,31b	57,02a	16,67a	6,33a	14,33a	102,33b	11,56a	34,56 ^a	55,78a	2,48a	34,24a
2x6	109,00c	7,21b	52,85a	12,78b	6,11a	14,56a	99,11b	9,11b	29,44 ^a	58,56a	2,49 ^a	31,34a
3x3	105,78c	8,81b	35,59c	13,33b	4,56b	11,44a	44,89c	3,44b	20,22b	21,11c	2,39 ^a	19,29c
3x4	109,33c	7,64b	36,53c	14,22b	6,78a	13,00a	77,11c	9,67b	27,44 ^a	38,67b	2,35 ^a	29,57b
3x5	106,67c	7,94b	54,88a	14,56b	5,22b	13,22a	78,56c	13,11a	32,78 ^a	32,33c	2,25b	25,90b
3x6	105,00c	7,66b	50,20a	14,22b	6,22a	16,56a	76,78c	7,33b	32,44 ^a	35,89b	2,40 ^a	28,37b
4x4	112,56b	15,43a	45,00b	16,67a	4,33b	14,00a	62,11d	4,44b	20,11b	37,11b	2,54 ^a	20,29c
4x5	105,00c	8,38b	54,29a	15,67a	6,44a	14,44a	88,67c	11,78a	33,33 ^a	42,89b	2,41 ^a	27,27b

continua

Combinação	Caracteres											
	NDM	AIPV	AP	NNT	NNR	NNP	NTV	V1G	V2G	V3G	NSV	PROD
4x6	105,22c	8,67b	46,41b	13,78b	4,44b	12,56a	63,78d	9,67b	20,89b	31,78c	2,39 ^a	24,98b
5x5	105,00c	10,94b	46,30b	12,78b	4,11b	11,11a	33,89e	7,89b	15,56b	10,44d	2,09c	11,98c
5x6	105,00c	8,92b	53,90a	14,22b	4,44b	13,11a	81,67c	13,44a	34,67 ^a	33,33c	2,26b	28,21b
6x6	105,00c	10,48b	44,90b	12,56b	2,56c	11,11a	37,89e	8,78b	23,33b	5,78d	1,91c	14,26c
conclusão												

Médias seguidas de letras semelhantes nas colunas pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 1% de probabilidade. 1: UFUS7101; 2: UFUS8401; 3: UFUS7201; 4: UFUS7910; 5: UFUS7010; 6: BRS511. Abreviaturas: NDM: número de dias para maturidade; AIPV: Altura de inserção da primeira vagem; NNT, NNR e NNP: número de nós totais, ramificados e produtivos, respectivamente; NTV: número de vagens total; V1G, V2G e V3G: número de vagens com, 1, 2 e 3 grãos, respectivamente; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produção de grãos por planta. Fonte: a autora.

Resultados semelhantes aos deste estudo foram encontrados em 21 combinações conduzidas na geração F₁, originadas de sete genitores em dialelo completo sem recíprocos, em casa de vegetação em Gurupi, TO, em que os valores de NDM oscilaram entre 105 e 116 dias (Colombo *et al.*, 2018). Em um estudo utilizando seis genótipos em dialelo parcial com 15 combinações na geração F₁, na Sakha Agricultural Research Station, Egito, os autores obtiveram uma variação de NDM de 118 a 139 dias, resultados superiores aos da presente pesquisa (Abou Sen, 2020).

Para a AIPV (Tabela 6), foram formados dois grupos, sendo um deles constituído pelo genitor UFUS7910, que foi considerado o que apresentou a inserção mais alta (15,43 cm), diferindo estatisticamente dos demais, que oscilaram de 7,12 cm a 10,94 cm, para as combinações UFUS7101 x UFUS7201 e genitor UFUS7010, respectivamente. A altura ideal para a primeira vagem em soja varia de 10 a 15 cm acima do solo, devido à colheita mecanizada, pois essas vagens estão menos propensas a danos durante a colheita e apresentam menores riscos de perdas durante o processo (Bezerra *et al.*, 2017; Prusinski; Nowicki, 2020).

A altura ideal para cultivares comerciais varia de 50,0 a 60,0 cm em solos com topografia plana e de 70,0 a 80,0 cm em topografias acidentadas, já que plantas com alturas superiores a 90,0 cm favorecem o acamamento (Bezerra *et al.*, 2017; Gastl Filho *et al.*, 2022). Para a AP dos genótipos, foram obtidos três grupos estatisticamente distintos, variando entre 49,57 cm (UFUS 7101 x UFUS8401) a 57,02 cm (UFUS8401 x UFUS7010) no grupo A, de 43,99 cm (UFUS 7101) a 46,64 cm (UFUS8401) no grupo B e de 32,84 cm (UFUS8401 x UFUS7910) a 36,53 cm (UFUS7201 x UFUS7910) no grupo C (Tabela 6). Assim, a maioria dos genótipos se adequou aos requisitos.

Em Coimbatore, na Índia, os valores de AP para 25 híbridos F₁ obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores oscilaram entre 24,85 cm e 47,90 cm, resultados inferiores aos obtidos no presente estudo (Nagarajan; Kalaimagal; Murugan, 2017). Nos estudos conduzidos por Prusinski e Nowicki (2020) em quatro anos agrícolas, que analisaram a densidade de plantio e o espaçamento entre linhas no crescimento, desenvolvimento e rendimento da soja, as alturas das plantas variaram de 33,95 cm a 98,85 cm, resultados parcialmente semelhantes aos deste estudo.

Para o NNT (Tabela 6) formaram-se dois grupos, variando de 14,78 a 17,22 nós (Grupo A) e de 12,56 a 15,11 nós (grupo B), sendo que a combinação UFUS 7101 x UFUS8401 obteve o maior número de nós. Para o NNR, houve a formação de três agrupamentos, sendo que o grupo com melhor desempenho foi composto por nove progênies F₁ (5,78 a 7,67 nós), enquanto o grupo com pior desempenho incluiu dois genótipos, UFUS7101 (2,33 nós) e UFUS511 (2,56 nós). Em relação ao NNP, houve a formação de apenas um grupo, variando de 16,33 nós para a combinação UFUS7201 x BRS511 a 11,11 nós para os genitores UFUS7010 e UFUS511. Recomenda-se que as cultivares de soja apresentem entre 17 e 18 nós na haste principal para maximizar o rendimento da soja e garantir uma boa formação de vagens e grãos (Sediya; Silva; Borém, 2015). A média de NNT foi inferior ao indicado e menor do que a obtida por Prusinski e Nowicki (2020), que alcançaram uma média de 20 nós por planta em quatro anos de estudo sobre espaçamento e densidade de plantas na Polônia.

Ao analisar V1G e V2G (Tabela 6), ambos os caracteres relacionados à produção de grãos apresentaram dois grupos significativamente distintos: no V1G, o grupo A variou de 15,56 (UFUS8401 x UFUS7010) a 18,78 vagens (UFUS 7101 x UFUS7010), e o grupo B variou de 3,44 (UFUS7201) a 9,67 vagens (UFUS 7201 x UFUS7910). Para o V2G, o grupo A variou de 27,44 (UFUS 7201 x UFUS7910) a 47,22 vagens (UFUS 7101 x UFUS8401), enquanto o Grupo B variou de 12,67 (UFUS7101) a 23,33 vagens (BRS511). O caráter V3G formou quatro grupos distintos, sendo que o Grupo A apresentou maiores quantidades de vagens, variando de 50,67 (UFUS 7101 x UFUS 7201) a 60,33 vagens (UFUS7101 x UFUS8401), enquanto o grupo D, composto pelo genitor BRS511, apresentou as menores quantidades, com 10,44 vagens.

O caráter NSV (Tabela 6) obteve três agrupamentos, sendo os melhores resultados encontrados em três genitores e onze combinações, variando de 2,39 (UFUS7910 x BRS511) a 2,54 sementes por vagem (UFUS7910), enquanto os menores resultados foram observados no grupo C, que incluiu dois genótipos e uma combinação, variando de 1,91 (BRS511) a 2,09

(UFUS7010) sementes por vagem. Para o PROD, formaram-se três grupos, sendo o Grupo A variando de 31,34 (UFUS8401 x BRS511) a 36,93 g (UFUS 7101 x UFUS8401), e o Grupo C variando de 11,98 (UFUS7010) a 20,29 gramas (UFUS7910). Abau e Gene (2020), em análise da geração F₁, resultante de um dialelo parcial, encontraram valores semelhantes para NSV, de 1,8 a 3,47 sementes por planta, e de 22,78 a 41,63 gramas para a produção de sementes. Em Coimbatore, na Índia, os valores de PROD para 25 híbridos F₁, obtidos a partir dos cruzamentos entre 10 genitores, variaram de 11,07 a 39,59 gramas por planta, resultados próximos aos obtidos neste estudo (Nagarajan; Kalaimagal; Murugan, 2017). Em Viçosa-MG, foram obtidas médias de PROD de 6,84 a 24,38 g por planta em dialelo balanceado com seis genitores e 15 combinações na geração F₂, sem recíprocos em condições de campo, resultados inferiores aos deste estudo (Daronch *et al.*, 2014).

4 CONCLUSÕES

A análise dialélica revela percepções significativas sobre a variabilidade genética e a capacidade de combinação dos genótipos.

Quadrados médios e herdabilidade: Todos os caracteres avaliados apresentam quadrados médios significativos para a capacidade geral de combinação (QCGC) e para a capacidade específica de combinação (QCEC). O caráter NDM (número de dias para maturidade) mostrou um QCGC/QCEC elevado, o que sugere uma predominância da herança aditiva sobre as interações não aditivas, implicando que a seleção pode ser efetiva neste caráter. Além disso, a herdabilidade no sentido amplo (h²) foi alta para a maioria dos caracteres, indicando que a maior parte da variabilidade fenotípica é devido à variabilidade genética e pode ser aproveitada na seleção.

Efeitos da capacidade geral de combinação (CGC): Os efeitos de capacidade geral de combinação dos genitores mostraram variações significativas entre os progenitores. Os genitores UFUS7010 e BRS511 são úteis para a redução de ciclo em soja, enquanto o genitor UFUS8401 se destacou nos caracteres relacionados à produção, apresentando um efeito positivo considerável. Os genitores UFUS7101 e UFUS7201 também contribuíram para o

aumento da produção de grãos. A escolha de genitores com bons efeitos de combinação geral é crucial para o sucesso dos programas de melhoramento genético.

Efeitos da capacidade específica de combinação (CEC): Os efeitos de capacidade específica de combinação (s_{ij}) revelaram interações entre os pares de genitores. As combinações UFUS7101 x UFUS8401 e UFUS7910 x UFUS7010 apresentaram efeito positivo para redução do ciclo, e as combinações úteis tanto para redução de ciclo quanto para aumento da produção de grãos foram UFUS8401 x UFUS7010 e UFUS8401 x BRS511.

Implicações para o melhoramento genético: Esses resultados sugerem que o programa de melhoramento genético de soja deve considerar tanto a capacidade geral quanto a capacidade específica de combinação dos genitores para maximizar a produtividade e a adaptabilidade das novas cultivares. A alta herdabilidade observada para a maioria dos caracteres também implica que as seleções realizadas nas gerações iniciais podem ser eficazes na transmissão de características desejáveis. Em resumo, a análise dialélica realizada neste estudo demonstrou a importância da escolha adequada de genitores e combinações para a melhoria dos caracteres agrônômicos em soja, oferecendo uma base sólida para estratégias de seleção no melhoramento genético.

REFERENCIAS

ABOU SEN, T. M. Gene Action and Combining Ability Analysis in some Soybean Quantitative Characters. *Journal of Plant Production*. V.11, n. 7, p.579-586, 2020.

Disponível em:

https://jpp.journals.ekb.eg/article_110543_4321efb7031590d059b1e308bcca78ea.pdf.

Acesso em: 09 set. 2024.

<https://doi.org/10.21608/jpp.2020.110543>

BAGATELI, J. R.; BAHRY, C. A.; D. A SILVA, R. N. O.; CARVALHO, I. R.; CONTE, G. G.; VILLELA, F. A.; GADOTTI, G. I.; MENEGHELLO, G. E. Estimates of heterosis and combining ability of soybean diallel crossings. *Plant Omic*. v.13, p. 7-17. 2020

Disponível: <https://search.informit.org/doi/abs/10.3316/informit.191900989614654>.

Acesso em: 27 maio 2024.

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

BARROS, L. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em híbridos intervarietais em VPAs de milho no RS. 2020. 114 f. Tese (Doutorado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2020.

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Atributos agronômicos no desenvolvimento de cultivares. In: SILVA, F. L.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (ed.). *Melhoramento da soja*. Viçosa, MG: Editora UFV, 2017. Cap. 4. p. 62-77.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. *Melhoramento de plantas*. 8. ed. Viçosa: UFV, 2021. 284 p.

CHAGAS, P. H. M.; TEODORO, L. P. R.; SANTANA, D. C.; FILHO, M. C. M. T.; CORADI, P. C.; TORRES, F. E.; BHERING, L. L.; TEODORO, P. E. Understanding the combining ability of nutritional, agronomic and industrial traits in soybean F2 progenies. *Scientific Reports*. v. 13, n. p. 17909, 2023. Disponível em:

<https://www.nature.com/articles/s41598-023-45271-4>. Acesso em: 10 set. 2024.

<https://doi.org/10.1038/s41598-023-45271-4>

COLOMBO, G. A.; CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. apacidade 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: 09 set. 2024.

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

CONAB. Acompanhamento da Safra Brasileira de Grãos - Safra 2023/24, Terceiro levantamento, Companhia Nacional de Abastecimento, Brasília, DF, n. 3, v. 11 2023.

Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos>. Acesso em: 14 dez. 2023.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. 4.ed. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, v. 1, 2012, 514 p.

COSTA, N. L.; SANTANA, A. C. Estudo da concentração de mercado ao longo da cadeia produtiva da soja no Brasil. Revista de Estudos Sociais, UFMT, v. 16, p. 111, 2014. Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/res/article/view/1853>. Acesso em: 16 dez. 2023.
<https://doi.org/10.19093/res.v16i32.1853>

DINIZ, R. M. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SOUSA, L. B.; CASTRO, L. H. Comportamento agrônômico de cultivares de soja de ciclo precoce. Enciclopédia biosfera, Goiânia, v.10, n.18, p. 973, 2014. Disponível em: <https://conhecer.org.br/ojs/index.php/biosfera/article/view/2720>. Acesso em: 14 dez. 2023.

EL-SEIDY, E. H.; EL-GARHY, A. E.; MOHMED, E. H. Genetic Diversity and their Effect in Gene Action of Some Soybean Diallel Crosses. Journal of Sustainable Agricultural and Environmental Sciences, v. 1, n. 1, p. 90-104, 2022. Disponível em: https://jsaes.journals.ekb.eg/article_298174.html. Acesso em: 10 set. 2024.

EMBRAPA. O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro. Londrina: Embrapa Soja. 70p. 2014. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/104753/1/O-agronegocio-da-soja-nos-contextos-mundial-e-brasileiro.pdf>. Acesso em: 14 dez 2023.

FAO. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Statistical database. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/data>. Acesso em: 13 dez 2023.

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

FERREIRA, L. U.; MELO, P. G. S.; VIEIRA, R. F.; JUNIOR, M. L.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C.; SOUZA, T. L. P. O. Combining ability as a strategy for selecting common bean parents and populations resistant to white mold. Crop Breeding and Applied Biotechnology, v. 18, p. 276-283, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/yhz4fWZ7rV3JJWdmxk7Shnv/?lang=en>. Acesso em: 07 set 2024.
<https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n3a41>

GASTL FILHO, J.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, C. O. D.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Genetic parameters and selection strategies for soybean progenies aiming at precocity and grain productivity. Ciência e Agrotecnologia, v. 46, p. 1-10, 2022. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/dVRBfhphbqhFPsyJLkqpTJ/>. Acesso em: 08 set. 2024.
<https://doi.org/10.1590/1413-7054202246004322>

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v. 11, n. 2, p. 419-30, 1988.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Science*, [s.l.], v. 9, n. 4, p. 463-493, 1956. Disponível em: <https://www.publish.csiro.au/bi/BI9560463>. Acesso em: 31 mai. 2024.

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

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*. 5 ed. Saint Paul: APS Press, 2015. p. 56-59.

HAMAWAKI, O.T.; SOUSA, L.B.; ROMANATO, F.N.; NOGUEIRA, A.P. O.; SANTOS JÚNIOR, C.D.; POLIZEL, A.C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae*, v. 3, p. 76-83, 2012. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Disponível em: <https://www.comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 02 set. 2024.

HOLTZ, V.; GRELLMANN, D. H.; AZEVEDO, R. O.; KOESTER, B. E. G.; JARDIM, C. C. S.; MASSOLA, M. P.; REIS, R. D. G. E. Perdas na colheita mecanizada de soja utilizando diferentes mecanismos na plataforma de corte. *PUBVET*, Nova Xavantina, v.13, n.2, p.1- 6, 2019. Disponível em:

<https://ojs.pubvet.com.br/index.php/revista/article/view/917>. Acesso em: 15 out. 2024.

<https://doi.org/10.31533/pubvet.v13n2a261.1-6>

INOCENTE, G.; GARBUGLIO, D. D.; ARAÚJO, P. M.; RUAS, P. M. Heritability and combined parental information to define the number of crosses in circulant diallels. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, [s.l.], v. 21, n. 2, e37472125, 2021. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/8gddBxKH356GDPZBx5MMGdc/?lang=en>. Acesso em: 10 set. 2024.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332021v21n2c34>

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para caracteres em feijão-de-vagem. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, CE, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rca/a/m65YyD8nnLtD7kbP58WVQtd/?lang=pt>. Acesso em: 25 nov. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300015>

NAGARAJAN, D.; KALAIMAGAL, T.; MURUGAN, E. Combining ability analysis for yield component and biochemical traits in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill].

International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences, [s.l.], v. 6, n. 11, p.2894-2901, 2017. Disponível em:

<https://www.ijcmas.com/abstractview.php?ID=5261&vol=6-11-2017&SNo=341>. Acesso

em: 09 set. 2024.

<https://doi.org/10.20546/ijemas.2017.611.341>

NASCIMENTO, A. G. G. Análise dialélica e dissimilaridade genética em soja. 2021. 69 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, 2022.

ODA, M. C.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; BARROS, E. G.; FERREIRA, M. F. S. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic improvement. *Agronomy Science and Biotechnology*, Londrina, v. 1, p. 1-9, 2015. Disponível em: <https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/1>. Acesso em: 12 dez. 2023.

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

OTUSANYA, G. O.; CHIGEZA, G.; CHANDER, S.; ABEBE, A. T.; SOBOWALE, O. O.; OJO, D. K.; AKORODA, M. O. Combining ability of selected soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] parental lines. *Indian Journal of Agricultural Research*, v. 56, n. 1, p. 7-11, 2022. DOI: 10.18805/IJARE.A-638. Disponível em: <https://hdl.handle.net/10568/126040>. Acesso: 07 set 2024.

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F. Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F2 generation. *Revista Agrarian*. 12: 286-295, 2019. Disponível em: <https://ojs.ufgd.edu.br/agrarian/article/view/7413>. Acesso em: 24 set. 2024. <https://doi.org/10.30612/agrarian.v12i45.7413>

PRUSINSKI, J.; NOWICKI, R. Effect of Planting Density and Row Spacing on the yielding of Soybean (*Glycine max* L. Merrill). *Plant, Soil and Environment*, v.66, n. 12, p.616-623. 2020. Disponível em: <https://pse.agriculturejournals.cz/pdfs/pse/2020/12/02.pdf>. Acesso em: 09 set. 2024. <https://doi.org/10.17221/403/2020-PSE>

RIBEIRO, G. H. M. R.; PINTO, C. A. B. P. Potenciais genitores visando o melhoramento de batata para aparência de tubérculos e tolerância ao calor. *Revista Cultura Agronômica*, v. 29, n. 1, p. 22-37, 2020. Disponível em: <https://core.ac.uk/download/pdf/304218895.pdf>. Acesso em: 09 set. 2024. <https://doi.org/10.32929/2446-8355.2019v29n1p22-37>

ROCHA, M. R.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; JUNIOR, C. S. M.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L. Combinatorial analysis of agronomic characters in soybean. *Ciência e Agrotecnologia*, v. 43, p. 01-07, 2019. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/cvym94bwtvZYhzhfCQh7SDFK/?lang=en>. Acesso: 07 set 2024. <https://doi.org/10.1590/1413-7054201943028018>

SOARES, S. L.; SIMON, G. A.; ALVARES, R. C.; SILVA, F. H. L. Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parents and F₁ populations. *Revista Ceres*, v. 70, p. 81-90, 2023. DOI: 10.1590/0034-737X202370020010. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rceres/a/j9nQrRY7rvXBkVTrLQmmqnF/?format=pdf&lang=en>.

Acesso em 07 set 2024.

<https://doi.org/10.1590/0034-737x202370020010>

SOUZA, R. S.; BARBOSA, P. A.; YASSUE, R. M.; BORNHOFEN, E.; ESPOLADOR, F. G.; NAZATO, F. M.; VELLO, N. A. Combining Ability for the Improvement of Vegetable Soybean. *Agronomy Journal*. v.112, p. 3535- 3548, 2020. Disponível em:

<https://access.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/agj2.20322>. Acesso em: 05 set. 2024.

<https://doi.org/10.1002/agj2.20322>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A., BARROS, H.B.

Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F₂ de soja no Distrito Federal, Brasil. *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 14, n.1, 2019. Disponível em:

<http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: 02 set. 2024.

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

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. *Journal of Agricultural Science*, v. 153, p. 1059-1068, 2014. Disponível em:

<https://www.cambridge.org/core/journals/journal-of-agricultural-science/article/abs/yield-stability-of-soybean-cultivars-in-response-to-sowing-date-in-the-lower-latitude-brazilian-savannah-highlands/DF3AC94F00FA87BAF67E06014B94F593>. Acesso em: 14 mai. 2024.

<https://doi.org/10.1017/S0021859614000781>

SUSANTO, G.W. A. Estimation of gene action through combining ability for maturity in soybean. *Journal of Breeding and Genetics*, [s.l.], v. 50, n. 1, p. 62-71, 2018. Disponível em: <http://sabraojournal.org/wp-content/uploads/2018/03/SABRAO-J-BreedGenet-50-1-62-71-SUSANTO.pdf>. Acesso em: 31 mai. 2024.

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/DC9dBgcqsmTqxmzvw8gq5rx/?lang=pt>. Acesso em: 20 nov. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2015000200006>

VASCONCELOS, W. S.; SANTOS R. C.; VASCONCELOS U. A. A.; CAVALCANTI J. J. V.; FARIAS F. J. C. Estimates of genetic parameters in diallelic populations of cotton subjected to water stress. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, v. 24, p. 541-546, 2020. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/sy3qsWmQGTzvh5sMF4CQT8k/?lang=en>. Acesso em: 02 set. 2024.

<https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v24n8p541-546>

VOGEL, J. T.; LIU, W.; OLHOFT, P.; CRAFTS-BRANDNER, S. J.; PENNYCOOKE, J. C.; CHRISTIANSEN, N. Soybean yield formation physiology-a foundation for precision breeding based improvement. *Frontiers in plant science*, v.12, 2021 719706. Disponível em:

<https://www.frontiersin.org/journals/plantscience/articles/10.3389/fpls.2021.719706/full>.

Acesso em: 10 set. 2024.

<https://doi.org/10.3389/fpls.2021.719706>

XIONG, Q.; TANG, G.; ZHONG, L.; HE, H.; CHEN, X. Response to nitrogen deficiency and compensation on physiological characteristics, yield formation, and nitrogen utilization of rice. *Frontiers in Plant Science*, [s.l.], v. 9, p.1075, 2018. Disponível em:

<https://www.frontiersin.org/journals/plantscience/articles/10.3389/fpls.2018.01075/full>.

Acesso em: 10 set. 2024

<https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01075>

WALY, F. A.; IBRAHIM, R. A. Combining Ability and Genetic Variance Components of Yield and Yield Components in F1 And F2 Diallel Crosses of Soybean. *Journal of Plant Production*. v. 12, n. 4, p. 435-446, 2021. Disponível em:

https://jpp.journals.ekb.eg/article_169636.html. Acesso em 10 set. 2024.

<https://doi.org/10.21608/jpp.2021.169636>

CAPÍTULO II

ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS PARA PRODUÇÃO DE GRÃOS E PRECOCIDADE NAS GERAÇÕES F_2 E $F_{2:3}$ DE SOJA

RESUMO

Os programas de melhoramento genético visam desenvolver cultivares com alto potencial produtivo, precocidade e resistência a estresses bióticos e abióticos. As avaliações dos parâmetros genéticos no melhoramento de plantas consistem em selecionar indivíduos e progênies promissoras em gerações iniciais de endogamia, como F_2 e F_3 , de forma a avançar apenas genótipos mais produtivos e com características agronômicas superiores. Os objetivos deste trabalho foram estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em populações F_2 e $F_{2:3}$; avaliar diferentes estratégias de seleção de genótipos e selecionar progênies superiores, visando a melhoria de caracteres agronômicos e da produção de grãos. O experimento foi conduzido na Fazenda Experimental Capim Branco, da Universidade Federal de Uberlândia, em Uberlândia, MG. Foram avaliadas populações precoces nas gerações F_2 e $F_{2:3}$, derivadas de um cruzamento biparental entre os genitores SYN1163RR e UFUS7415. Na primeira etapa do experimento foram estimados os parâmetros genéticos de 360 indivíduos na geração F_2 e de 100 indivíduos de cada parental. A herdabilidade variou de 52,41% para altura de planta no florescimento a 89,74% para produção de grãos por planta na geração F_2 . Foram obtidos segregantes transgressivos para os caracteres em estudo, incluindo número de dias para florescimento e maturidade, altura da planta no florescimento, altura da primeira vagem, número de nós totais, ramificados e produtivos, número de vagens com 1 grão e produtividade. Concluiu-se que os maiores ganhos de seleção foram obtidos para os caracteres número de vagens com 2 grãos (85,72%), produtividade (64,31%) e número de nós no florescimento (53,27%), todos relacionados à produção de grãos. Na segunda etapa do experimento foram avaliados 91 genótipos na geração $F_{2:3}$ e seus parentais em delineamento de blocos ao acaso com duas repetições. Cada unidade experimental foi constituída por uma fileira de 1,0 metro com 10 sementes por metro. Foram avaliados parâmetros genéticos, as correlações entre caracteres e os ganhos genéticos obtidos pelos índices de distância genótipo-ideótipo, e pelo índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock (1978). Formaram-se grupos distintos de médias para os caracteres avaliados. A seleção por meio do índice de distância genótipo-ideótipo apresentou

um ganho de seleção total de 169,65%, enquanto o índice da soma de "ranks" de Mulamba & Mock (1978) obteve um ganho total de 174,87%.

Palavras-chave: *Glycine max*, índices de seleção, parâmetros genéticos.

CHAPTER II

ESTIMATES OF GENETIC PARAMETERS FOR GRAIN PRODUCTION AND PRECOCITY IN THE F₂ AND F_{2:3} GENERATIONS OF SOYBEAN

ABSTRACT

Genetic improvement programs aim to develop cultivars with high yield potential, early maturity, and resistance to biotic and abiotic stresses. Evaluations of genetic parameters in plant breeding involve selecting promising individuals and progenies in early inbreeding generations, such as F₂ and F₃, in order to advance only the most productive genotypes with superior agronomic traits. The objectives of this study were to estimate genetic and phenotypic parameters in F₂ and F_{2:3} populations; evaluate different strategies for genotype selection; and select superior progenies, aiming at the improvement of agronomic traits and grain production. The experiment was conducted at the Capim Branco Experimental Farm, Federal University of Uberlândia, in Uberlândia, MG. Early populations in the F₂ and F_{2:3} generations, derived from a biparental cross between SYN1163RR and UFUS7415, were evaluated. In the first stage of the experiment, genetic parameters of 360 individuals in the F₂ generation and 100 genotypes from each parental line were assessed. Heritability ranged from 52.41% for plant height at flowering to 89.74% for grain yield per plant in the F₂ generation. Transgressive segregants were obtained for the traits under study, including days to flowering and maturity, plant height at flowering, first pod height, total number of nodes, branched and productive nodes, number of pods with 1 grain, and yield. It was concluded that the highest selection gains were obtained for the traits number of pods with 2 grains (85.72%), yield (64.31%), and number of nodes at flowering (53.27%), all related to grain production. In the second stage of the experiment, 91 genotypes in the F_{2:3} generation and their parentals were evaluated using a randomized block design with two replications. Each experimental unit consisted of a row of 1.0 meter with 10 seeds per meter. Genetic parameters, correlations between traits, and genetic gains were evaluated using the Genotype-Ideotype distance index and the Mulamba & Mock (1978) rank sum index. Distinct groups of means were formed for the traits under study. Selection through the Genotype-Ideotype distance index resulted in a total selection gain of 169.65%, while the Mulamba & Mock (1978) rank sum index achieved a total gain of 174.87%.

Keywords: *Glycine max*, selection indices, genetic parameters.

1 INTRODUÇÃO

O melhoramento genético da soja é um campo complexo e dinâmico, com o objetivo de desenvolver cultivares com características superiores (Vianna *et al.*, 2019). A eficácia dos programas de melhoramento depende da compreensão e aplicação de estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidade, variâncias genéticas e fenotípicas e número de genes que fornecem a base para a tomada de decisões e a implementação de estratégias eficientes na seleção de indivíduos superiores (Onwubiko; Uguru; Chimdi, 2019).

Nos programas de melhoramento genético, é comum a mensuração de diversos caracteres visando a seleção simultânea de alguns deles. Assim, a linhagem selecionada deve reunir uma série de atributos favoráveis capazes de superar os genitores. A seleção baseada em um ou poucos caracteres pode resultar em alterações desfavoráveis em outros, devido à presença de correlações negativas entre eles. Para mitigar esse problema, uma estratégia amplamente utilizada pelos melhoristas é o emprego de índices de seleção, que permitem agregar múltiplas informações contidas na unidade experimental, visando a seleção com base em um conjunto de variáveis que combine diversos atributos de interesse econômico (Cruz *et al.*, 2012).

Dessa forma, o presente estudo teve como escopo estimar parâmetros genéticos entre caracteres de interesse agrônômico em duas populações segregantes F₂ e F_{2:3} de soja, além de selecionar progênies superiores por meio de índices de seleção, com foco em precocidade e produção de grãos.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local do experimento

O experimento foi realizado em casa de vegetação e campo, na área experimental do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), localizada na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia - MG (18°52' S; 48°20' W e 805 m de altitude).

2.2 Escolha dos genitores, obtenção de sementes híbridas e da população segregante F₂

Para instalação dos blocos de cruzamentos, foram selecionados dois genitores contrastantes com objetivo de desenvolver populações segregantes (Tabela 1).

Tabela 1 – Características das duas cultivares de soja utilizados como genitores

Cultivar	CF	CH	TC	Ciclo (d)	GMR
Genitor ♀					
UFUS7415	Roxa	Roxo	Determinado	110 a 120	7,2
Genitor ♂					
SYN1163RR	Roxa	Roxo	Indeterminado	105 a 112	6,3

CF: cor da flor; CH: cor do hipocótilo; TC: tipo de crescimento; d: dias; GMR: grupo de maturidade relativa; Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU.

O genitor UFUS7415 apresenta resistência às doenças geradas pelos patógenos *Septoria glycines*, *Cercospora sojina*, *Peronospora manshurica*, *Xanthomonas axonopodis* e *Diaporthe phaseolorum*, enquanto o genitor Syn1163RR é resistente às doenças *Diaporthe aspalathi*, *Phakopsora pachyrhizi*, *Cercospora sojina* e *Xanthomonas axonopodis*. A semeadura dos genitores foi realizada em vasos de 5 dm³, contendo como substrato 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. Em cada vaso foram semeadas seis sementes a 3 cm de profundidade, com a semeadura realizada de forma escalonada, a cada três dias, para garantir a sincronia do florescimento dos parentais. No V₅, removeram-se os meristemas apicais das plantas para evitar o estiolamento e favorecer a ramificação.

As adubações foram realizadas a cada 15 dias com NPK, na formulação 02-18-12, e o composto nitrogenado monoamônio fosfato (MAP). Realizaram-se duas irrigações diárias, além de tratos culturais e fitossanitários, incluindo a aplicação de fungicidas e inseticidas, conforme as recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2014). As hibridações artificiais foram feitas por meio da técnica de emasculação das flores, utilizando-se o genitor masculino (SYN1163RR) antes que ocorresse a autofecundação. O pólen foi coletado do genitor feminino (UFUS7415) e aplicado no estigma da flor emasculada, que foi devidamente identificada com uma etiqueta (SEDIYAMA, 2015).

Após o estágio R₈, foi realizada a colheita das vagens, obtendo-se 16 sementes híbridas F₁, que foram semeadas em vasos previamente preparados, de maneira semelhante ao bloco de cruzamento, e mantidas em casa de vegetação. A certificação das sementes híbridas foi feita com base no gene marcador dominante para cor do hipocótilo e cor da flor (SEDIYAMA, 2009).

2.3 Implantação e condução da população F₂

Obteve-se um total de 180 sementes da geração F₂, derivadas da colheita das sementes híbridas F₁, cultivadas em casa de vegetação. A população F₂ foi conduzida na área experimental da Fazenda Capim Branco da UFU. Antes da semeadura, o solo foi preparado com uma aração seguida de duas gradagens (uma grade aradora e uma niveladora), e as linhas foram abertas, espaçadas em 0,5 m. A adubação de semeadura foi realizada manualmente com o fertilizante NPK 08-28-16, na dose de 400 kg ha⁻¹.

As sementes F₂ foram previamente tratadas com uma mistura de fipronil (250 g L⁻¹), piraclostrobina (25 g L⁻¹) e tiofanato-metílico (225 g L⁻¹), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Em seguida, foram semeadas manualmente no dia 22 de setembro de 2021, com a adoção de 3 sementes por metro, espaçadas a 30 cm. No total, foram semeadas 12 linhas de 10 metros, sendo 3 linhas de cada parental (P₁ e P₂) e 6 linhas da geração F₂.

No estágio V₄ foi realizada a aplicação de micronutrientes (cobalto e molibdênio), utilizando uma bomba costal com volume de 20 L (pressão máxima de 5 bar e vazão de 600 ml min⁻¹), além de adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) aplicada a lanço na dose de 150 kg ha⁻¹ (Fehr; Caviness, 1977). O controle de doenças e pragas foi realizado a cada 30 dias, com aplicação de fungicida trifloxistrobina/rotioconazol (0,4 L ha⁻¹) e inseticidas tiametoxam/lambda-cialotrina (150 mL ha⁻¹) e acefato (750 g kg⁻¹), com adição de adjuvante (428 g L⁻¹ de óleo mineral). Foram realizadas duas capinas manuais até o fechamento da cultura.

2.4 Obtenção e condução da geração F_{2:3}

A partir dos dados de produção de grãos por planta dos indivíduos da população F₂, foram selecionadas 92 progênies F_{2:3}, que foram semeadas em campo no dia 12 de novembro de 2022, juntamente com quatro linhas de cada parental por bloco: UFUS7415, SYN1163RR e a cultivar UFUS6901. Adotou-se o delineamento experimental de blocos casualizados com duas repetições. Cada unidade experimental consistiu em uma fileira de 6,0 m com 12 sementes por metro.

O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens (grade aradora + grade niveladora). A abertura das linhas foi feita mecanicamente com um sulcador, mantendo um espaçamento de 0,5 m entre as linhas. A adubação de

semeadura foi realizada manualmente com 400 kg ha⁻¹ do formulado NPK 02-28-16, seguido do revolvimento do adubo com o solo. As sementes foram previamente tratadas com fipronil (250 g L⁻¹), piraclostrobina (25 g L⁻¹) e tiofanato-metílico (225 g L⁻¹), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum*, SEMIA 5079 e SEMIA 5080.

No estágio V₄, foi realizada uma adubação foliar com micronutrientes (cobalto e molibdênio) e uma adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl) a lanço, na dose de 150 kg ha⁻¹ (Fehr; Caviness, 1977). Para o controle de plantas infestantes foram aplicados herbicidas: um pré-emergente (S-metolacoloro, dose de 1,4 L ha⁻¹), capina manual e um pós-emergente (methyl (R)-2, dose de 0,5 L ha⁻¹) quando a soja estava no estágio V₄ (Fehr; Caviness, 1977). O controle de doenças e pragas foi realizado a cada 45 dias, com a aplicação de fungicida trifloxistrobina/protioconazol (0,4 L ha⁻¹) e inseticida tiametoxam/lambda-cialotrina (150 mL ha⁻¹) e acefato (750 g kg⁻¹), com adição de adjuvante (428 g L⁻¹ de óleo mineral).

Durante o período de ausência de chuvas, foi realizada irrigação com aspersores, utilizando uma lâmina de água de 30 mm durante uma hora, com frequência de irrigação a cada três dias.

2.5 Caracteres avaliados nas gerações F₂ e F_{2:3}

As avaliações foram realizadas nas gerações F₂, F_{2:3} e nos parentais SYN1163RR (P₁) e UFUS7415 (P₂). Todos os 180 indivíduos da geração F₂ foram avaliados, juntamente com 25 indivíduos de cada parental (P₁ e P₂). Na geração F_{2:3}, foram selecionados três indivíduos por fileira, incluindo os parentais e as progênes, para a realização das avaliações fenotípicas.

As avaliações realizadas foram:

- Número de dias para a emergência (NDE): número de dias decorridos entre plantio e a emergência (VE);
- Número de dias para o florescimento (NDF): número de dias decorridos entre a emergência (VE) e o aparecimento da primeira flor aberta na haste principal (R₁);
- Número de dias para a maturidade (NDM): número de dias decorrentes entre a emergência (VE) e o estágio (R₈), quando 95% das vagens se encontram na cor característica do genótipo;

- d. Altura da planta no florescimento (APF): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, no florescimento (R_1);
- e. Altura da planta na maturidade (APM): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, na maturidade (R_8);
- f. Altura da primeira vagem (APV): altura medida em centímetros, do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal;
- g. Número de nós no florescimento (NNF): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R_1);
- h. Número de nós totais (NNT): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R_8);
- i. Número de nós produtivos (NNP): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens (R_8);
- j. Número de nós ramificados (NNR): número total de nós com ramificações da haste principal (R_8);
- k. Número de vagens com 1 grão (1G): número total de vagens com um grão, na planta, posterior a colheita;
- l. Número de vagens com 2 grãos (2G): número total de vagens com dois grãos, na planta, posterior a colheita;
- m. Número de vagens com 3 grãos (3G): número total de vagens com três grãos, na planta, posterior a colheita;
- n. Número de vagens totais (NVT): número de vagens totais, na planta, posterior a colheita;
- o. Produção de grãos por planta (PGP): peso total de grãos de soja produzidos por planta, expressa em gramas (geração F_2 e $F_{2:3}$) e
- p. Produção de grãos por fileira (PGF): após a colheita, cada fileira foi trilhada e os grãos beneficiados, em seguida obteve-se o peso de grãos produzidos por fileira, expressa em gramas (geração $F_{2:3}$).

As avaliações fenotípicas foram realizadas de acordo com os estádios fenológicos da soja, determinados pela escala de Fehr e Caviness (1977).

2.6 Análises genético-estatística para geração F₂

As estimativas de médias, variâncias e parâmetros genéticos foram obtidas a partir das informações dos genitores (P₁ e P₂) e da geração F₂. Por meio da análise das gerações, foram obtidas as seguintes estimativas relativas à população segregante F₂:

Variância genotípica em F₂:

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{F(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$$

Sendo:

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$: variância fenotípica em F₂;

$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2$: variância do meio em F₂ – calculada pela seguinte equação:

$$\hat{\sigma}_{m(F_2)}^2 = \frac{\sigma_{P_1}^2 + \sigma_{P_2}^2}{2}$$

Herdabilidade no sentido amplo:

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2}$$

Número de genes envolvido na determinação do caráter:

$$\eta = \frac{R^2(1 + 0.5k^2)}{8\sigma_g^2}$$

Sendo,

R calculado por:

$$R = MAX_{(F_2)} - MIN_{(F_2)}$$

Onde:

n : número de genes;

R : amplitude entre as médias dos genitores;

$\sigma_{g(F2)}^2$: variância genética.

- Predição de ganhos de seleção da população F_2 :

$$DS = \underline{X}_s - \underline{X}_o$$

Sendo:

DS : diferencial de seleção;

\underline{X}_s : média dos indivíduos selecionados em F_2 ;

\underline{X}_o : média da população F_2 .

- Predição do ganho por seleção nas gerações F_2 :

$$\Delta G = \frac{DS H_a^2}{a} \text{ e } GS\% = \frac{\Delta G}{\underline{X}_o}$$

Sendo:

ΔG : ganho de seleção predito;

DS : diferencial de seleção;

H_a^2 : herdabilidade no sentido amplo em F_2 ;

GS (%): ganho de seleção em porcentagem;

\underline{X}_o : média da população F_2 .

2.7 Análise genético-estatística para a geração $F_{2:3}$

A análise de variância (ANOVA) foi realizada por meio do teste de médias de Scott-Knott a 5% de probabilidade. A ANOVA seguiu o modelo estatístico aleatório, considerando delineamento de blocos casualizados e os efeitos de genótipo aleatório.

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

Sendo:

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

μ : média geral do caráter;

G_i : efeito do genótipo considerado aleatório i ;

B_j : efeito do bloco considerado aleatório j ;

ε_{ij} : efeito do erro considerado aleatório.

Foram estimados o coeficiente de variação genotípica (CVg) e a razão entre o coeficiente de variação genotípica e ambiental (CVg/CVe).

$$CVg = \frac{\hat{\sigma}_g}{m} \times 100$$

Sendo:

CVg: coeficiente de variação genético;

$\hat{\sigma}_g$: estimativa do desvio padrão genotípico;

m: média observada do caráter.

A herdabilidade foi estimada com base na equação:

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

$$\sigma^2_g = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Onde:

h^2 : herdabilidade;

σ^2_g : variância genética;

QMT: quadrado médio dos genótipos na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

Adotou-se as seguintes estratégias de seleção: seleção direta, seleção indireta e seleção baseada em índices. Foi determinado o ganho de seleção para os caracteres aplicando intensidades de seleção de 20%.

Os ganhos de seleção (GS) para a seleção direta e indireta foram baseados no diferencial de seleção pelas fórmulas a seguir:

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

Sendo:

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

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

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

H_i^2 : herdabilidade do caráter i;

DS_i : diferencial de seleção praticado na população.

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

Onde:

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

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

A classificação dos genótipos pelo índice de seleção, baseado na soma de "ranks", é realizada conforme a ordem de ganhos favoráveis ao melhoramento. Com base nos ganhos de seleção direta e indireta, soma-se as ordens de cada caráter para o genótipo, resultando em uma medida referida como índice, conforme descrito pela seguinte equação:

$$I = r_1 + r_2 + r_n$$

Sendo:

I : valor do índice para determinado genótipo;

r_j : classificação de um indivíduo para o caráter j;

r_n : número de variáveis consideradas no índice.

Outro índice de seleção analisado foi o da distância genótipo-ideótipo, no qual foram calculadas a média, os valores máximos e mínimos de cada caráter. Considerou-se

X_{ij} como a média do valor fenotípico do caráter j no genótipo i ; Y_{ij} como a média transformada do valor fenotípico; e C_{ij} como a constante relativa à depreciação da média do genótipo.

Deste modo teve-se:

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

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

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

Sendo:

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

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

VO_j : valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo.

Considerou-se então: $C_j = LS_j - LI_j$. Assim, o valor da constante C_j garantiu que qualquer valor de X_{ij} dentro do intervalo de variação em torno do que era satisfatório resultasse em um valor de Y_{ij} com magnitude próxima do valor ótimo (VO_j). Os valores Y_{ij} obtidos por transformação foram então padronizados e ponderados pelos pesos atribuídos a cada caráter conforme a equação:

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

Onde:

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

a_j : peso ou valor econômico da característica.

O valor ótimo para seleção do genótipo foi calculado de acordo com a equação:

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

Posteriormente, foram calculados os índices com base na distância entre os genótipos e o ideótipo (DGI), de acordo com a equação:

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

A ordem de seleção será estabelecida em decréscimo para o número de dias até o florescimento e a maturidade, e em acréscimo para os demais caracteres. As análises estatísticas foram realizadas utilizando o programa computacional genético-estatístico Genes (Cruz, 2016).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

3.1 Parâmetros fenotípicos e genéticos em população F₂ de soja

A análise de médias no estudo da herança e do potencial genético em soja é fundamental para compreender as variações fenotípicas entre os parentais e a contribuição genética para os caracteres em estudo (Borém *et al.*, 2021). A divergência genética entre os parentais é essencial para a investigação da herança e é obtida por meio de cruzamentos envolvendo genitores homozigotos contrastantes para uma determinada característica, permitindo a compreensão da estrutura genética da população e a inferência de sua variância genética (Baldissera *et al.*, 2014). As estimativas de médias dos caracteres agrônômicos dos parentais e da geração F₂ estão apresentadas na Tabela 2. Os parentais SYN1163RR (P₁) e UFUS7415 (P₂) mostraram-se contrastantes para a maioria dos caracteres avaliados, resultando em progênies com elevado efeito heterótico, justificando, assim, a natureza deste estudo.

Na Tabela 2, são apresentadas as médias dos caracteres agrônômicos das gerações P₁, P₂ e F₂. Para o caráter número de dias para o florescimento (NDF) observou-se uma fase vegetativa curta para ambos os parentais e a geração F₂, com uma diferença de menos de 1 dia entre os parentais e 3 dias a mais na geração F₂ em relação ao parental mais tardio (Tabela 2). Em um estudo para a determinação da herança de caracteres relacionados à precocidade e a caracteres agrônômicos em uma população segregante F₂ de soja no município de Uberlândia-MG, os autores encontraram uma média de 50,89 dias até o florescimento, superior à obtida nesta pesquisa (Shigihara *et al.*, 2018). Em outros estudos, para a estimativa de parâmetros genéticos em uma população F_{2:3} de soja, foi observada uma média de 45,92 dias para o florescimento, resultado também acima dos obtidos neste trabalho (Santos *et al.*, 2017).

Tabela 2 – Estimativas de médias de caracteres agrônômicos obtidos nas gerações P₁, P₂ e F₂ em soja cultivada em campo na safra 2020/2021 no município de Uberlândia - MG

Parâmetro	Caracteres	Geração		
		SYN1163RR	UFUS7415	F ₂
Médias	NDF	31,89	31,08	35,20
	NDM	98,05	108,77	102,40
	APF	16,58	39,61	30,02
	NNF	7,44	11,85	8,33
	APM	38,05	52,42	69,23
	APV	5,03	13,79	10,36
	NNT	14,11	13,46	16,76
	NNR	2,94	6,50	5,82
	NNP	13,22	6,50	15,54
	NVT	59,72	89,96	91,57
	NSV	2,17	2,15	2,08
	1G	10,17	12,27	16,59
	2G	28,94	51,42	49,31
	3G	20,61	26,27	25,66
	PGP	91,92	92,83	159,95

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade (cm), respectivamente; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; APV: altura da primeira vagem na haste principal; NNT e NNP: número de nós totais e produtivos na haste principal, respectivamente; NNR: número de nós ramificados; 1G: número de vagens com 1 grão; 2G: número de vagens com 2 grãos; 3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PGP: produção de grãos por planta (gramas). Fonte: a autora.

Para o número de dias até a maturidade, a cultivar SYN1163RR apresentou um ciclo menor, sendo considerada de ciclo precoce, em comparação a cultivar P₂, com uma diferença de 10,72 dias. Os grupos de maturidade relativa (GMR) no estado de Minas Gerais são classificados em: semiprecoce (101 a 110 dias), médio (111 a 125 dias), semitardio (126 a 145 dias) e tardio (acima de 145 dias) (Embrapa Soja, 2013).

É fundamental observar o GMR de cada cultivar, pois este está relacionado aos genes que controlam o florescimento e a maturação. Cada cultivar é posicionada em macrorregiões definidas de acordo com a latitude e a resposta ao fotoperíodo (Alliprandini *et al.*, 2009). A capacidade das cultivares de se adaptarem às diversas regiões produtoras do Brasil depende de genes específicos e de suas interações, que determinam a variabilidade genética (Amaral *et al.*, 2022).

Os alelos dominantes E1, E2 (homólogo de Gigantea [G1a]), E3 (homólogo de Fitocromo A3, PHYA3), E4 (PHYA2), E7, E8, E10 (ou FT4), Tof4 (E1 como 1a, E1 1a), Tof11 (Pseudo-response regulador 3a, PRR3a) e Tof12 (PRR3b), foram identificados como

responsáveis por atrasar a floração (HOU *et al.*, 2023). Para antecipar a floração, foram identificados alelos dominantes como E6/J (Early flowering 3, ELF3), E9 (ou LJ16.1, FT2a), E11, LJ16.2 (FT5a), Tof5 (Fruitfull 2a, FUL2a), Tof16 (Late elongated hypocotyl 1a, LHY1a), Tof18 (Suppressor of overexpression of co 1a, SOC1a) e QNE1 (HOU *et al.*, 2023). De modo geral, com exceção dos genes E6, E9, E11 e J, o alelo dominante dos genes E confere florescimento e maturidade com maiores GMR, enquanto o aumento no número de alelos recessivos resulta em menores GMR (Lin *et al.*, 2021; Samanfar *et al.*, 2017; Wang *et al.*, 2020).

A variação no número de dias para o florescimento é crucial para o posicionamento das cultivares e está associada ao potencial produtivo da cultivar. Cultivares com GMR mais alto, quando posicionadas em latitudes maiores, apresentam plantas mais altas e ciclos mais longos.

Por outro lado, cultivares com GMR mais baixo resultam em plantas menores e ciclos mais curtos (Vilas Boas *et al.*, 2024). A média na geração F₂ para NDF e NDM foi de 35,20 e 102,40 dias, respectivamente, superiores aos valores dos parentais (Tabela 2).

Os caracteres APF, APM, APV e NNT apresentam altos índices de correlação fenotípica e genotípica entre si em linhagens de soja, sugerindo que plantas mais altas na floração também serão mais altas na maturidade, apresentando maior altura na inserção da primeira vagem e número de nós (Leite *et al.*, 2015). Contudo, plantas com altura superior a 100 cm tendem ao acamamento, dificultando a colheita mecanizada da cultura. Para evitar perdas durante a colheita, a altura da primeira vagem indicada é de aproximadamente 15 cm, que corresponde à altura da barra de corte das colhedoras (Almeida *et al.*, 2011).

A população F₂ do presente experimento teve uma média de APF e APM de 30,02 e 69,23 cm, respectivamente, sendo mais altas do que as populações parentais e inferiores ao limite de 100 cm (Tabela 2). A média de 10,36 cm de altura para a primeira vagem na geração F₂ está próxima ao valor indicado e é superior à média do parental P₁ (Tabela 2). Como esperado, devido à correlação positiva entre a altura das plantas e o número de nós, as plantas da geração F₂ apresentaram mais nós do que os parentais, com uma média de 16,76 nós por planta (Tabela 2). Esses nós foram classificados em nós ramificados (NNR) e produtivos (NNP), sendo observadas em média 5,82 ramificações e 15,54 nós que produziram vagens na geração F₂ (Tabela 2). Apesar de a população F₂ não ter superado ambos os parentais em NNR, o valor para NNP foi maior na geração segregante em comparação aos genitores.

O caractere número de vagens totais (NVT) é de extrema importância para o melhoramento genético, uma vez que contribui para o rendimento de grãos (Almeida *et al.*, 2011). No presente trabalho, foram obtidas, em média, 91,57 vagens por planta na geração F₂,

superando os valores dos parentais (Tabela 2). O número de sementes por vagem (NSV), assim como o número de grãos por vagem, são componentes importantes do rendimento e são amplamente utilizados na seleção direta em programas de melhoramento durante experimentos de campo (Jiang *et al.*, 2023). Embora a população F₂ não tenha superado ambos os parentais, apresentou valores elevados de NSV, com médias de 1G, 2G e 3G de 2,08; 16,59; 49,31; e 25,66, respectivamente (Tabela 2).

Um incremento significativo foi observado na produção de grãos por planta (PGP) na geração F₂, que alcançou 159,95 gramas, em comparação a 91,92 gramas do parental P₁ e 92,83 gramas do parental P₂ (Tabela 2). A massa relacionada à produção de grãos por planta na geração F₂ é um caráter de alta correlação com a produtividade em uma população homozigota, sendo um dos principais caracteres de seleção para o melhoramento genético da soja (Smiderle *et al.*, 2019). O cruzamento entre os parentais foi eficiente na obtenção de uma população segregante mais precoce, com um maior número de nós, em particular os nós produtivos, refletindo em uma maior produção de grãos por planta (Tabela 2), o que indica a possibilidade de sucesso na seleção de genótipos superiores.

Para confirmar a viabilidade da seleção de novos genótipos dentro da população F₂, os parâmetros genéticos para os parentais e a geração F₂ foram estimados e descritos na Tabela 3. A estimativa dos parâmetros genéticos associados às características de interesse permite o planejamento de estratégias de seleção nos programas de melhoramento. Os valores estimados de variância, bem como seus componentes genéticos, fenotípico e ambiental, e a herdabilidade, fornecem informações sobre o quanto as características de interesse são geneticamente controladas e transmitidas para as gerações subsequentes (Venconsky; Barriga, 1992).

Tabela 3 – Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade no sentido amplo e número de genes de caracteres agrônômicos obtidos nas gerações P₁, P₂ e F₂, em soja na safra 2020/2021 no município de Uberlândia – MG.

Caracteres	Parâmetros Genéticos				
	δ_F^2	δ_G^2	δ_E^2	h_a^2	Nº G
NDF	30,64	23,51	7,12	76,74	1,72
NDM	87,18	78,89	8,29	90,49	6,48
APF	44,16	23,14	21,01	52,41	4,86
NNF	71,36	70,34	1,01	98,58	16,38
APM	454,17	420,89	33,29	92,67	3,06

continua

Caracteres	Parâmetros Genéticos				
	δ_F^2	δ_G^2	δ_E^2	h_a^2	Nº G
APV	13,17	7,12	6,05	54,06	5,69
NNT	16,96	12,20	4,76	71,95	4,09
NNR	2,09	-0,45	2,55	-21,49	-13,60
NNP	15,64	10,88	4,76	69,58	4,59
NTV	2052,57	1215,06	837,51	59,19	5,73
NSV	0,03	0,02	0,02	50,59	6,12
1G	89,21	47,84	41,37	53,63	12,08
2G	736,30	428,87	307,43	58,25	6,91
3G	319,19	176,80	142,39	55,39	5,60
PGP	6809,95	6111,17	698,77	89,74	3,67
conclusão					

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APV e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade, respectivamente; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; 2G: vagens com 2 grãos; 3G: vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagens; PGP: produção de grãos por planta em gramas; δ^2 : variância fenotípica; δ^2_F : variância genética; δ^2_E : variância ambiental; H^2_a : herdabilidade no sentido amplo; N° G: número de genes.

Fonte: a autora.

Conhecer os componentes de variação dos caracteres de interesse dentro de uma população segregante permite entender sua estrutura genética (Baldissera *et al.*, 2014). No presente trabalho, o caráter PGP apresentou os maiores índices de variância fenotípica (6809,95) e genética (6111,17), enquanto o menor valor de variância fenotípica foi encontrado para NSV (0,03) e o menor valor de variância genética para NNR (-0,45) (Tabela 3). A variância ambiental, por sua vez, oscilou entre 0,02 (NSV) e 837,51 (NTV). Baixas estimativas de variância fenotípica e ambiental para o caráter NSV também foram observadas por Teixeira *et al.* (2017). As elevadas estimativas de variância genética, associadas a menores valores de variância ambiental, indicam a possibilidade de seleção de melhores genótipos nessa população, especialmente para a produção de grãos por planta e o número total de vagens.

A herdabilidade em sentido amplo é calculada pela razão entre a variância genética e a variância fenotípica (Hamawaki *et al.*, 2012). O menor valor de variância genética do caráter NNR refletiu na menor herdabilidade também para esse caráter (Tabela 3). Por outro lado, os caracteres relacionados ao ciclo NDF (76,74%) e NDM (90,49%), à arquitetura vegetal NNF (98,58%), APM (92,67%) e NNT (71,95%), além da produção PGP (89,74%), apresentaram herdabilidade superior a 70% (Tabela 3). A herdabilidade é um parâmetro fundamental para programas de melhoramento, pois indica quanto das características fenotípicas é resultante da

variância genética na população (Hamawaki *et al.*, 2012). A variação observada, entre as estimativas de herdabilidade para os diferentes caracteres avaliados, é esperada e pode ser justificada pela divergência genética entre os parentais (Castro *et al.*, 2018). Valores acima de 70%, são considerados altos, e indicam potencial de sucesso na seleção de genótipos superiores para essas características (Visscher; Hill; Wray, 2008).

Para classificar os caracteres como monogênicos, oligogênicos ou poligênicos, foram estimados o número de genes relacionados ao controle deles. O número de genes oscilou entre -13,60 para o caráter NNR a 19,38 para NNF (Tabela 3). Todos os caracteres avaliados podem ser considerados oligo ou poligênicos, reforçando que se trata de características quantitativas, ou seja, aquelas controladas por muitos genes em vários loci (Bespalkok; Guerra; Oliveira, 2005).

A alta divergência genética entre os parentais, favorece a obtenção de indivíduos transgressivos nas gerações segregantes (Streck *et al.*, 2017). Os segregantes transgressivos são aqueles que apresentam valores fenotípicos superiores ou inferiores aos parentais (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012; Laurindo *et al.*, 2017). A identificação de segregantes transgressivos nos indivíduos da geração F₂ deste trabalho foi realizada por meio da análise dos valores máximos e mínimos encontrados para cada caráter avaliado, os quais estão dispostos na Tabela 4.

Tabela 4 – Valores máximos e mínimos das gerações parentais e F₂, e presença de segregantes transgressivos em soja na safra 2020/2021 no município de Uberlândia – MG

Caracteres	Parâmetros				
	Máx. Pais	Mín. Pais	Máx. F ₂	Mín F ₂	Transgressivo
NDF	53,00	25,00	53,00	35,00	SIM
NDM	144,00	92,00	144,00	80,00	SIM
APF	52,00	12,00	43,00	13,00	SIM
NNF	97,00	1,00	97,00	1,00	NÃO
APM	122,50	21,00	122,50	21,00	NÃO
APV	23,00	4,00	20,50	2,50	SIM
NNT	26,00	4,00	26,00	6,00	SIM
NNR	10,00	1,00	9,00	2,00	SIM
NNP	25,00	3,00	25,00	5,00	SIM
NVT	241,00	5,00	241,00	5,00	NÃO
NSV	2,46	1,60	2,46	1,60	NÃO
1G	35,00	3,00	71,00	3,00	SIM
2G	155,00	1,00	155,00	1,00	NÃO
3G	90,00	1,00	90,00	1,00	NÃO
PGP	436,00	12,30	436,00	12,50	SIM

IS	NDF	IS	NDM	IS	APF	IS	NNF
UFUS 9	38	UFUS 10	99	UFUS 17	37	UFUS 7	11
UFUS 13	38	UFUS 13	106	UFUS 18	42	UFUS 9	9
UFUS 19	38	UFUS 16	106	UFUS 21	37	UFUS 11	10
UFUS 23	38	UFUS 19	101	UFUS 22	36	UFUS 14	10
UFUS 27	38	UFUS 20	92	UFUS 34	35	UFUS 15	10
UFUS 30	36	UFUS 30	101	UFUS 38	39	UFUS 17	9
UFUS 31	36	UFUS 31	101	UFUS 47	43	UFUS 18	10
UFUS 35	36	UFUS 39	106	UFUS 52	42	UFUS 19	9
UFUS 36	38	UFUS 43	99	UFUS 68	36	UFUS 21	10
UFUS 39	38	UFUS 44	101	UFUS 70	35	UFUS 22	10
UFUS 40	38	UFUS 46	94	UFUS 74	37	UFUS 23	9
UFUS 41	38	UFUS 51	106	UFUS 75	40	UFUS 24	9
UFUS 42	38	UFUS 60	94	UFUS 76	38	UFUS 25	9
UFUS 44	36	UFUS 62	94	UFUS 84	35	UFUS 27	9
UFUS 45	36	UFUS 69	103	UFUS 85	36	UFUS 28	9
UFUS 46	36	UFUS 71	104	UFUS 90	41	UFUS 29	10
UFUS 51	38	UFUS 72	104	UFUS 93	40	UFUS 34	9
UFUS 53	38	UFUS 78	94	UFUS 94	41	UFUS 45	10
UFUS 59	36	UFUS 80	80	UFUS 95	39,5	UFUS 52	10
UFUS 60	36	UFUS 82	103	UFUS 96	37,5	UFUS 56	10
UFUS 62	38	UFUS 87	101	UFUS 102	36	UFUS 65	10
UFUS 67	36	UFUS 92	97	UFUS 114	39	UFUS 66	11
UFUS 68	36	UFUS 96	101	UFUS 116	35	UFUS 67	11
UFUS 69	36	UFUS 97	101	UFUS 118	41	UFUS 68	13
UFUS 78	36	UFUS 109	101	UFUS 119	40	UFUS 102	10
\bar{X}_s	50,24	\bar{X}_s	123,72	\bar{X}_s	38,27	\bar{X}_s	12,83
GS(%)	14,78	GS(%)	10,08	GS(%)	14,41	GS(%)	53,27
conclusão							

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APF: altura da planta no florescimento; NNF: número de nós na haste principal no florescimento. Fonte: a autora.

Os caracteres relacionados à altura da inserção da primeira vagem e à altura na maturidade estão principalmente associados à mecanização e ao melhor aproveitamento na colheita de grãos (Carvalho *et al.*, 2010). Foram selecionados indivíduos da geração F₂ com a primeira vagem a uma altura entre 5 e 8 cm (Tabela 6), o que favorece o ajuste da barra de corte das máquinas colhedoras. A altura na maturidade dos selecionados variou entre 87,50 e 122,5 cm, valores maiores proporcionam o desenvolvimento de vagens, ao mesmo tempo em que aumenta o risco de acamamento, o que dificulta a colheita. Em média, os indivíduos selecionados apresentaram 5,98 cm de altura da primeira vagem e 95,12 cm de altura na maturidade, resultando em ganhos de 25,47% e 34,65%, respectivamente. A altura das plantas apresenta alta correlação com o número de nós na haste principal (Leite *et al.*, 2015). Os

genótipos selecionados com maior número total de nós apresentaram entre 20 e 26 nós, com uma média de 22 nós. Também foi possível selecionar genótipos com 6 a 9 nós ramificados, resultando em uma média de 7,72 ramificações. Isso resultou em um ganho de 7,72% no número total de nós, mas uma redução de 7,01% no número de nós ramificados (Tabela 6).

Tabela 6 – Indivíduos selecionados (IS) na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento SYN1163RR x UFUS7415, média dos indivíduos selecionados (\bar{x}_s) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

IS	APV	IS	APM	IS	NNT	IS	NNR
UFUS 1	7,50	UFUS 8	100	UFUS 4	20	UFUS 7	8
UFUS 10	5,50	UFUS 11	122,5	UFUS 7	21	UFUS 15	7
UFUS 16	5	UFUS 21	95	UFUS 8	20	UFUS 16	7
UFUS 17	7	UFUS 22	95,50	UFUS 11	26	UFUS 23	7
UFUS 18	5,50	UFUS 23	95,50	UFUS 15	22	UFUS 26	7
UFUS 26	6	UFUS 28	94	UFUS 21	20	UFUS 27	7
UFUS 27	8	UFUS 29	88,50	UFUS 22	22	UFUS 28	8
UFUS 31	8	UFUS 38	99	UFUS 28	23	UFUS 34	8
UFUS 32	8	UFUS 45	88,50	UFUS 29	22	UFUS 45	9
UFUS 34	3	UFUS 47	98	UFUS 34	21	UFUS 46	8
UFUS 42	2,50	UFUS 48	98,50	UFUS 38	20	UFUS 49	9
UFUS 44	7	UFUS 49	94,50	UFUS 45	21	UFUS 51	7
UFUS 61	6	UFUS 50	88	UFUS 48	22	UFUS 53	8
UFUS 67	7	UFUS 53	98,50	UFUS 49	23	UFUS 57	7
UFUS 69	7	UFUS 54	101	UFUS 53	21	UFUS 58	7
UFUS 72	5,50	UFUS 58	88,20	UFUS 58	23	UFUS 66	8
UFUS 73	6,5	UFUS 70	91,50	UFUS 67	20	UFUS 67	7
UFUS 76	7,50	UFUS 85	88	UFUS 74	20	UFUS 71	7
UFUS 80	5	UFUS 90	87,70	UFUS 75	20	UFUS 72	9
UFUS 82	7	UFUS 93	91,50	UFUS 76	20	UFUS 73	8
UFUS 85	7	UFUS 94	90,20	UFUS 80	20	UFUS 74	9
UFUS 86	6,50	UFUS 98	92	UFUS 85	23	UFUS 76	8
UFUS 89	4,50	UFUS 99	87,50	UFUS 98	22	UFUS 80	7
UFUS 95	6,50	UFUS 100	101	UFUS 99	25	UFUS 83	8
UFUS 101	3	UFUS 102	108	UFUS 102	26	UFUS 84	7
UFUS 104	3,5	UFUS 111	89	UFUS 111	24	UFUS 88	8
UFUS 105	6	UFUS 114	99	UFUS 114	24	UFUS 93	8
UFUS 107	6	UFUS 118	93	UFUS 118	22	UFUS 118	8
UFUS 117	7	UFUS 119	100	UFUS 119	25	UFUS 119	8
\bar{x}_s	5,98	\bar{x}_s	95,12	\bar{x}_s	22,00	\bar{x}_s	7,72
GS(%)	25,47	\bar{x}_s GS(%)	34,65	\bar{x}_s GS(%)	22,47	\bar{x}_s GS(%)	-7,01

APV: altura da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e ramificados, respectivamente. Fonte: a autora.

Na Tabela 7, são apresentados os valores dos melhores genótipos da geração F₂ para os caracteres número de nós produtivos e número de vagens com 1, 2 ou 3 grãos. Esses caracteres são definidos como componentes da produtividade e são utilizados para a seleção indireta de plantas mais produtivas (Leite *et al.*, 2015; Perini *et al.*, 2012). Foram selecionados genótipos com 19 a 25 nós produtivos, 22 a 35 vagens com 1 grão, 62 a 155 vagens com 2 grãos e 35 a 90 vagens com 3 grãos. Em média, os genótipos selecionados produziram 20,52 nós produtivos, representando um aumento de 22,29% em relação aos parentais. Em relação ao número de vagens, observou-se uma média de 29,21, 85,72 e 51,52 vagens com 1, 2 ou 3 grãos, respectivamente. Isso resulta em ganhos de seleção de 40,75% em vagens de 1 grão, 43,01% em vagens de 2 grãos e 55,79% em vagens de 3 grãos (Tabela 7).

Tabela 7 – Indivíduos selecionados (IS) na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento x SYN1163RR x UFUS7415, média dos indivíduos selecionados (\bar{x}_s) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

IS	NNP	IS	1G	IS	2G	IS	3G
UFUS 7	19	UFUS 4	28	UFUS 4	62	UFUS 4	49
UFUS 8	19	UFUS 11	30	UFUS 7	155	UFUS 9	40
UFUS 11	25	UFUS 14	30	UFUS 11	126	UFUS 11	43
UFUS 15	20	UFUS 17	26	UFUS 14	76	UFUS 21	37
UFUS 21	19	UFUS 18	28	UFUS 18	67	UFUS 22	45
UFUS 22	21	UFUS 21	27	UFUS 19	70	UFUS 23	52
UFUS 23	19	UFUS 28	26	UFUS 23	64	UFUS 27	44
UFUS 28	22	UFUS 30	22	UFUS 28	105	UFUS 28	60
UFUS 34	19	UFUS 35	25	UFUS 34	83	UFUS 31	36
UFUS 45	20	UFUS 45	27	UFUS 45	83	UFUS 45	62
UFUS 48	21	UFUS 47	71	UFUS 49	75	UFUS 51	44
UFUS 49	22	UFUS 51	33	UFUS 51	67	UFUS 53	42
UFUS 53	20	UFUS 57	22	UFUS 55	111	UFUS 58	43
UFUS 57	19	UFUS 58	28	UFUS 58	77	UFUS 67	59
UFUS 58	22	UFUS 60	33	UFUS 64	62	UFUS 74	81
UFUS 67	19	UFUS 66	35	UFUS 67	154	UFUS 76	43
UFUS 74	19	UFUS 67	28	UFUS 73	75	UFUS 82	47
UFUS 75	19	UFUS 74	35	UFUS 74	114	UFUS 83	90
UFUS 76	19	UFUS 79	22	UFUS 79	72	UFUS 86	54
UFUS 85	21	UFUS 83	28	UFUS 83	85	UFUS 87	47
UFUS 88	19	UFUS 86	24	UFUS 93	72	UFUS 93	70
UFUS 93	19	UFUS 95	32	UFUS 96	67	UFUS 96	45
UFUS 98	20	UFUS 102	23	UFUS 99	74	UFUS 97	43
UFUS 99	21	UFUS 103	23	UFUS 100	63	UFUS 98	44

continua

IS	NNP	IS	1G	IS	2G	IS	3G
UFUS 102	24	UFUS 105	31	UFUS 102	111	UFUS 102	71
UFUS 111	21	UFUS 107	27	UFUS 111	102	UFUS 108	35
UFUS 114	22	UFUS 112	27	UFUS 112	75	UFUS 114	65
UFUS 118	23	UFUS 114	26	UFUS 114	69	UFUS 118	38
UFUS 119	22	UFUS 119	30	UFUS 119	70	UFUS 119	65
\bar{X}_s	20,52	\bar{X}_s	29,21	\bar{X}_s	85,72	\bar{X}_s	51,52
GS(%)	22,29	GS(%)	40,75	GS(%)	43,01	GS(%)	55,79
conclusão							

NNP: número de nós na haste principal produtivos; 1G: vagens com 1 grão; 2G: vagens com 2 grãos; 3G: vagens com 3 grãos. Fonte: a autora.

Analisando o número total de vagens e o número de sementes por vagem foram selecionados indivíduos que produziram entre 113 e 241 vagens, com cerca de 2,21 a 2,46 sementes por vagem (Tabela 8). Isso resultou em um ganho de seleção de 40,80%, com uma média de 154,69 vagens por planta e 5,14% de aumento na média de 2,29 sementes por vagem. Os caracteres avaliados são importantes indicadores de produtividade, no entanto, a produção de grãos é o principal caráter de interesse nos programas de melhoramento genético de soja (Bonato *et al.*, 2000; Sedyama *et al.*, 2005). Os indivíduos da geração F₂ apresentaram um ganho de 64,31% em produtividade, foram selecionados indivíduos que produziram entre 201,50 e 355,50 gramas de grãos por planta, com uma média de 274,59 gramas (Tabela 8).

Tabela 8 – Indivíduos selecionados na população F₂ de soja, proveniente do cruzamento SYN1163RR x UFUS 7415, média dos indivíduos selecionados (\bar{X}_s) e ganho de seleção (GS %) de caracteres agronômicos.

IS	PGP	IS	NTV	IS	NSV
UFUS 4	318,50	UFUS 4	139	UFUS 5	2,29
UFUS 7	344	UFUS 7	202	UFUS 8	2,40
UFUS 11	345,50	UFUS 11	199	UFUS 9	2,28
UFUS 14	248	UFUS 14	137	UFUS 20	2,25
UFUS 23	270	UFUS 21	119	UFUS 22	2,29
UFUS 28	349,50	UFUS 23	133	UFUS 23	2,26
UFUS 33	201,50	UFUS 28	191	UFUS 24	2,31
UFUS 34	202	UFUS 34	132	UFUS 27	2,30
UFUS 45	335,50	UFUS 45	172	UFUS 31	2,46
UFUS 47	206	UFUS 47	135	UFUS 39	2,20
UFUS 51	247,50	UFUS 51	144	UFUS 53	2,37
UFUS 55	324	UFUS 55	165	UFUS 54	2,22
UFUS 58	277,50	UFUS 58	148	UFUS 56	2,25
UFUS 67	436	UFUS 66	113	UFUS 68	2,26
continua					

IS	PGP	IS	NTV	IS	NSV
UFUS 73	222,50	UFUS 67	241	UFUS 70	2,32
UFUS 74	436	UFUS 74	230	UFUS 82	2,31
UFUS 76	237	UFUS 76	125	UFUS 83	2,31
UFUS 79	237,50	UFUS 79	125	UFUS 85	2,22
UFUS 82	230	UFUS 82	113	UFUS 86	2,23
UFUS 83	355,50	UFUS 83	203	UFUS 87	2,38
UFUS 86	241,50	UFUS 86	132	UFUS 89	2,38
UFUS 93	237,50	UFUS 93	164	UFUS 90	2,26
UFUS 96	208	UFUS 96	133	UFUS 93	2,29
UFUS 97	204	UFUS 99	117	UFUS 97	2,27
UFUS 102	377	UFUS 102	205	UFUS 98	2,25
UFUS 105	204,50	UFUS 111	121	UFUS 102	2,23
UFUS 112	212,50	UFUS 112	123	UFUS 108	2,44
UFUS 114	228,50	UFUS 114	160	UFUS 114	2,24
UFUS 119	225,50	UFUS 119	165	UFUS 119	2,21
\bar{X}_s	274,59	\bar{X}_s	154,69	\bar{X}_s	2,29
GS(%)	64,31	GS(%)	40,80	GS(%)	5,14

conclusão

PGP: produção de grãos por planta, em gramas; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagens; Fonte: a autora.

3.2 Parâmetros fenotípicos e genéticos em população F_{2:3} de soja

As estimativas de parâmetros genéticos, como a variância genética, coeficiente de herdabilidade e os coeficientes de variação genética e ambiental, são fundamentais para a definição de estratégias de seleção em programas de melhoramento genético (Hallauer *et al.*, 2010). Para obter essas estimativas, os indivíduos selecionados na geração F₂ foram cultivados e avaliados na geração F_{2:3}. As estimativas dos parâmetros genéticos da população F_{2:3} estão apresentadas na Tabela 9.

Tabela 9 – Quadrados médios, coeficiente de variação e parâmetros genéticos para os caracteres avaliados em progênies F_{2:3} proveniente do cruzamento SYN1163RR x UFUS7415.

Caráter	QMG	CV (%)	h_a^2	CVg/Cve
NDF	10,70*	1,92	95,23	3,16
NDM	93,77*	1,47	99,71	13,12
APM	372,64*	5,21	95,35	3,20
APV	1,17*	3,43	78,58	1,35
NNT	18,21*	6,97	92,65	2,51
NNP	15,02*	8,17	91,37	2,30

continua

Caráter	QMG	CV (%)	h_a^2	CVg/CVe
NVT	1189,46*	12,25	94,24	2,86
PGP	91,80*	13,96	91,47	2,32
PROD	1691,57*	13,54	91,50	2,32
conclusão				

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta em gramas; PROD: produtividade de grãos. QMG: quadrado médio de genótipo; CV: coeficiente de variação geral; H_a^2 : coeficiente de herdabilidade; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental. Valores seguidos por * são significativos ao nível de 5% de probabilidade para o teste F. Fonte: a autora.

Observou-se variância genética ao nível de 5% de significância pelo teste F para os caracteres avaliados (Tabela 9). A variância genética é um fator fundamental para o sucesso na seleção de genótipos superiores (Nogueira *et al.*, 2012), indicando a possibilidade de seleção de indivíduos com melhores características relacionadas à arquitetura vegetal e à produção de grãos na população avaliada. Esses caracteres apresentaram, também, baixos a médios valores para o coeficiente de variação (CV) (Tabela 9). O CV indica a precisão do experimento e é classificado como baixo quando apresenta valores inferiores a 10%, como observado para NDF (1,92%), NDM (1,47%), APM (5,21%), APV (3,43%), NNT (6,97%) e NNP (8,17%); ou médio quando os valores estimados estão entre 10 e 20%, como para NVT (12,25%), PGP (13,96%) e PROD (13,54%) (Pimentel *et al.*, 2013). Outros autores, avaliando gerações segregantes F_3 em soja na região de Uberlândia – MG, também observaram variância genética e baixos valores de CV para caracteres de importância agrônômica (Borges, 2019; MATOS, 2018; Texeira *et al.*, 2017).

O coeficiente de herdabilidade e a razão CVg/CVe, também foram estimados a fim de entender a proporção da variância referente aos componentes genéticos, indicando, portanto, maiores chances de transmissão às próximas gerações. Um coeficiente de herdabilidade superior a 70% para todos os caracteres é considerado de elevada magnitude (Tabela 9). A razão entre os coeficientes de variabilidade genética e ambiental (CVg/CVe), superior a 1,0 em todos os caracteres apresentados (Tabela 9), corrobora a indicação de elevada contribuição de fatores genéticos promovendo a variância genética neste estudo. Borges (2019) também encontrou valores de herdabilidade superiores a 70% associados a CVg/CVe superiores a 1,0 para os caracteres NDM e PROD em populações F_3 de soja.

Ambos os parâmetros, herdabilidade e CVg/CVe, apontam para o sucesso na seleção de genótipos superiores na população analisada neste trabalho. Portanto, foram estimados os ganhos de seleção para cada caractere, aplicando metodologias de seleção direta, indireta e por

índices de seleção, a fim de identificarmos os 20 indivíduos superiores para os caracteres avaliados.

O objetivo dos programas de melhoramento genético é selecionar genótipos que agrupem características de interesse como ciclo, melhor arquitetura vegetal e, principalmente, maior produtividade de grãos (Lopes *et al.*, 2002). Essas características apresentam alta correlação genotípica, potencializando o sucesso da seleção concomitante para diferentes caracteres (Cruz *et al.*, 2004). Nogueira *et al.* (2012) observaram elevados índices de correlação genotípica entre os caracteres de ciclo, NDF e NDM, e aqueles relacionados à arquitetura, como APM, NNT e APV. Leite *et al.* (2016), analisando genótipos do programa de melhoramento genético de soja da Universidade Federal de Uberlândia observaram que existe correlação entre os caracteres produtividade de grãos e o número de nós e de vagens por planta. Dadas essas altas correlações f aplicou-se a seleção direta e indireta nos indivíduos da população F_{2:3} deste trabalho. Os ganhos de seleção estimados estão apresentados na Tabela 10.

Tabela 10 – Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidas para os caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta em progênies F_{2:3} proveniente do cruzamento SYN1163RR x UFUS7415

Caráter	GS(%)								
	NDF	NDM	APM	APV	NNT	NNP	NVT	PGP	PROD
NDF	-6,63	-3,59	-1,8	-3,44	-0,75	-0,04	6,25	3,95	2,81
NDM	-3,71	-6,95	2,44	-0,08	-1,06	-0,16	4,97	5,11	3,41
APM	-1,53	-0,28	20,52	-2,25	21,47	21,59	21,96	17	16,19
APV	1,1	2,23	4,23	17,17	1,33	2,3	13,77	16,66	16,69
NNT	-0,31	-0,01	18,14	-2,8	23,38	22,53	24,99	18,34	16,57
NNP	-1,27	-1,8	16,29	-4,43	21,8	24,44	24,88	20,34	19,25
NVT	-2,1	-2,21	13,28	3,31	18,18	19,94	50,92	37,94	36,57
PGP	-2,68	-2,52	6,18	5,24	9,42	10,5	39,58	43,74	42,22
PROD	-2,43	-2,39	5,59	4,97	8,77	10,17	38,87	42,78	42,66
Total	3,97	-3,24	114,67	75,59	120,83	119,5	175,83	151,68	148,99

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta em gramas; PROD: produtividade de grãos. Fonte: a autora.

Os maiores ganhos obtidos com a seleção direta (diagonal) foram para os caracteres NVT (50,92%), PGP (43,73%) e PROD (42,66%). Em contraste, Bizari *et al.* (2017) encontraram os maiores ganhos de seleção direta em progênies de soja para APM (27,55%) e NDM (-17,65%).

Os ganhos de seleção direta mostram a possibilidade de redução dos ciclos NDF (-6,63) e NDM (-6,95), além do aumento para NVT, PGP e PROD. Observou-se que a seleção para indivíduos de menor ciclo acarreta ganhos de seleção negativos para os caracteres APV, NNT e NNP (Tabela 10). Existe uma dificuldade nos programas de melhoramento genético em obter genótipos que combinem menor ciclo e maior produtividade de grãos (Lopes *et al.*, 2002). Contudo, a seleção direta para menores valores de NDM neste trabalho, com ganho de seleção de -6,95%, resultou em ganhos positivos para PGP (5,11%) e PROD (3,41%), indicando a possibilidade de selecionar genótipos precoces e produtivos nessa população (Tabela 10). Teixeira *et al.* (2017), ao aplicar a seleção direta ao caractere NDM, obtiveram um ganho de seleção de -4,58% para NDM e um ganho de seleção indireto de 2,02% para PROD. Rigon *et al.* (2012) observaram uma correlação negativa entre o rendimento de grãos e o número de dias para maturidade em 18 cultivares de soja, o que diverge dos resultados deste estudo.

Ao selecionar diretamente o caráter APM (20,52%), obtêm-se ganhos indiretos para NNT, NNP, NVT, PGP e PROD. Os ganhos de seleção indireta do caractere PROD oscilaram entre -2,43% e 42,78%. Contudo, o ganho de seleção ao aplicar a seleção direta do caractere PROD (42,66%) foi ligeiramente inferior ao obtido na seleção indireta desse mesmo caractere. Essa seleção direta para maior produtividade também refletiu em uma redução do ciclo vegetativo (-2,43%) e do ciclo total (-2,39%). Além disso, foram obtidos ganhos de seleção indiretos positivos para todos os demais caracteres analisados: APM (5,59%), APV (4,97%), NNT (8,77%), NNP (10,17%), NVT (38,87%) e PGP (42,78%) (Tabela 10). Essa análise indica a possibilidade de selecionar genótipos com alta produtividade, menor ciclo e melhores características de arquitetura vegetal.

Diferentes estratégias têm sido estudadas para selecionar um conjunto de caracteres de interesse simultaneamente (Rosado *et al.*, 2012). Os índices de seleção foram propostos inicialmente por Smith (1936) com o objetivo de estabelecer um critério que considere a combinação de valores ótimos para diversos caracteres de interesse na cultura estudada. Posteriormente, diferentes metodologias foram desenvolvidas com base nos índices de seleção que devem ser analisadas e escolhidas pelo melhorista para melhor adequação ao experimento (Rosado *et al.*, 2012). Costa *et al.* (2004) ressaltam que os índices de seleção são mais eficientes, gerando maiores ganhos de seleção para caracteres agronômicos em linhagens de soja, destacando o índice baseado na soma de ranks de Mulamba e Mock. Teixeira *et al.* (2017) identificaram, de forma semelhante, os maiores ganhos de seleção quando aplicaram os índices de seleção pela distância genótipo-ideótipo e pela soma de ranks.

Os ganhos de seleção, obtidos pelo índice da soma de ranks e pela distância genótipo-ideótipo, para os indivíduos da população F₃, no presente trabalho, estão apresentados na Tabela 11. O índice da soma de ranks, de Mulamba e Mock, apresentou um ganho total de seleção maior, em comparação ao índice da distância genótipo-ideótipo. Contudo, ao observar individualmente os ganhos de seleção para cada caráter, o índice da soma de ranks permitiu a seleção de genótipos mais precoces, enquanto o índice de seleção pela distância genótipo-ideótipo obteve maiores ganhos de seleção para a produtividade de grãos (Tabela 11).

Tabela 11 – Estimativas do ganho de seleção obtidas após a seleção de índices de seleção proposta por Mulamba & Mock (1978) e na distância genótipo-ideótipo, em progênies F_{2:3} proveniente do cruzamento SYN1163RR x UFUS7415.

	GS(%)	
	Mulamba & Mock (1978)	Distância Genótipo-Ideótipo
NDF	-3,20	-1,91
NDM	-2,88	-2,97
APM	14,98	9,57
APV	3,47	6,20
NNT	19,01	15,33
NNP	21,11	17,61
NVT	47,57	43,22
PGP	38,12	42,05
PROD	36,69	40,55
Total	174,87	169,65

NDF e NDM: número de dias para florescimento e para maturidade, respectivamente; APM: altura da planta na maturidade, respectivamente; APV: altura da primeira vagem; NNT e NNP: número de nós na haste principal totais e produtivos, respectivamente; NVT: número de vagens totais; PGP: produção de grãos por planta em gramas; PROD: produtividade de grãos. Fonte: a autora.

Considerando os ganhos de seleção estimados para a seleção direta e pelos índices de seleção, observou-se que a seleção direta para o caractere produtividade de grãos apresentou um ganho de seleção maior para esse caractere (42,66%) em comparação à soma de ranks (36,69%) e à distância genótipo-ideótipo (40,55%). A seleção direta para produtividade, também contribui para a seleção indireta de genótipos mais precoces, com um ganho de seleção de -2,39% para NDM, próximo ao obtido pela seleção baseada na distância genótipo-ideótipo, que foi de -2,79%. Todos os demais caracteres, apresentaram ganhos de seleção positivos na seleção indireta via produtividade, assim como na seleção por índices (Tabelas 10 e 11). Isso indica que, para a população em estudo, a seleção direta para o caractere produtividade foi mais eficiente em selecionar genótipos superiores que combinam todos os caracteres avaliados.

Ao praticar 20 % de seleção obteve-se 18 genótipos superiores, dentre eles os que foram selecionados para ambos os índices em estudo foram: UFUS03, UFUS12, UFUS15, UFUS34, UFUS48, UFUS52, UFUS66, UFUS68, UFUS74, UFUS76, UFUS83, UFUS85, UFUS86, UFUS87 e UFUS91. Esses genótipos são candidatos ao avanço de geração por apresentarem superioridade nos caracteres analisados.

4 CONCLUSÕES

As estimativas de parâmetros genéticos nas gerações F_2 e $F_{2:3}$, provenientes do cruzamento entre as cultivares UFUS 7415 e SYN1163RR, indicam a existência de variabilidade genética e possibilidade de seleção de genótipos superiores aos parentais.

Médias dos caracteres agronômicos: A geração F_2 apresentou valores médios intermediários ou superiores aos parentais para a maioria dos caracteres, o que reflete o comportamento esperado de uma geração segregante. Caracteres como número de dias para maturidade (NDM) e número de nós produtivos (NNP) apresentaram um incremento em F_2 , quando comparados aos parentais UFUS7415 e SYN1163RR, indicando uma possível combinação positiva de genes de ambos os parentais.

Componentes de variância e herdabilidade: Os altos valores de herdabilidade no sentido amplo (h_a^2), para características como número de nós no florescimento (NNF) (98,58%) e produção de grãos por planta (PGP) (89,74%), indicam que a maior parte da variação observada é devida a fatores genéticos, sugerindo que a seleção para essas características pode ser altamente eficiente. O número estimado de genes envolvidos em características como NDM (6,48) e PGP (3,67), indica que essas características são controladas por múltiplos loci, mas com efeito moderado, possibilitando o progresso em programas de melhoramento.

Valores máximos e mínimos e segregação transgressiva: Houve ocorrência de segregantes transgressivos em várias características, como número de dias para florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), e produção de grãos por planta (PGP). Isso sugere que a recombinação genética permitiu que indivíduos da geração F_2 superassem os valores parentais para essas características. Este fenômeno é vantajoso em programas de melhoramento, pois permite a seleção de indivíduos com valores superiores ao observado nos parentais.

Indivíduos selecionados e ganho de seleção: Os ganhos de seleção (GS%) foram expressivos para várias características, como o número de nós no florescimento (NNF), com um ganho de 53,27%. Isso reflete uma eficiência na seleção de indivíduos superiores dentro da população F₂. Outras características, como altura da planta no florescimento (APF) e número de dias para florescimento (NDF), também tiveram ganhos de seleção significativos, o que sugere que o cruzamento SYN1163RR x UFUS7415 proporcionou uma variabilidade genética adequada para a seleção de indivíduos com melhores características agronômicas.

Seleção direta e indireta e índices de seleção: A seleção direta para o caractere produtividade de grãos na geração F_{2:3} é o mais indicado comparado a seleção por índices baseado na soma de ranks de Mulamba & Mock e na distância genótipo-ideótipo na população em estudo. A seleção direta para o caractere produtividade de grãos foi eficiente em selecionar indivíduos mais produtivos e com menor ciclo.

O índice da distância genótipo-ideótipo apresentou ganho de seleção total de 169,65% e o índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) obteve um ganho total de 174,87%.

Os genótipos selecionados em ambos os índices em estudo na geração F_{2:3} foram: UFUS03, UFUS12, UFUS15, UFUS34, UFUS48, UFUS52, UFUS66, UFUS68, UFUS74, UFUS76, UFUS83, UFUS85, UFUS86, UFUS87 e UFUS91.

REFERÊNCIAS

ALIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; Cavassim, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; OLIVEIRA, M. A. R.; PITOL, C.; PRADO, L. C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. *Crop science*, v.49, n.3, p.801-808, 2009. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.2135/cropsci2008.07.0390>. Acesso em: 18 set. 2024
<https://doi.org/10.2135/cropsci2008.07.0390>

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: 20 set. 2024

AMARAL, L. O.; MIRANDA, G. V.; VAL, B. H. P.; SILVA, A. P.; MOITINHO, A. C. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Artificial Neural Network for Discrimination and Classification of Tropical Soybean Genotypes of Different Relative Maturity Groups. *Frontiers in Plant Science*, [s. l.], v.13, p.1-8, 2022. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2022.814046/full>. Acesso em: 18 set. 2024
<https://doi.org/10.3389/fpls.2022.814046>

BARCELLOS, G.A.; MARKS, P.; PUNTEL, S.; CERA, J.C. Influência do grupo de maturidade relativa e época de semeadura na produtividade final de cultivares de soja. In: *Anais do I Congresso online para aumento da produtividade de soja 2018*. Santa Maria, RS.

BESPALHOK, J. C.; GUERRA, R. A.; OLIVEIRA, E. P. Noções de genética quantitativa. 2005.

BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) *Soja: do plantio à colheita*. UFV, Viçosa, 2015, p. 09-26.

BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Seleção de genitores. In: SILVA, F.L., BORÉM, A., SEDIYAMA, T., LUDKE, W. (Eds). *Melhoramento da Soja*. UFV, Viçosa, 2017. Cap. 8. p. 173-195.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. *Revista Ciência Agronômica*, Ceará, v. 48, n. 1, p.110-117, 2017. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCmJn6s7DJR/>. Acesso em: 17 set. 2024.
<https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

BONATO, E. R.; BERTAGNOLLI, P. F.; LANGE, A.R.; RUBIN, S. A. L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidas após 1990. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.

35, p. 2391-2398, 2000. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/pab/a/RqDFpHksqvPMYXttvxXs64w/?lang=pt>. Acesso em: 15 set. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2000001200009>

BORÉM, A.; ALMEIDA, L. A.; KIHIL, R. A. S. Hibridação Artificial de Plantas, Viçosa: Editora UFV, 2009.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. Melhoramento de Plantas. 8. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2021.

BORGES, B. A. M. Análise de gerações e seleção de progênies superiores para produção de grãos em soja. 2019. 47 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Bioquímica) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia 2020. DOI <http://dx.doi.org/10.14393/ufu.di.2019.2099>
<https://doi.org/10.14393/ufu.di>

BUENO, T. V. Capacidade combinatória de genitores de soja nas gerações F 1 e F 2 visando melhoramento para precocidade e produtividade de grãos. Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, MG, 2017. Disponível em:
<https://locus.ufv.br/items/dbd66d72-7fcf-4faa-8644-c1c4c52343ad>. Acesso em: 12 mar. 2024.

CARVALHO, L. M. de; BASTOS, E. K. X. Desempenho do PIB no quarto trimestre de 2022. 2023.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [Glycine max (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. Ciência e Agrotecnologia, Lavras, v. 34, n. 4, p.892-899, 2010. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/cagro/a/MCHfTYsKqNvM5RBVybTtvDd/>. Acesso em: 05 fev. 2024.
<https://doi.org/10.1590/S1413-70542010000400014>

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

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Custos de produção, Brasília, DF, 2023. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/custos-de-producao.html>. Acesso em: 15 dez 2023.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção 74 em populações segregantes de soja. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102, 2004. Disponível em:
<https://www.scielo.br/j/pab/a/g3FZLSyHd9ZxzBGdw5TQsJf/>. Acesso em: 12 dez. 2023.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>

CRUZ, C. D. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, v.35, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético Viçosa: Imprensa Universitária, 2004.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. Métodos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012.

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, MG, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/18208>. Acesso em: 15 set. 2024.

DEL CONTE, M. V. Uso de modelos mistos no melhoramento da soja para teores de óleo e proteína nos grãos. 2017. 60f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2017.

DONG L.; FANG C.; CHENG Q.; SU T.; LINGINP K. K.; ZHANG C.; LI H. Y.; HOU Z.; ZHANG Y. H.; CHEN L. Y.; YUE L.; WANG L.; WANG K.; LI Y.; GAN Z.; HUIYUAN X.; WELLWE J. L.; LU S.; KONG F.; LIU B. Genetic basis and adaptation trajectory of soybean from its temperate origin to tropics. *Nature Communications*, v. 12, n. 1, p. 5445, 2021. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41467-021-25800-3>. Acesso em: 22 dez. 2023.
<https://doi.org/10.1038/s41467-021-25800-3>

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA - EMBRAPA SOJA. Tecnologias de produção de soja - Região Central do Brasil 2014. Londrina: Embrapa Soja, 2013.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Acesso em: 10 fev. 2024.

HALLAUER, A.R.; CARENA, M.J.; MIRANDA FILHO, J.B. Quantitative genetics in maize breeding. New York: Springer, 2010. 663p. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0_12

HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. *Comunicata Scientiae*, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012. DOI: <https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/view/192>. Acesso em: 19 set. 2024.

HOU, Z.; FANG. C.; LIU, B.; YANG, B.; KONG, F. Origin, variation, and selection of natural alleles controlling flowering and adaptation in wild and cultivated soybean. *Molecular Breeding*, [s. l.], v. 43, n. 36, p. 1-15, 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032->

023-01382-4. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-023-01382-4>. Acesso em: 23 set. 2024.

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: BOERMA, H. R.; SPECHT, J. E. (Eds.). Soybeans: improvement, production and uses. Madison: American Society of Agronomy, p. 97-136, 2004.
<https://doi.org/10.2134/agronmonogr16.3ed.c4>

JIANG, G.L.; RAICAN, I.; ZHANG, Y.M.; HAN, T.; MIAN, R. Editorial: Soybean molecular breeding and genetics. *Frontiers in Plant Sci.* v.14, p.01-04, 2023. DOI: 10.3389/fpls.2023.1157632. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2023.1157632/full>. Acesso em: 18 set. 2024.

LEITE, W. S.; W., PAVAN, B. E.; FILHO, C. H. A. M.; FEITOSA, F. S.; de OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. *Nativa, Sinop, Mato Grosso*, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015. Disponível em: <https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/nativa/article/view/2303>. Acesso em: 12 set. 2024.
<https://doi.org/10.14583/2318-7670.v03n04a03>

LENHARDT, G. M.; CARVALHO, I. R.; LORO, M. V.; PORT, E. D.; LAUTENCHLEGER, F.; PRADEBON, L. C. Agronomic performance in different segregating soybean progenies. *Agropecuária Catarinense*, v. 36, n. 1, p. 73-80, 2023. Disponível em: <https://publicacoes.epagri.sc.gov.br/rac/article/view/1341>. Acesso em: 18 set. 2024.
<https://doi.org/10.52945/rac.v36i1.1341>

LIU, L.; PRENGER, E.; ZHANG, J.; POUÇO, B.; ROUF MIAN, MA; LI, Z. Impact of genotype, seed composition, agronomic traits, and environment on soybean test weight. *Journal of Crop Improvement, Londres*, v.33, p.711-729, 2019. Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2019.1659205>. Acesso em: 19 set. 2024.
<https://doi.org/10.1080/15427528.2019.1659205>

LOPES, Â. C. D. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. D. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. *Scientia Agrícola*, v. 59, p. 341-348, 2002. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/sa/a/hWd7cv3wMJ5tHP4zwwhGdSk/>. Acesso em: 18 set. 2024.
<https://doi.org/10.1590/S0103-90162002000200021>

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; FERREIRA, S. da C.; GLASENAPP, J. S. Híbridaç o. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). *Melhoramento Gen tico da Soja*. Londrina: Mecenass, 2015, p. 57-72.

MATTOS, T. P. Heran a da produtividade e caracteres agron micos. 74f. Disserta o (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberl ndia, Uberl ndia, 2018.

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

NOGUEIRA, A. P. O. et al. Estádio de desenvolvimento. In SEDIYAMA, T. 2013. Tecnologias de produção de sementes de soja. Londrina Mecenass, 2013, p. 15-44.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. Bioscience Journal, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576>. Acesso em: 15 set. 2024.

ONWUBIKO, N. C.; UGURU, M. I.; CHIMDI, G. O. Estimates of Genetic Parameters in Bambara Groundnut {*Vigna subterranea* (L.) VERDC.}. Plant Breeding and Biotechnology, [s.l.], v. 7, n. 4, p. 295-301, 2019. Disponível em: <https://www.plantbreedbio.org/journal/view.html?volume=7&number=4&spage=295&year=2019>. Acesso em: 24 jan. 2024.
<https://doi.org/10.9787/PBB.2019.7.4.295>

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F.; DIDONE, C. A. Rust effect estimation in soybean crosses for tolerance to Asian rust. Ciência Rural, Santa Maria, v. 48, n. 3, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cr/a/wK83QX3SqyDSSM9fBvY9PyG/>. Acesso em: 24 fev. 2024.
<https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170496>

PERINI, L. J.; FONSECA, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. Semina: Ciências Agrárias, v. 33, p. 2531-2544, 2012. Disponível em: <https://ojs.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/8048>. Acesso em: 25 jan. 2024.
<https://doi.org/10.5433/1679-0359.2012v33Supl1p2531>

PIMENTEL, A. J. B.; SOUZA, M. A.; CARNEIRO, P. C. S.; ROCHA, J. R. A. S. C.; MACHADO, J. C.; RIBEIRO, G. Análise dialélica parcial em gerações avançadas para seleção de populações segregantes de trigo. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasileira, v. 48, p. 1555-1561, 2013. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/kffr8skQzRWTgfXZgwxzybJ/?lang=pt>. Acesso em: 02 mar. 2024.
<https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013001200004>

ROCHA, G. A. F.; PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A. Potential of soybean crosses in early inbreeding generations for grain yield. Crop Breeding and Applied Biotechnology. [s.l.], v. 18, p. 267-275, 2018. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cbab/a/DgSRcNgcR857cz4LJyKQYVj/?lang=en>. Acesso em: 23 fev.

2024.

<https://doi.org/10.1590/1984-70332018v18n3a40>

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/rcceres/a/KmpTGhgpXVNFL7nZn3LgGct/?lang=en>. Acesso em: 14 mar. 2024.

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

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; FERRAZ, E. C.; CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.;

SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. Revista Ceres, Viçosa, v. 58, n. 6, p.755-764, 2011. Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rcceres/a/gqsm6x44qjNwLc5jnfzYXmN/?lang=pt>. Acesso em: 22 jan. 2024.

<https://doi.org/10.1590/S0034-737X2011000600012>

SANTOS, E. R.; SPEHAR, C.R.; PEREIRA, P.R.; CAPONE, A.; BARROS, H.B.

Parâmetros genéticos e avaliação agronômica em progênies F2 de soja no Distrito Federal, Brasil. Revista Brasileira de Ciências Agrárias, Recife, v. 14, n.1, 2019. Disponível em:

<http://www.agraria.pro.br/ojs32/index.php/RBCA/article/view/v14i1a5625>. Acesso em: 19 fev. 2024.

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

SANTOS, M. F.; MOLLER, M.; CLOUGH, S. J.; PINHEIRO, J. B. Heritability of agronomic traits correlated with reduced stink bug damage in a F2:3 soybean population derived from IAC-100. Journal of Crop Improvement, Manhattan v.32, n.1, p.1-18, 2017.

Disponível em: <https://www.tandfonline.com/doi/abs/10.1080/15427528.2017.1370404>. Acesso em: 15 set. 2024.

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

SEDIYAMA, T. Produtividade da Soja. Viçosa: Editora UFV, 2016.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. Produtividade da soja. Londrina: Mecenas, 2016, p. 11-29.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.). Melhoramento de espécies cultivadas. Viçosa: Editora UFV, 2005. p. 553- 604.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, F. 2015. Soja: do plantio a colheita. Viçosa, MT: Ed. UFV, 2015.

SHIGIHARA, D.; SHIGIHARA, C. M. B.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; MATTOS, T. P. Análise de geração em população de soja visando produtividade de grãos. In: VIII Congresso Brasileira de Soja. Anais VIII Congresso Brasileiro de Soja. Goiânia, 2018.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; SOARES, M. M. Época de semeadura. In: SEDIYAMA, T. (ed.). Produtividade da Soja. Londrina: Mecenias, 2016, p.125-141.

SILVA, F. C. S. et al. Importância Econômica e Evolução do Melhoramento. In: SILVA, F. et al. (Orgs.). Melhoramento da Soja. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2017, v. 1, p. 9-26.

SILVA, F. M da; PEREIRA, E. de M.; VAL, B. H. P; PERECIN, D.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Strategies to select soybean segregating populations with the goal of improving agronomic traits. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 40, 2018. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.39324>

SPEHAR, C. R.; FRANCISCO, E. R.; PEREIRA, E. A. Yield stability of soybean cultivars in crop seasons and sowing dates at low latitude Brazilian Savannah Highlands. *Journal of Agricultural Science*, [s.l.], v.153, n.6, p.1059-1068, 2014. DOI: 10.1017/S0021859614000781. <https://doi.org/10.1017/S0021859614000781>

STRECK, E. A.; AGUIAR, G. A.; MAGALHÃES JÚNIOR, A. M.; FACCHINELLO, P. H. K.; DE OLIVEIRA, A. C. Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170011>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/xFp46tQ9QdJbPx4HZCqB47F/?lang=pt>. Acesso em: 12 mar. 2024.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. *Genetics and Molecular Research*, Ribeirão Preto, v. 16, n. 3, 2017. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28973733/>. Acesso em: 24 abr. 2024. <https://doi.org/10.4238/gmr16039750>

VASCONCELOS, E. S.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Produtividade de grãos, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja de ciclos precoce e médio. *Semina: Ciências Agrárias*, Londrina, v. 36, n. 3, p.1203-1214, 2015. Disponível em: <https://ojs.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/view/12818>. Acesso em: 17 fev. 2024. <https://doi.org/10.5433/1679-0359.2015v36n3p1203>

VENCOVSKY, R e BARRIGA, P. Genetica biometrica no fitomelhoramento. Ribeirao Preto: Sbg.

VIANNA, M. S.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; GOMES, G. F.; HAMAWAKI, R. L.; SILVA, C. O. Selection of lineages, genetic parameters, and 127 correlations between soybean characters. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 35, n. 5, p. 1300-1314, 2019. Disponível em:

<https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42656>. Acesso em: 20 jan. 2024.
<https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42656>

VILAS BOAS, M. E.; MIRANDA, G. V.; LUNKES, L. L.; ROCHA, D. M. Diversidade e potencial produtivo de populações segregantes de soja para regiões de baixa altitude e alta temperatura. *Concilium*, v.24, n.2, p.450-465, 2024.
<https://doi.org/10.53660/CLM-2754-24B13B>

VISSCHER, P. M.; HILL, W. G.; WRAY, N. R. Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. *Nature reviews genetics*, [s.l], v. 9, n. 4, p. 255, 2008. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrg2322>. Acesso em: 14 fev. 2024.
<https://doi.org/10.1038/nrg2322>

SMIDERLE, O. J.; SOUZA, A. G.; GINALUPPI, V.; GIANLUPPI, D.; COSTA, K. N. A.; GOMES. Correlação entre componentes de produção de soja BRS tracajá e diferentes densidades de plantas no cerrado Roraima. *Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável*, v.9, n.1, p.34-40, 2019. Disponível em: <https://periodicos.ufv.br/rbas/article/view/3065>. Acesso em: 25 fev. 2024.
<https://doi.org/10.21206/rbas.v9i1.3065>