

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

BRUNO DE MORAES NUNES

PARÂMETROS GENÉTICOS, ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA

UBERLÂNDIA - MG

2026

BRUNO DE MORAES NUNES

PARÂMETROS GENÉTICOS, ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA

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

Área de concentração: Produção Vegetal

Orientadora: Profa. Dra. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA - MG

2026

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

---

N972p  
2026

Nunes, Bruno de Moraes, 1982-  
Parâmetros genéticos, estratégias de seleção e diversidade genética  
em genótipos de soja [recurso eletrônico] / Bruno de Moraes Nunes. -  
2026.

Orientadora: 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.2026.5511>  
Inclui bibliografia.  
Inclui ilustrações.

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

CDU: 631

---

André Carlos Francisco  
Bibliotecário-Documentalista - CRB-6/3408



# UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

Secretaria da Coordenação do Programa de Pós-Graduação em  
Agronomia

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

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



## ATA DE DEFESA - PÓS-GRADUAÇÃO

Programa de Pós-Graduação em:	Agronomia				
Defesa de:	Tese, 004/2026, PPGAGRO				
Data:	Vinte e cinco de fevereiro de dois mil e vinte e seis	Hora de início:	14:50	Hora de encerramento:	18:00
Matrícula do Discente:	12213AGR003				
Nome do Discente:	Bruno de Moraes Nunes				
Título do Trabalho:	PARÂMETROS GENÉTICOS, ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA				
Área de concentração:	Produção Vegetal				
Linha de pesquisa:	Melhoramento de Plantas				

Reuniu-se por videoconferência, a Banca Examinadora, designada pelo Colegiado do Programa de Pós-graduação em Agronomia, assim composta: Professores Doutores: Ana Carolina Silva Siquieroli - UFU; Larissa Barbosa de Sousa - UFU, Gustavo Henrique Freiria - UEMG; Polianna Alves Silva Dias - IF-Goiano; Ana Paula Oliveira Nogueira - UFU orientador(a) do(a) candidato(a).

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

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

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 **Larissa Barbosa de Sousa, Professor(a) do Magistério Superior**, em 25/02/2026, às 18:01, 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 **Ana Carolina Silva Siquieroli, Professor(a) do Magistério Superior**, em 25/02/2026, às 18:02, 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 **Ana Paula Oliveira Nogueira, Presidente**, em 25/02/2026, às 18:05, 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 26/02/2026, às 09:59, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



Documento assinado eletronicamente por **Gustavo Henrique Freiria, Usuário Externo**, em 26/02/2026, às 17:25, conforme horário oficial de Brasília, com fundamento no art. 6º, § 1º, do [Decreto nº 8.539, de 8 de outubro de 2015](#).



A autenticidade deste documento pode ser conferida no site [https://www.sei.ufu.br/sei/controlador\\_externo.php?acao=documento\\_conferir&id\\_orgao\\_acesso\\_externo=0](https://www.sei.ufu.br/sei/controlador_externo.php?acao=documento_conferir&id_orgao_acesso_externo=0), informando o código verificador **7087831** e o código CRC **1325A23D**.

BRUNO DE MORAES NUNES

PARÂMETROS GENÉTICOS, ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO E DIVERSIDADE  
GENÉTICA EM GENÓTIPOS DE SOJA

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

Área de concentração: Produção Vegetal

Uberlândia, 25 de fevereiro de 2026

Banca Examinadora:

---

Ana Carolina Silva Siquieroli – Doutora (UFU)

---

Larissa Barbosa de Sousa – Doutora (UFU)

---

Gustavo Henrique Freiria – Doutor (UEMG)

---

Polianna Alves Silva Dias – Doutora (IF-Goiano)

Dedico este trabalho:

A Deus;

Aos meus pais, Milton e Lázara Maria;

Ao meu filho, Milton Luiz.

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelas graças recebidas, mesmo sem que eu as merecesse; à Nossa Senhora e ao meu Santo Anjo da Guarda, por me guiarem e iluminarem em todos os momentos.

Aos meus pais, pelo exemplo pessoal e profissional, por todo o amor e carinho que sempre me dedicaram e por me incentivarem constantemente aos estudos.

À minha esposa, Paula Cristina, por seu apoio incondicional e por estar sempre presente ao meu lado.

À professora Dra. Ana Paula, por seu exemplo profissional, respeito, responsabilidade e virtudes; pelos ensinamentos nas disciplinas de Melhoramento da Soja e Modelos Biométricos; pelo valioso tempo dedicado à realização das análises estatísticas; e por toda a orientação recebida ao longo desta jornada acadêmica.

Ao professor Dr. Osvaldo T. Hamawaki, por me acolher no Programa de Melhoramento da Soja - UFU e pelos ensinamentos transmitidos nas aulas de Cultura da Soja.

Ao engenheiro agrônomo e amigo de infância, Breno A. A. Goya, pela amizade e auxílio nos experimentos; a seu pai, o engenheiro agrônomo e referência profissional Sr. Pedro; à sua mãe, Sra. Leila; e aos seus irmãos, por me acolherem com amor e carinho tantas vezes em Uberlândia.

Aos colegas do PM Soja – UFU, Alex Santana, Anna Regina Carneiro, Bruna Borges, Carolina Silva, Fernanda Bernardes, Morganna Teixeira, Layara Carvalho, Lorryne Lucinda, Paula Rabelo e Fábio Serafim, pelo companheirismo durante as disciplinas da pós-graduação e pelo auxílio nas atividades da fazenda. Agradeço também aos ex-alunos da UEMG, ao colega do PM Soja – UFU Josef Gastl e a Vitor Batista (Catra), colega do PPG-Agro e estagiário na época, pelo auxílio nos experimentos e pela amizade.

Ao Borges e à Kátia, por toda a dedicação e auxílio na condução dos experimentos na Fazenda Capim Branco.

A todos os funcionários da Fazenda Capim Branco, ao Dr. Marcos Vieira e às secretárias do Programa de Pós-Graduação em Agronomia, Mariana e Palloma.

“A exemplo do seu mestre, Santo Agostinho, seguindo a própria vocação pessoal, Gregor Mendel, na observação da natureza e na contemplação do seu Autor, soube num mesmo impulso unir a pesquisa da verdade com a certeza de a conhecer já no Verbo criador, luz semeada em cada homem e refulgente no íntimo das leis da natureza, que o estudioso pacientemente decifra.”

(Papa João Paulo II, 1984)

## RESUMO

Esta tese foi dividida em três capítulos. No primeiro capítulo, o objetivo foi estudar a capacidade combinatória de três genitores por meio de cruzamentos dialélicos, utilizando o método I de Griffing (1956). Os efeitos aditivos apresentaram maior relevância do que os não aditivos para todos os caracteres avaliados. O progenitor TMG 801 contribuiu para o aumento da maior parte dos caracteres avaliados, ao passo que o progenitor BRSGO 7560 contribuiu para sua redução. O cruzamento mais promissor para a redução do ciclo foi o BRSGO 7560 x TMG 801, enquanto, para o aumento da produção de grãos, destacou-se o cruzamento UFUS 7415 x TMG 801. A combinação que apresentou os valores mais favoráveis para redução do ciclo e aumento da produção de grãos foi TMG 801 x BRSGO 7560. No segundo capítulo, o objetivo foi desenvolver três populações de soja e estimar parâmetros genéticos e ganhos por seleção, visando a redução do ciclo e ao incremento da produção de grãos, por meio da análise de gerações. No geral, em cada combinação, as médias dos caracteres agrônômicos e de produção nas gerações  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$  foram intermediárias em relação à de seus parentais, e os valores dos retrocruzamentos mostraram-se próximos aos de seus respectivos genitores. Os valores de herdabilidade no sentido restrito (%) na combinação BRSGO 7560 x TMG 801 foram: NDF (114,66%), NTV (102,21%) e PG (69,02%); na combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 foram: NTV (94,06%) e PG (104,91) %; e na combinação TMG 801 x UFUS 7415 foram: NDF (94,84%), NDM (168,40%), NTV (71,05%) e PG (70,69%). Os maiores ganhos por seleção para a redução do ciclo (NDM) foram obtidos na combinação TMG 801 x UFUS 7415 (-21,09%), enquanto, para o aumento da produção de grãos (g), os maiores ganhos foram observados na combinação TMG 7161RR x UFUS 7415 (97,88%). No terceiro capítulo, o objetivo foi avaliar diferentes estratégias para a seleção de progênies de ciclo precoce e alta produção de grãos, utilizando a seleção direta, indireta e índices de seleção, bem como realizar estudos de diversidade genética por meio de diferentes técnicas de agrupamento, visando a identificação de parentais divergentes. Foram avaliadas 30 progênies, F6-F7 e F7-F8, em duas safras, além de 4 testemunhas (UFUS 7415, UFUS Tupi, UFUS 7910 e UFUS MLX). Detectou-se a existência de variabilidade genética entre as progênies avaliadas ao nível de 1% ou 5% de probabilidade pelo teste F, para todos os caracteres. A seleção direta e indireta proporcionou os maiores ganhos genéticos. Entre os índices de seleção, os maiores ganhos genéticos totais foram obtidos com o de Mulamba e Mock. Os caracteres NDM e NDF foram os que mais contribuíram para determinar a diversidade genética. Os métodos de Tocher, UPGMA e a análise de variáveis canônicas agruparam os genótipos de maneira semelhante, formando cinco grupos na safra de

verão e quatro na safra de inverno. As progênies S128P3 e S128P4 apresentaram ciclo precoce e alta produtividade, características desejáveis para integrar hibridações com genótipos divergentes.

**Palavras-chave:** análise de gerações; cruzamentos dialélicos; análise multivariada.

## ABSTRACT

This thesis is divided into three chapters. In the first chapter, the objective was to study the combinatorial capacity of three parental lines through diallel crosses, using Griffing's method I (1956). Additive effects were more significant than non-additive effects for all traits evaluated. The TMG 801 parent contributed to an increase in most of traits evaluated, while the BRSGO 7560 parent contributed to a decrease in those traits. The most promising cross for shortening the growing season was BRSGO 7560 x TMG 801, while the cross UFUS 7415 x TMG 801 stood out for increasing grain yield. The combination that presented the most favorable values for cycle reduction and increased grain production was TMG 801 x BRSGO 7560. In the second chapter, the objective was to develop three soybean populations and estimate genetic parameters and breeding gains, with the aim of shortening the growing season and increasing grain yield, through the analysis of generations. Overall, for each cross, the means for agronomic and production traits in the F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub>, and RC<sub>2</sub> generations were intermediate between those of their parents, and the values for the backcrosses were close to those of their respective parent. The heritability estimates (%) for the BRSGO 7560 x TMG 801 cross were: NDF (114.66%), NNT<sub>o</sub> (78.92%), NTV (102.21%), and PG (69.02%); in the combination TMG 7161 RR x UFUS 7415 they were: NNT<sub>o</sub> (107.2%), NTV (94.06%), and PG (104.91%); and in the combination TMG 801 x UFUS 7415 they were: NDF (94.84%), NDM (168.40%), NTV (71.05%), and PG (70.69%). The greatest gains per selection for cycle reduction (NDM) were obtained in the TMG 801 x UFUS 7415 cross (-21.09%), while, for increased grain production (g), the greatest gains were observed in the TMG 7161 RR x UFUS 7415 cross (97.88%). In the third chapter, the objective was to evaluate different strategies for selecting early-cycle, high-grain-yielding progenies using direct and indirect selection indices, as well as to conduct studies of genetic diversity using different clustering techniques, with the aim to identify divergent parents. Thirty progenies, F6-F7 and F7-F8, were evaluated in two growing seasons, in addition to four control lines (UFUS 7415, UFUS Tupi, UFUS 7910, and UFUS MLX). Genetic variability was detected among the evaluated progenies at a 1% or 5% probability level using the F-test for all evaluated traits. Direct and indirect selection provided the greatest genetic gains. Among the selection indices, the highest total genetic gain were obtained using the Mulamba and Mock indices. The NDM and NDF traits contributed most to determining genetic diversity. The Tocher, UPGMA, and canonical variable analysis methods cluster the genotypes in a similar manner, forming five groups in the summer crop and four groups in the

winter crop. The S128P3 and S128P4 progenies presented short cycle and high yield, desirable characteristics for use in crossbreeding with divergent genotypes.

**Keywords:** Diallel crosses. Generation Analysis. Multivariate Analysis.

## SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	16
2	REVISÃO BIBLIOGRÁFICA .....	18
2.1	Importância socioeconômica da soja .....	18
2.2	Melhoramento genético de soja no Brasil.....	19
2.3	Aspectos botânicos e fenologia.....	19
2.4	Caracteres agronômicos e estimativas de parâmetros genéticos.....	21
2.5	Seleção de caracteres .....	23
2.6	Escolha de genitores e diversidade genética .....	26
2.6.1	<i>Análises dialélicas</i> .....	27
2.6.2	<i>Métodos aglomerativos</i> .....	29
2.6.2.1	<i>Medidas de dissimilaridade</i> .....	29
2.6.2.2	<i>Técnicas de agrupamento</i> .....	30
2.6.2.2.1	<i>Métodos de otimização</i> .....	30
2.6.2.2.2	<i>Métodos hierárquicos</i> .....	31
2.6.3	<i>Análise de variáveis canônicas</i> .....	32
	REFERÊNCIAS.....	34
	CAPÍTULO I .....	39
	CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE GENITORES QUANTO A CARACTERES AGRONÔMICOS E DE PRODUÇÃO NA SOJA.....	39
1	INTRODUÇÃO.....	43
2	MATERIAL E MÉTODOS .....	45
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	52
4	CONCLUSÕES.....	62
	REFERÊNCIAS.....	63
	CAPÍTULO II.....	67
	ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS POR SELEÇÃO PARA PRECOCIDADE E PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA.....	67
1	INTRODUÇÃO.....	71
2	MATERIAL E MÉTODOS .....	73
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	81
4	CONCLUSÕES .....	98
	REFERÊNCIAS.....	99

<b>CAPÍTULO III .....</b>	<b>104</b>
<b>SELEÇÃO DE PROGÊNIES E DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA .....</b>	<b>104</b>
<b>1 INTRODUÇÃO.....</b>	<b>108</b>
<b>2 MATERIAL E MÉTODOS .....</b>	<b>110</b>
<b>3 RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>121</b>
<b>4 CONCLUSÕES.....</b>	<b>146</b>
<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>147</b>
<b>ANEXO – FOTOGRAFIAS DA PESQUISA.....</b>	<b>152</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A população mundial deverá atingir cerca de 10 bilhões de pessoas em 2050, de acordo com estimativas da Food Agriculture Organization (FAO, 2025), e para atender a demanda por alimentos, a agricultura deverá aumentar a sua produção em 50%.

Diante desse cenário, o Brasil ocupa uma posição importante, pois é um dos maiores produtores e fornecedores mundiais de produtos agrícolas. No país, soja é a cultura que ocupa a maior área plantada, de acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB, 2025), e se destaca devido a sua importância no mercado nacional e internacional. Trata-se de um insumo estratégico em diversas cadeias produtivas, pois, após seu processamento, se produz farelo, ração, farinha, óleo, entre outros produtos (VIEIRA FILHO, 2024).

Nas diversas regiões produtoras, a soja se insere em sistemas de rotação e sucessão, em que o segundo cultivo é necessário, e deve, sempre que possível, ser cultivada no início do período chuvoso e ser de ciclo curto (BARROS, 2022). Por isso, os programas de melhoramento genético de soja têm entre seus objetivos o desenvolvimento de cultivares que, além de produtivas, sejam precoces.

Para o desenvolvimento de novas cultivares, os programas de melhoramento de soja necessitam de um período de seis a oito anos, envolvendo várias fases, como a realização de hibridações, condução das populações segregantes e testes de produtividade (SOARES *et al.*, 2023).

As estimativas de herdabilidade, dos componentes de variância, do ganho genético, da capacidade combinatória e da divergência genética dos genitores são parâmetros que podem orientar o melhorista ao longo das principais fases de um programa (RIBEIRO *et al.*, 2020; BORÉM; MIRANDA; FRITSCH NETO, 2021).

Diversas técnicas e métodos de biometria podem ser aplicadas para a obtenção das estimativas desses parâmetros, como a análise de gerações, cruzamentos dialélicos, usos de índices de seleção e estudos de diversidade genética.

Nas fases iniciais do melhoramento, Pereira; Vello; Rocha (2019) realizaram estimativas de herdabilidade, variância genética e da capacidade combinatória para identificar quais os cruzamentos mais promissores de soja na geração F<sub>2</sub>, com foco na produtividade de grãos. Já nas fases finais, Teixeira *et al.* (2017) avaliaram a performance agrônômica de 35

linhagens de soja na geração  $F_7$  e estimaram parâmetros genéticos como a herdabilidade e ganhos de seleção direta e indireta, além do uso de índices de seleção.

Medeiros *et al.* (2024) avaliaram o desempenho agrônômico, estimaram a diversidade genética e identificaram cruzamentos promissores em 61 linhagens pré-comerciais e 5 cultivares comerciais de soja. Para isso, obtiveram a matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis e realizaram o agrupamento dos genótipos pelo método da ligação média entre grupos (UPGMA).

Verifica-se que, embora esses temas tenham sido extensivamente estudados, ainda são de grande importância, sobretudo porque os genitores, as populações e o ambiente são distintos. Salienta-se que o melhoramento genético é um processo contínuo que visa o desenvolvimento e lançamento de novos cultivares (BEZERRA; SEDIYAMA; MATSUO, 2020).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi: (I) realizar cruzamentos dialélicos com três genitores e estimar as capacidades combinatórias geral e específica; (II) desenvolver três populações de soja e realizar estimativas de parâmetros genéticos por meio da análise de gerações de parentais,  $F_2$ ,  $RC_1$  e  $RC_2$ ; (III) utilizar índices na seleção de progênies de soja e realizar estudos de diversidade genética em progênies cultivadas em duas safras.

## 2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

### 2.1 Importância socioeconômica da soja

O cultivo da soja se mostra de grande relevância para o agronegócio brasileiro. Na safra 2025/26, a estimativa de área plantada foi de, aproximadamente, 48,9 milhões de hectares, resultando em produção estimada de 177,1 milhões de toneladas de grãos e produtividade média de 3.620 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2025). Desta forma, a soja pode ser considerada a cultura granífera de maior importância do país, sendo o Brasil o maior produtor mundial.

O grão possui, em média, 40% de proteína e 20% de óleo, sendo que, nos cultivares brasileiros, os teores médios correspondem a cerca de 38% de proteína e 19% de óleo (SILVA *et al.*, 2022). O óleo extraído do grão é amplamente utilizado na alimentação humana, na produção de biodiesel, além de aplicações como desinfetante, lubrificante e em outros usos industriais. O farelo de soja, por sua vez, possui grande importância na alimentação humana e animal, bem como na fabricação de diversos produtos industriais (BEZERRA *et al.*, 2022a).

No Brasil, a cadeia produtiva da soja exerce grande impacto econômico e social, gerando aproximadamente R\$ 1.909 por tonelada produzida na agricultura e R\$ 6.102 por tonelada processada na agroindústria, além de criar cerca de seis empregos por mil toneladas produzidas e 20,8 empregos por mil toneladas processadas, considerando efeitos diretos e indiretos, segundo informações do Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada e da Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais (CEPEA; ABIOVE, 2025).

A soja possui alto valor agregado, pois trata-se de um insumo estratégico em diversas cadeias produtivas e impulsiona o desenvolvimento local por meio da atração de mão de obra qualificada e incorporação de ciência e tecnologia. Mesmo com o aumento das exportações no mercado internacional, não há comprometimento da segurança alimentar nacional, visto que se observa o aumento do consumo *per capita* dos diversos produtos alimentícios derivados da cadeia da soja (VIEIRA FILHO, 2024).

As exportações brasileiras do complexo da soja apresentam forte direcionamento ao mercado externo, com crescimento dos embarques de grão para a China e o Sudeste Asiático, mantendo a Ásia como principal destino. O farelo de soja tem sua demanda impulsionada pela

União Europeia, Leste Asiático e América do Norte, enquanto a Índia se destaca como o principal mercado importador do óleo de soja brasileiro (CEPEA; ABIOVE, 2025).

## 2.2 Melhoramento genético de soja no Brasil

O melhoramento de plantas é um processo que procura alterar geneticamente as plantas de modo a atender às necessidades humanas. Sob uma perspectiva utilitarista, o melhoramento de plantas pode ser definido como a atividade que, por meio do estudo e da manipulação do germoplasma, objetiva e efetivamente concretiza a introdução de cultivares superiores na agricultura de determinada região (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Por exemplo, antes de 1970, a soja concentrava-se no Sul do Brasil devido à sua adaptação a dias longos, apresentando baixa produtividade quando cultivada em regiões próximas ao Equador, onde ocorria florescimento precoce. Com o trabalho de melhoramento genético, geneticistas brasileiros selecionaram plantas com período juvenil longo, capazes de manter o crescimento vegetativo mesmo sob dias curtos, possibilitando o florescimento adequado e a obtenção de produtividade economicamente viável em novas regiões (RAMALHO *et al.*, 2012).

Programas de melhoramento genético de soja são conduzidos em todas as regiões brasileiras, desenvolvidos tanto por instituições públicas e privadas, em parceria ou não (TANCREDI *et al.*, 2020).

Na soja, nos últimos anos, além da alta produção de grãos, têm-se dado grande importância ao desenvolvimento de cultivares com resistência a doenças, pragas, ao acamamento e ciclo precoce, visando possibilitar a implantação de uma segunda safra no mesmo ano agrícola (CASTRO *et al.*, 2020; RIBEIRO *et al.*, 2020; SILVA *et al.*, 2021; BEZERRA *et al.*, 2022b; GASTL FILHO *et al.*, 2022; FERREIRA *et al.*, 2024; SANTOS *et al.*, 2025).

## 2.3 Aspectos botânicos e fenologia

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é uma leguminosa pertencente à família Fabaceae, subfamília Faboideae, tribo Phaseoleae, subtribo Glycininae. É uma cultura herbácea anual com

germinação epígea da semente, ciclo de vida (emergência à maturação) de 70 a 200 dias, altura da inserção da primeira vagem de 10 a 20 cm e altura da planta de 30 a 250 cm (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2022).

As flores da soja se desenvolvem e agrupam-se em estruturas chamadas racimos que surgem na axila das folhas, e até mesmo na folha terminal do caule. Os racimos contêm número variável de flores, que pode variar de 2 a mais de 30, e raramente encontra-se apenas uma flor na axila da folha. A cor da flor pode ser branca ou púrpura (violeta) (VERNETTI; VERNETTI JUNIOR, 2012).

De acordo com seu sistema reprodutivo, a soja é classificada como uma planta autógama que apresenta cleistogamia, reproduzindo-se predominantemente por autofecundação, com taxas superiores a 95%, sendo a fecundação do óvulo realizada antes da abertura da flor. A autofecundação ocorre naturalmente. Uma característica da flor da soja que favorece a realização de hibridações artificiais é a protoginia, caracterizada pela maturação do pistilo antes das anteras (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2022).

O fruto da soja é um legume, também conhecido como vagem, e seu desenvolvimento se inicia com a fertilização do óvulo e se completa com o desenvolvimento do ovário. Cada vagem pode conter de uma a cinco sementes, no entanto a maioria dos cultivares produz entre duas e três sementes (MATSUO *et al.*, 2017).

As cultivares de soja apresentam três tipos de crescimento. No crescimento determinado, o desenvolvimento da planta praticamente cessa após o florescimento. No semideterminado, a planta ainda cresce moderadamente após esse período. Já no crescimento indeterminado, a planta apresenta apenas inflorescências axilares, não há inflorescência terminal e a planta pode continuar crescendo intensamente, chegando a dobrar de altura após o início do florescimento (MATSUO *et al.*, 2017).

Segundo Fehr; Caviness (1977), o desenvolvimento da soja compreende duas principais fases, a vegetativa e a reprodutiva. Os estádios vegetativos (V) iniciam-se na emergência (VE), cotiledonar (VC) e prosseguem com o desenvolvimento dos nós no caule principal (V1, V2, Vn, ...), sendo cada estágio definido pela presença de folhas trifolioladas completamente expandidas, exceto pelo V1 em que se observa as folhas unifolioladas. Essa fase está relacionada ao crescimento vegetativo e à formação da arquitetura da planta. Os estádios reprodutivos (R) começam com o início do florescimento (R1) e incluem a floração plena (R2),

formação de vagens (R3 e R4), enchimento de grãos (R5 e R6) e maturação (R7 e R8). Esses estádios estão diretamente associados à definição do rendimento e à maturidade fisiológica da cultura. A duração de cada fase é controlada geneticamente e influenciada por condições ambientais (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2022).

#### **2.4 Caracteres agronômicos e estimativas de parâmetros genéticos**

No melhoramento genético vegetal, a maior parte dos caracteres de importância econômica são de natureza quantitativa (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). Na cultura da soja, a sensibilidade ao fotoperíodo, o comprimento do internódio, ramificação lateral, altura de plantas, número de flores, número de nós, número de vagens, peso de vagens, número de sementes e peso de sementes por planta, são exemplos de caracteres quantitativos (LUDKE *et al.*, 2020).

Esses caracteres são determinados pela ação conjunta de muitos genes, cada um com pequeno efeito individual, sofrem forte influência do ambiente e apresentam grande número de classes fenotípicas com distribuição contínua, o que dificulta a distinção entre genótipos e exige a utilização de métodos estatísticos e experimentais para sua avaliação e seleção (CRUZ, 2005).

Uma das grandes contribuições da genética quantitativa é a avaliação dos ganhos a serem obtidos por uma determinada estratégia de seleção. Essa informação permite orientar programas de melhoramento genético, prever seu sucesso, escolher ou descartar populações e concentrar esforços na mensuração de características de maior importância e potencial de ganho (CRUZ *et al.*, 2017).

A variação biológica total de um caráter é descrita estatisticamente pela variância fenotípica, que pode ser dividida em dois componentes: a variância genética e a variância ambiental (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006). A variância genotípica pode ser escrita em termos da variância devida aos efeitos aditivos, variância devida aos desvios de dominância e variância devida às interações epistáticas (SCHUSTER; MORA, 2017). A variação ambiental não é transmitida à descendência e não promove melhoramento genético, portanto ela não é utilizada na seleção (RAMALHO *et al.*, 2012).

Com base nos valores das médias e das variâncias, é possível obter estimativas de parâmetros genéticos úteis que permitem avaliar o potencial de populações para fins de

melhoramento, assim como estabelecer estratégias de seleção. No estudo da herança dos caracteres quantitativos avaliam-se quais frações da média e da variância são herdáveis (CRUZ, 2005).

Dentre os parâmetros genéticos, a herdabilidade pode ser considerada como um dos mais importantes. No sentido amplo, pode ser conceituada como a proporção da variabilidade fenotípica ou a proporção da variância total que é atribuída aos efeitos dos genes (FALCONER; MACKAY, 1996). No sentido restrito, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância aditiva pela variância fenotípica, sendo a sua determinação mais útil, uma vez que quantifica a importância relativa da proporção aditiva da variância genética, que pode ser transmitida para a próxima geração (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021).

Existem diversos métodos para a estimativa de herdabilidade. Por exemplo, o método da análise de gerações (SILVA *et al.*, 2020a) ou retrocruzamentos (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021) proposto por Warner (1952), em que se utiliza os dois parentais, populações híbridas F<sub>1</sub>, segregantes F<sub>2</sub> e retrocruzamentos para estimar a herdabilidade no sentido restrito. Também é possível estimar a herdabilidade por meio de componentes de variância (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Este método permite estimar a variância genotípica a partir de dados fenotípicos observados, e assim estimar a herdabilidade com dados de linhagens em qualquer geração, utilizando delineamentos experimentais (SILVA *et al.*, 2020a; BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021).

O valor da herdabilidade varia entre 0 e 100 % e pode ser considerada alta quando as estimativas são maiores que 70% (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). As estimativas de herdabilidade também varia entre os diferentes caracteres agrônômicos. Uma das teorias é que os caracteres que se desenvolvem em curto período tendem a sofrer menor influência ambiental e, conseqüentemente, apresentam maior herdabilidade do que aquelas que se desenvolvem por períodos mais longos (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021).

Dentre os fatores que afetam a herdabilidade, Borém; Miranda; Fritsche Neto (2021) destacam: o método de estimação, a diversidade na população, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, a unidade experimental considerada e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados.

A principal utilidade da herdabilidade é a possibilidade de estimação de ganho de seleção antes que ela seja realizada (RAMALHO *et al.*, 2012; SILVA *et al.*, 2020a). Para o

melhorista, interessa particularmente a mudança média que a seleção promove na população. Essa mudança corresponde à diferença entre o valor fenotípico médio da descendência dos indivíduos selecionados e a média da população antes da seleção, constituindo a resposta ou ganho esperado com a seleção (GS), o qual é diretamente proporcional à herdabilidade do caráter e à pressão de seleção aplicada (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Por exemplo, Abou Sen (2020) realizou a análise das gerações de parentais,  $F_1$ ,  $F_2$  e retrocruzamentos para avaliar o potencial de quatro combinações de parentais de soja. Foi possível estimar a herdabilidade no sentido amplo e restrito, além do ganho de seleção. Os valores mais altos de herdabilidade no sentido amplo, maiores que 94%, foram obtidos para altura de plantas na maturidade, número de sementes por planta e número de sementes por vagem, no cruzamento I. Para a herdabilidade no sentido restrito, os valores mais altos foram obtidos para a altura de plantas e número de sementes por vagem, também no cruzamento I. As variações de ganho de seleção foram de 7,22% a 47,24% para o número de vagens por planta, 3,84% a 38,90% para o número de sementes por planta, 12,51% a 59,38% para o número de sementes por vagem, 9,11% a 19,61% para o peso de 100 grãos e de 3,61% a 68,94% para a produção de grãos por planta, em todos os cruzamentos.

Estimativas de componentes de variância e herdabilidade no sentido amplo também foram realizadas por Silva *et al.* (2021), que avaliaram as gerações de parentais e a combinação  $F_2$ , oriunda de um cruzamento de soja entre UFUS 7415 x TMG 7161 RR. A herdabilidade variou de 4,66% para o número de sementes por vagem a 86,06% para a altura de planta no florescimento. Os maiores ganhos de seleção foram de 29,68%, obtidos para a altura de planta no florescimento.

Ferreira *et al.* (2024) analisaram as gerações de três parentais e três populações segregantes  $F_2$  para estimar a herdabilidade no sentido amplo e o ganho de seleção. As três combinações apresentaram alta herdabilidade para o número de nós na maturidade. No cruzamento UFU 510 x UFUS 7415, foram observados os maiores ganhos de seleção e médias mais altas para o número de vagens com 1, 2 e 3 grãos e o número total de vagens.

## 2.5 Seleção de caracteres

Os programas de melhoramento da soja visam desenvolver cultivares superiores às existentes, o que só é possível quando o material selecionado reúne, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para caracteres de interesse, satisfazendo as exigências de produtores e consumidores (SILVA *et al.*, 2020b).

Na maioria dos experimentos envolvendo a seleção de progênes ou de plantas individuais, avaliam-se rotineiramente caracteres como produção, número de dias para o florescimento, hábito e tipo de crescimento, reação a doenças e insetos-pragas, número de sementes por vagem, peso de 100 sementes, entre outros; porém, quase sempre, é realizada a seleção com base na produção (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006).

Na seleção direta, o melhorista está, a princípio, interessado em obter ganhos em um único caráter sobre o qual a seleção é praticada. A seleção indireta é aquela praticada em um determinado caráter para se ter ganho em um outro, associado ao primeiro (BORÉM; MIRANDA; FRITSCH NETO, 2021). No entanto, a seleção em certos caracteres pode provocar alterações indesejáveis em outros quando houver correlações desfavoráveis, de forma que a população melhorada poderá apresentar sérios problemas relativos ao seu baixo desempenho em características secundárias, por não ter sido dada atenção aos devidos efeitos indiretos por ocasião do processo de seleção (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Uma alternativa para lidar com um conjunto maior de caracteres, simultaneamente, é o emprego de índices de seleção, pois permitem combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um conjunto de variáveis que reúna vários atributos de interesse agrônômico (SILVA *et al.*, 2020b).

Comparativamente à seleção direta, o uso de índices como critério de seleção proporciona resultados relativamente superiores. De forma geral, o ganho sobre um caráter é reduzido, mas essa redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis aos demais caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Segundo Silva *et al.* (2020b), há diversas metodologias que o melhorista pode utilizar para a obtenção de índices, por exemplo, o índice clássico; o índice com base nos ganhos desejados; índice base de Willians; índice “livre de pesos e parâmetros”; o índice com base na soma de ranks e outros.

Diversos autores têm utilizado estratégias de seleção, comparando a seleção direta, indireta e por índices. Na soja, destacaram-se os índices de seleção de Mulamba; Mock (1978)

e da distância genótipo-ideótipo, como as estratégias de seleção mais recomendadas, apresentando resultados mais favoráveis a seleção (GAST FILHO *et al.*, 2022).

Bizari *et al.* (2017) avaliaram 386 progênies oriundas de sete populações de soja na geração F<sub>5</sub> e utilizaram a seleção direta e indireta, os índices de Smith e Hazel, de Mulamba e Mock, de Willians, de Pesek e Baker e da distância genótipo-ideótipo. Foram avaliados o número de dias para a maturidade, altura de inserção da primeira vagem, altura de plantas na maturidade, acamamento, valor agrônômico, número de vagens, conteúdo de óleo e produtividade de grãos. Os resultados indicaram que o índice de Mulamba e Mock, utilizando os caracteres valor agrônômico e produtividade de grãos como caracteres principais, além do peso econômico 1 (um), proporcionou os ganhos mais favoráveis.

Ao avaliar a performance agrônômica de 35 linhagens na geração F<sub>7</sub> e duas testemunhas (MSOY 6101 e UFUS 7910), Teixeira *et al.* (2017) estimaram os ganhos de seleção direta, indireta e os índices de Smith e Hazel, de Mulamba e Mock, de Willians e da distância genótipo-ideótipo. Os autores mostraram que a seleção direta promoveu os maiores ganhos individuais. Os índices de Willians e de Smith e Hazel apresentaram os maiores ganhos de seleção para o caráter produção de grãos e os índices de Mulamba e Mock e da distância genótipo-ideótipo apresentaram os maiores ganhos de seleção totais.

Estratégias de seleção foram utilizadas por Carneiro *et al.* (2021) em 123 progênies F<sub>3:4</sub> de soja originadas do cruzamento entre BRS256RR x TMG1179RR. Os autores mostraram que a seleção direta proporcionou os maiores ganhos individuais em relação a indireta para os caracteres número de dias para o florescimento, altura de inserção da primeira vagem, número de nós produtivos, número de nós ramificados e número total de vagens. Quando empregaram os índices de seleção, notaram que os maiores ganhos totais foram obtidos pelo índice de Mulamba; Mock (1978) em relação ao da distância genótipo-ideótipo.

Silva *et al.* (2021) avaliaram diferentes estratégias de seleção em 145 progênies F<sub>2:3</sub> de soja e observaram que os ganhos de seleção direta foram maiores que os obtidos pelos índices de Mulamba; Mock (1978) e da distância genótipo-ideótipo. Além disso, os maiores ganhos de seleção totais foram estimados pelo índice da distância genótipo-ideótipo quando comparado ao de Mulamba; Mock (1978).

Já Gastl Filho *et al.* (2022) utilizaram diferentes estratégias de seleção em 52 progênies RCF<sub>3:4</sub> e três testemunhas (UFUS7010, TMG801, BRSGO7560) de soja e verificaram que os

ganhos de seleção direta foram maiores que os obtidos pelos índices de seleção empregados. O índice de Mulamba; Mock (1978) proporcionou maiores ganhos de seleção totais em relação ao da distância genótipo-ideótipo.

## 2.6 Escolha de genitores e diversidade genética

A escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos são provavelmente as mais importantes etapas para o sucesso de um programa de melhoramento, pois tudo o que se deseja encontrar nos indivíduos recombinantes tem que, de certo modo, estar presente nos seus genitores (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021).

Para que haja variabilidade disponível aos programas de melhoramento, uma das opções é a hibridação de indivíduos contrastantes em relação a alelos de interesse, ou seja, indivíduos com divergência genética (REZENDE *et al.*, 2020). Também, visando o desenvolvimento de novos cultivares, é fundamental priorizar o cruzamento de parentais superiores (BORÉM; MIRANDA; FRITSCHÉ NETO, 2021), divergentes e complementares (BEZERRA *et al.*, 2022b).

Nesse contexto, principalmente em programas de melhoramento genético, tem sido comum o estudo da diversidade genética com a finalidade de identificar genitores adequados ao cruzamento, tendo em vista a obtenção de híbridos de maiores efeitos heteróticos, que proporcionem maior segregação em recombinações e possibilitem o aparecimento de transgressivos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Entre os métodos de natureza quantitativa que se destinam à avaliação genética dos progenitores, citam-se as análises dialélicas. Nesses métodos, é necessária a avaliação de  $p$  genitores e de todas (ou amostras de) suas combinações híbridas, resultando num total de  $p(p-1)/2$  híbridos a serem avaliados (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020). No entanto, quando o valor de  $p$  é elevado, a obtenção do material experimental pode ser impraticável, e o estudo inviabilizado (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na predição da divergência genética, vários métodos multivariados podem ser aplicados, por exemplo, a análise por variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Na cultura da soja são utilizados principalmente os modelos preditivos, os quais não demandam obtenção prévia das combinações híbridas. Para tanto,

podem ser utilizadas informações fenotípicas, como caracteres morfológicos, agronômicos e moleculares, na diferenciação dos genótipos (REZENDE *et al.*, 2020).

### **2.6.1 Análises dialélicas**

As metodologias de análise dialélica têm por finalidade analisar o delineamento genético, provendo estimativas de parâmetros úteis na seleção, como a capacidade combinatória geral e específica dos genitores, e para a compreensão dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017).

Dentre as metodologias disponibilizadas para a análise de dialelos, a de Griffing (1956) tem sido a mais utilizada para plantas autógamas, como a soja, e em outras culturas nas quais a heterose não é explorada (BEZERRA; SEDIYAMA; MATSUO, 2020). Essa metodologia pode ser classificada em quatro métodos experimentais: I) Inclui todas as  $p^2$  combinações; II) Inclui parentais e híbridos (sem os híbridos recíprocos); III) Inclui os híbridos (sem os parentais); e IV: Inclui os híbridos (sem os parentais e híbridos recíprocos) (BALDISSERA *et al.*; 2014).

As estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) proporcionam informações sobre a concentração de genes, cujos alelos possuem efeitos predominantemente aditivos e têm sido de grande utilidade na indicação de progenitores a serem empregados em programas de melhoramento intrapopulacional (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). De acordo com Baldissera *et al.* (2014), o conhecimento da CGC dos parentais é importante, pois ela está associada aos efeitos aditivos, os quais são fixados nas populações com o avanço das gerações em decorrência das autofecundações.

Os efeitos da capacidade específica de combinação (CEC), estimados como desvio do comportamento em relação ao que seria esperado com base na CGC, são medidas dos efeitos gênicos não aditivos. Normalmente interessam ao melhorista as combinações híbridas, com estimativas da CEC mais favoráveis, que envolvam pelo menos um dos progenitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da CGC (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Os efeitos da CEC enfatizam a importância de interações não aditivas resultantes da complementação gênica entre os genitores. Sendo assim, a associação presente é a dos efeitos dos desvios da dominância dos genes e a epistasia envolvendo a dominância (CRUZ; VENCOSKY, 1989; BALDISSERA *et al.*, 2014).

Diversos estudos têm sido realizados no intuito de avaliar a capacidade combinatória de genitores. Por exemplo, Bagateli *et al.* (2020) estimaram a heterose e a capacidade combinatória de cruzamentos dialélicos na soja, em casa-de-vegetação, de oito parentais e quinze combinações híbridas e avaliaram a produção de grãos (PG), massa de 100 grãos (P100G), número total de vagens (NTV), número de sementes por vagem (NSV), número de grãos por planta e altura de plantas na maturidade (APM). Houve predominância de efeitos gênicos aditivos para as características NSV, número de sementes por planta e APM. Para o NTV, número de sementes por planta e P100G, os efeitos de dominância foram expressos pela superioridade da capacidade específica de combinação na determinação dessas características.

Bezerra *et al.* (2022b) realizaram análises dialélicas de seis genitores e quinze combinações híbridas de soja, em casa de vegetação, no cultivo de verão e inverno, para estimar a capacidade combinatória. Foram avaliados o número de dias para o florescimento (NDF), número de dias para a maturidade (NDM) e a produtividade de grãos, com vistas à precocidade e produção de grãos. Os resultados obtidos foram contrastantes para as duas épocas, com ciclo mais curto e maior produtividade no verão. A maior CGC quanto ao ciclo foi observada nos progenitores MSOY6101 e MSOY9144RR, com sinal negativo e positivo, respectivamente. TMG123RR apresentou a maior CGC quanto à PG. A maior CEC quanto ao NDF e ao NDM foi associada aos cruzamentos SYN9078RR x MSOY9144RR e TMG123RR x MSOY9144RR, respectivamente. No entanto, a maior CEC quanto à PG foi observada em MSOY6101 x MSOY9144RR, com valor positivo, e TMG801 x MSOY9144RR, com valor negativo, durante o verão.

Para estimar a capacidade combinatória, Soares *et al.* (2023) realizaram a análise dialélica de dez parentais e vinte e cinco híbridos F<sub>1</sub> de soja, cultivados em casa de vegetação, e avaliaram o NDF, altura de plantas no florescimento (APF), NDM, APM, NTV, P100G e PG. Os autores concluíram que os efeitos aditivos dos genes foram predominantes no controle de todas as variáveis avaliadas na geração F<sub>1</sub>. Os genitores SYN 1163 RR e CG 7370 RR mostraram boa complementaridade para a variável produtividade de grãos.

Ferreira *et al.* (2024) estimaram a capacidade combinatória de três genitores e três combinações F<sub>2</sub> de soja, em campo, utilizando delineamento dialélico. Os resultados indicaram que o parental UFUS 7415 apresentou valores de CGC altos e positivos para APF, APM, AIPV,

NV1G, NV2G, NV3G, NTV e PG. O melhor cruzamento foi entre os parentais UFU 510 x UFUS 7415, com o maior NTV e PG.

Também, Santos *et al.* (2025) realizaram análises dialélicas de cinco genitores e dez combinações híbridas de soja, nas gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>, em casa de vegetação. Foram avaliados o NDF, NDM, APM, AIPV, NNM, número de nós ramificados, número de nós produtivos, número de vagens com 1, 2 e 3 grãos, NTV, NSV e PG, visando precocidade e produção de grãos. Os autores concluíram que com a análise dialélica foi possível identificar as combinações mais promissoras para reduzir o ciclo e aumentar a produtividade e a produção de grãos. Destacaram-se as combinações BRS 511 x TMG 803, UFUS 7201 x TMG 803 e TMG 803 x UFUS 7101 como as mais promissoras, sucessivamente.

## 2.6.2 Métodos aglomerativos

O processo de agrupamento envolve basicamente duas etapas: a primeira relaciona-se com a estimativa da medida de similaridade (ou dissimilaridade) entre os parentais e a segunda com a adoção da técnica de agrupamento para formar grupos (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017).

### 2.6.2.1 Medidas de dissimilaridade

Para variáveis quantitativas, as medidas de dissimilaridade mais comumente utilizadas são a distância Euclidiana ou a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Uma crítica que se faz à distância Euclidiana é o fato de ela não levar em consideração as variâncias e covariâncias residuais que existem entre as características mensuradas, possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são realizadas em genótipos avaliados em delineamentos experimentais (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Quando se dispõe de informações provenientes de ensaios experimentais é possível obter a matriz de dispersão residual e as médias das características. De posse dessas informações, obtêm-se as estimativas das distâncias generalizadas de Mahalanobis, denominada  $D^2$ . A distância  $D^2$  tem a vantagem, em relação à distância euclidiana, de levar em

consideração a correlação entre os caracteres considerados (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Além de possibilitar o estudo da diversidade genética, é possível, por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística S.j.. Por este critério, consideram-se de menor importância as características que apresentam menor variabilidade ou que estão representadas por outras (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

#### 2.6.2.2 *Técnicas de agrupamento*

Considerando que no processo de agrupamento é desejável ter informações sobre cada par de parentais, o número de estimativas de medidas de dissimilaridade é relativamente grande, o que torna impraticável o reconhecimento de grupos homogêneos por meio do simples exame visual dessas estimativas (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017).

Nesse sentido, uma maneira de simplificar a interpretação das estimativas de distância é a utilização de métodos de agrupamento, cujo objetivo é formar grupos distintos (heterogêneos) compostos por genótipos homogêneos. Ou seja, o objetivo é que haja homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos (REZENDE *et al.*, 2020).

Há vários métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética. Os métodos mais comuns utilizados são os de otimização e os hierárquicos (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

##### 2.6.2.2.1 Métodos de otimização

Nos métodos de otimização, os grupos são formados pela adequação de algum critério de agrupamento, ou seja, o objetivo é alcançar uma partição dos indivíduos que otimize (maximize ou minimize) alguma medida predefinida (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

O método de Tocher tem sido o método de otimização comumente utilizado no melhoramento de plantas e um dos mais utilizados em estudos de divergência em soja (REZENDE *et al.*, 2020).

Esse método requer a obtenção da matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares. Esses indivíduos formarão o grupo inicial. A partir daí é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se o critério de que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

#### 2.6.2.2.2 Métodos hierárquicos

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido o dendrograma ou o diagrama de árvore. Nesse caso, não há preocupação com o número ótimo de grupos, uma vez que o interesse maior está na "árvore" e nas ramificações que são obtidas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

As delimitações podem ser estabelecidas por um exame visual do dendrograma, em que se avaliam pontos de alta mudança de nível, tomando-os em geral como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017).

Diversos métodos hierárquicos têm sido utilizados na soja, como o método de Ward, WPGMA, o método do vizinho mais distante (método da ligação completa) e, principalmente, UPGMA e o método do vizinho mais próximo (método da ligação simples) (REZENDE *et al.*, 2020).

O método da ligação média entre grupos ou UPGMA (Unweighted pair-group method using arithmetic averages) é uma técnica de agrupamento que utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, evitando assim caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre os genótipos considerados (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Soares *et al.* (2023) realizaram estudos de diversidade genética para avaliar a dissimilaridade entre dez parentais e vinte cinco combinações híbridas F<sub>1</sub>, em casa de vegetação. Foi obtida a matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis e utilizado o método UPGMA para o agrupamento. Os trinta e cinco genótipos foram separados em seis grupos, e a variável P100G teve a maior contribuição para a diversidade genética.

Os métodos UPGMA, do vizinho mais distante e de Tocher foram utilizados por Ferreira *et al.* (2025) para avaliar a dissimilaridade genética em vinte e três cultivares e mais três

progênies de soja, cultivadas em casa de vegetação, analisando caracteres agronômicos e marcadores microssatélites. A dissimilaridade genética oscilou de 2,49 a 42,77, possibilitando a formação de cinco, oito e sete grupos pelos métodos UPGMA, vizinho mais distante e Tocher, respectivamente. A dissimilaridade obtida pelos microssatélites variou de 0,11 a 0,93, o que permitiu separar os genótipos em sete, oito e quatro grupos, respectivamente, para os métodos UPGMA, vizinho mais distante e Tocher. Os autores também concluíram que os ciclos vegetativo e total foram os caracteres que mais contribuíram para diversidade genética.

### **2.6.3 Análise de variáveis canônicas**

Quando utilizada em estudos de diversidade genética, a análise de variáveis canônicas tem como propósito possibilitar a identificação de indivíduos (ou progenitores) similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais. Essa técnica apresenta a vantagem adicional de manter o princípio do processo de agrupamento com base na distância  $D^2$ , de Mahalanobis, qual seja o de levar em conta as correlações residuais existentes entre as medidas dos progenitores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A análise de variáveis canônicas permite a simplificação do conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de variáveis, em algumas variáveis. Elas contêm o máximo da variação originalmente disponível e são independentes entre si. No entanto, essa análise se baseia em informações entre e dentro de genótipos (ou entre indivíduos de cada genótipo); portanto, são necessários dados em nível de acesso, com réplicas (BHERING; PEIXOTO; CRUZ, 2017; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Na soja, Noronha *et al.* (2025) analisaram a diversidade genética entre 28 cultivares utilizando o método de Tocher. Foram avaliadas a dissimilaridade genética para caracteres de fase vegetativa e reprodutiva obtendo-se a matriz das distâncias generalizadas de Mahalanobis. Posteriormente, elaboraram um gráfico para ilustrar a dispersão dos dados em dois eixos representados pelas duas primeiras variáveis canônicas, as quais explicaram o mínimo de 80% da variação entre os genótipos. De acordo com a análise da contribuição relativa, o caráter número de dias para o florescimento mostrou maior contribuição para a diversidade genética. O método de Tocher foi efetivo para o agrupamento dos cultivares, separando-os em seis grupos, assim como a dispersão gráfica mostrada pela análise das variáveis canônicas. Os

caracteres relacionados ao florescimento, maturidade e número de vagens foram os de maior importância para a divergência genética.

## REFERÊNCIAS

- ABOU SEN, T. M. Generation analysis for seed yield and its componentes of some quantitative characters on soybean crosses. **Journal of Plant Production**, v. 11, n. 7, p. 587-593, 2020. DOI: [10.21608/jpp.2020.110546](https://doi.org/10.21608/jpp.2020.110546). Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/344968443\\_Generation\\_Mean\\_Analysis\\_for\\_Seed\\_Yield\\_and\\_its\\_Components\\_of\\_some\\_Quantitative\\_Characters\\_on\\_Soybean\\_Crosses](https://www.researchgate.net/publication/344968443_Generation_Mean_Analysis_for_Seed_Yield_and_its_Components_of_some_Quantitative_Characters_on_Soybean_Crosses). Acesso em: 13 out. 2025.
- BAGATELI, J. R.; BAHRY, C. A.; SILVA, R. N. O.; CARVALHO, I. R.; CONTE, G. G.; VILLELA, F. A.; GADOTTI, G. I.; MENEGHELLO, G. E. Estimates of heterosis and combining ability of soybean diallel crossings. **Plant Omics Journal**, v. 13, n. 1, p. 7-14, 2020. DOI: 10.21475/POJ.13.01.20.p2038. Disponível em: [https://www.pomics.com/bagateli\\_14\\_1\\_2020\\_7\\_14.pdf](https://www.pomics.com/bagateli_14_1_2020_7_14.pdf). Acesso em: 10 fev. 2026.
- 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: <http://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632/3827>. Acesso em 12 nov. 2025.
- BARROS, H. B. Rotação e sucessão. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 9, p. 171-175.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E. Análise dialélica e vigor híbrido. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 7, p. 83-93.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SOARES, M. M. Importância Econômica. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022a. cap. 1, p. 9-22.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S.; ROSA, D. P. Complementarity between parentes for earliness and grain yield in soybean. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 57, e02657, 2022b. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02657>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/gKdnZ74pmmCm8Gs3yKWsYYF/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 14 dez. 2025.
- BHERING, L. L.; PEIXOTO, L. A.; CRUZ, C. D. Parental selection. *In*: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 8, p. 131-148.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.

Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada (Cepea) e Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais (Abiove). **Cadeia da soja e do biodiesel: PIB, empregos e comércio exterior – 3º trimestre de 2025**. 2025. Disponível em:

[https://abiove.org.br/abiove\\_content/Abiove/Relatorio-Cadeia-da-Soja-e-biodiesel-3T2025\\_1.pdf](https://abiove.org.br/abiove_content/Abiove/Relatorio-Cadeia-da-Soja-e-biodiesel-3T2025_1.pdf). Acesso em: 4 jan. 2026.

CASTRO, K. S.; PERES, R. M.; ZUFFO, A. M.; AGUILERA, J. G.; TEODORO, L. P. R.; BAILO, F. H. R.; TEODORO, P. E. Selection of soybean populations for earliness and high grain yield. **Research, Society and Development**, v. 9, n. 7, e546973816, 2020. DOI:

<http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v9i7.3816>. Disponível em:

<https://rsdjournal.org/rsd/article/view/3816/3783>. Acesso em: 12 dez. 2025.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.425-438, 1989.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2005.

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

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

CRUZ, C. D.; RODRIGUES, H. S.; ROSADO, R. D. S.; BHERING, L. L. Biometrics applied to soybean breeding. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 11, p. 193-228.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2020.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Brasília, DF, v.13 – Safra 2025/26, n.3 - Terceiro levantamento, p. 1-108, dezembro 2025. Disponível em:

[https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/3o-levantamento-safra-2025-26/e-book\\_boletim-de-safras-3o-levantamento\\_2025.pdf](https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/3o-levantamento-safra-2025-26/e-book_boletim-de-safras-3o-levantamento_2025.pdf). Acesso em: 4 jan. 2026.

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

FAO. **ONU News**. Gestão sustentável da terra, solo e água é decisiva para alimentar 10 bilhões. 2025. Portal. Disponível em: <https://news.un.org/pt/story/2025/12/1851703>. Acesso em 3 jan. 2026.

FERREIRA, S. B.; GOMES, B. H.; HAMAWAKI, O. T.; DIAS, P. A. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L.; NOGUEIRA, A. O. Diallel and Generation analysis in F<sub>2</sub> soybean populations. **Agronomy Research**, v. 22, n. 3, p. 1421-1433, 2024. DOI:

<https://doi.org/10.15159/AR.24.100>. Disponível em: <https://agronomy.emu.ee/wp-content/uploads/2024/12/45-57-Ferreira.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2025.

FERREIRA, S. B.; DIAS, P. A. S.; REZENDE, A. F.; GOMES, B. H.; BONETTI, A. M.; NOGUEIRA, A. P. O.; Analysys of genetic diversity in soybean based on agronomic traits and microsatellite markers. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 49, e017424, 2025. DOI: [10.1590/1413-7054202549017424](https://doi.org/10.1590/1413-7054202549017424). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/bSGbRs75ybk7FXsnPJxMVBb/?format=pdf&lang=en>. Acesso em 3 jan. 2026.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977.

GASTL FILHO, J.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, C. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Genetic parameters and selection strategies for soybean progênies aiming at precocity and grain productivity. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 46, e004322, 2022. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1413-7054202246004322>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/dVRBfhphbqhFPsyJLkqPTJ/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 12 dez. 2025.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, p. 463-493, 1956. Disponível em: <https://scispace.com/pdf/concept-of-general-and-specific-combining-ability-in-37z9lazbvi.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2025.

LUDKE, W. H.; SILVA, A. S. L.; DANTAS, S. A. G.; PAULA, G. S.; OLIVEIRA, D. S.; RODRIGUES, F. C.; SILVA, F. L. Natureza dos caracteres agronômicos. In: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 7, p. 83-93.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e fenologia. In: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 2, p. 23-43.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T. Vegetative and reproductive morphology. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 4, p. 43-54.

NORONHA, L. F. Q.; MATSUO, E.; SILVA, T. A.; GONÇALVES, C. M. F.; BOMTEMPO, G. L.; GONTIJO, W. D. R.; FERREIRA, S. C.; CECON, P. R. Tocher clustering in soybean cultivars based on vegetative and reproductive traits. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 11, 9.1-13, 2025. DOI: [10.33158/ASB.r237.v11.2025](https://doi.org/10.33158/ASB.r237.v11.2025). Disponível em: <https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/237/432>. Acesso em: 10 jan. 2026.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

REZENDE, W. S.; MATSUO, E.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T. Divergência genética. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 6, p. 75-81.

RIBEIRO, F. O.; BRUZI, A. T.; BIANCHI, M. C.; SOARES, I. O.; SILVA, K. B. Genotypic selection for soybean earliness. **Journal of Agriculture Science**, v. 12, n.11, 2020. DOI: 10.5539/jas.v12n11p169. Disponível em: <https://ccsenet.org/journal/index.php/jas/article/download/0/0/43924/46185>. Acesso em: 10 fev. 2026.

SANTOS, M. S.; HAMAWAKI, O. T.; GOMES, B. H.; GASTL FILHO, J.; OLIVEIRA, M. B.; SILVA, A. C.; FARIA, M. V.; NOGUEIRA, A. P. O. Combining ability of soybean in F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations for earliness and grain yield. **Revista Caatinga**, v. 38, e12487, 2025. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252025v38i12487rc>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/dwFrLSzP6Fhv4vw9jbWpgcz/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 12 dez. 2025.

SILVA, F. C. S.; SEDIYAMA, T.; SILVA, A. F.; MATSUO, E.; BEZERRA, A. R. G.; OLIVEIRA, R. C. T. Herdabilidade. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020a. cap. 8, p. 95-107.

SILVA, F. C. S.; SEDIYAMA, T.; BEZERRA, A. R. G.; SILVA, A. F.; MATSUO, E.; DIAS, F. S.; BARROS, J. P. A. Índice de seleção. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020b. cap. 13, p. 143-151.

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F<sub>2</sub> and F<sub>2</sub>:3 soybean populations. **Agronomy journal**, v. 113, n. 4, p.2991-3004, Jul. 2021. DOI: [10.1002/agj2.20692](https://doi.org/10.1002/agj2.20692). Acesso em: 10 out. 2025.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BOREM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 7, p. 147-154.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, n. 2, p. 237–245, 1981.

SOARES, S. L.; SIMON, G. A.; ALVARES, R. C.; SILVA, F. H. L. Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parentes and F<sub>1</sub> populations. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 70, n. 1, p. 81-90, 2023. DOI: [10.1590/0034-737X202370020010](https://doi.org/10.1590/0034-737X202370020010). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/j9nQrRY7rvXBkVTrLQmmqnF/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 10 fev. 2026.

TANCREDI, F. D.; SILVA, F. C. S.; MATSUO, E.; SEDIYAMA, T. Origem, distribuição geográfica e importância econômica. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 1, p. 13-24.

VERNETTI, F. J.; VERNETTI JUNIOR, F.J. **Genética da soja**: caracteres qualitativos e diversidade genética. 2. ed. Brasília: Embrapa, 2012.

VIEIRA FILHO, J. E. R. A produção de soja e sua importância na economia brasileira. **Revista de Política Agrícola**, v. 33, e01962, 2024. DOI: 10.35977/2317-224X.rpa2024.v33.019621. Disponível em: <https://rpa.sede.embrapa.br/RPA/article/view/1962/pdf>. Acesso em: 4 jan. 2026.

WARNER, J. N. A method for estimating heritability. **Agronomy Journal**, v. 44, n. 8, p. 427-430, Aug. 1952. DOI: <https://doi.org/10.2134/agronj1952.00021962004400080007x>. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.2134/agronj1952.00021962004400080007x>. Acesso em: 28 dez. 2025.

## CAPÍTULO I

### CAPACIDADE COMBINATÓRIA ENTRE GENITORES QUANTO A CARACTERES AGRONÔMICOS E DE PRODUÇÃO NA SOJA

#### RESUMO

No Brasil, os programas de melhoramento genético têm contribuído significativamente para o aumento da produção de soja, cultura de grande importância econômica e social. Nas regiões produtoras em que a soja é inserida em sistemas de rotação-sucessão, torna-se importante o emprego de cultivares produtivas e de ciclo curto. Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estudar a capacidade combinatória de genitores por meio de cruzamentos dialélicos, utilizando o método I de Griffing (1956). O experimento foi conduzido em casa de vegetação, na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). Foram realizados cruzamentos biparentais entre os genitores TMG 801, UFUS 7415 e BRSGO 7560, gerando, ao todo, seis combinações  $F_2$ , incluindo os recíprocos. A semeadura do dialélico foi realizada em 21 de abril de 2021, utilizando delineamento em blocos casualizados, com nove tratamentos (três progenitores e seis combinações  $F_2$ ) e dez repetições, sendo cada parcela constituída por um vaso contendo duas plantas. Em cada planta, foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento e para a maturidade (NDF e NDM); altura de planta no florescimento e na maturidade (APF e APM); altura de inserção da primeira vagem na maturidade (AIPV); número de nós no florescimento (NNF); número de nós totais e produtivos na maturidade (NNT<sub>o</sub> e NNPro); número de vagens de 1, 2 e 3 grãos (NV1G, NV2G e NV3G); número total de vagens (NTV); número de sementes por vagem (NSV); e produção de grãos por planta (PG). Os efeitos aditivos apresentaram maior relevância do que os não aditivos para todos os caracteres avaliados. O progenitor 1 (TMG 801) contribuiu para o aumento da maior parte dos caracteres avaliados, ao passo que o progenitor 3 (BRSGO 7560) contribuiu para sua redução. A combinação mais promissora para a redução do ciclo foi BRSGO 7560 x TMG 801, enquanto, para o aumento da produção de grãos, destacou-se UFUS 7415 x TMG 801. A combinação que apresentou valores mais favoráveis a redução do ciclo e

aumento da produção de grãos foi o P1xP3, ou seja, TMG 801 como genitor feminino e BRSGO 7560 como genitor masculino.

**Palavras-chave:** dialelo; seleção; recíprocos.

## CHAPTER I

### ANALYSIS OF THE COMBINING ABILITY BETWEEN PARENTS FOR AGRONOMIC AND PRODUCTION TRAITS IN SOYBEAN

#### ABSTRACT

In Brazil, genetic improvement programs have contributed significantly to increased soybean production, a crop of great economic and social importance. In producing regions where soybeans are incorporated into rotation-succession systems, the use of high-yielding, short-cycle cultivars is important. Given the above, the objective of this study was to investigate the combinatorial capacity of parents through diallel crosses, using Griffing's Method I (1956). The experiment was conducted in a greenhouse at the Capim Branco Farm, which belongs to the Federal University of Uberlândia (UFU). Biparental crosses were performed between the parental lines TMG 801, UFUS 7415, and BRSGO 7560, resulting in a total of six combinations, including the reciprocal crosses. The diallel was sown on April 21, 2021, using a randomized block design with nine treatments (three parents and six F<sub>2</sub> combinations) and ten replicates, with each plot consisting of a pot containing two plants. The following traits were evaluated for each plant: number of days to flowering and maturity (NDF and NDM); plant height at flowering and maturity (APF and APM); height of insertion of the first pod at maturity (AIPV); number of nodes at flowering (NNF); total and productive number of nodes at maturity (NNT<sub>o</sub> and NNPro); number of pods with 1, 2, and 3 grains (NV1G, NV2G, and NV3G); total number of pods (NTV); number of seeds per pod (NSV); and grain yield per plant (PG). Additive effects were more significant than non-additive effects for all traits evaluated. Parent 1 (TMG 801) contributed to an increase in most of the evaluated traits, while parent 3 (BRSGO 7560) contributed to their reduction. The most promising combination for shortening the growing season was BRSGO 7560 x TMG 801, while UFUS 7415 x TMG 801 stood out for increasing grain yield. The combination that showed the most favorable results for reducing the growing season and increasing grain yield was P1xP3, that is, TMG 801 as the female and BRSGO 7560 as the male parent.

**Keywords:** Diallel. Reciprocals. Selection.

## 1 INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento genético têm favorecido o aumento da produção de soja no país, especialmente por meio do desenvolvimento de cultivares mais produtivas, com ampla adaptação e com resistência genética ou tolerância aos fatores bióticos e abióticos adversos. O ganho genético para a produção, proporcionado pelas novas cultivares ao setor produtivo, situa-se em cerca de 1,38% ao ano (TANCREDI *et al.*, 2020).

O aumento da produção pode ser alcançado com o uso conjunto de cultivares melhoradas e práticas agrícolas adequadas, como a realização de dois cultivos em um mesmo ano agrícola. Nas diversas regiões produtoras brasileiras, a soja é empregada em sistemas de sucessão com o milho e outras culturas, e o sucesso deste manejo depende da disponibilidade de cultivares precoces, aliada a alta produtividade, para permitir a sequência dos cultivos (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006; BEZERRA *et al.*, 2017; BARROS, 2022). Por isso, torna-se importante o desenvolvimento de cultivares de soja adequadas a este sistema de produção.

A seleção de genitores é realizada considerando as suas características próprias e deve-se priorizar a divergência genética entre eles. Nesse contexto, conhecer a capacidade combinatória dos genótipos a serem empregados nos cruzamentos (Bueno; Mendes; Carvalho, 2006) auxilia o melhorista na definição das estratégias de melhoramento. Os cruzamentos dialélicos são eficientes para comprovar a aptidão dos genótipos como genitores nos programas de melhoramento (BEZERRA *et al.*, 2020).

Os dialelos completos são um tipo de delineamento em que um grupo de genitores são inter cruzados, em todas as combinações possíveis, produzindo híbridos que são avaliados e fornecem informações úteis aos melhoristas, como a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) (BEZERRA *et al.*, 2020).

Dentre as metodologias utilizadas para a análise de dialelos destaca-se a de Griffing (1956), pois, segundo Bezerra *et al.* (2020), tem sido a mais utilizada para plantas autógamas, como a soja, e em outras culturas onde a heterose não é explorada. A análise dialélica de Griffing (1956) pode envolver diferente tipos de populações, incluindo parentais, híbridos e recíprocos ou não.

Ressalta-se que o emprego dos cruzamentos recíprocos, aquele em que o genitor é usado ora como fêmea, ora como macho, permite identificar como o genitor pode ser utilizado em uma determinada combinação, como doador ou receptor de pólen, sendo a herança dos caracteres explicada por dois mecanismos, o efeito materno e a herança extracromossômica (BALDISSERA *et al.*, 2012; RAMALHO *et al.*, 2012; ROCHA *et al.*, 2014; PELEGRIN *et al.*, 2020).

No Brasil, nos últimos anos, Bezerra *et al.* (2022), Ferreira *et al.* (2024) e Santos *et al.* (2025) utilizaram esquema de dialelo completo sem recíprocos para avaliarem os genitores e seus híbridos de soja com o objetivo de identificar e selecionar características de interesse, como precocidade e produção de grãos. Por outro lado, Baldissera *et al.* (2012) e Rocha *et al.* (2014) utilizaram o esquema de dialelo completo com recíprocos para avaliarem características de ciclo e componentes de produção em genitores e híbridos de feijão; e Pelegrin *et al.* (2020) para o trigo. No Egito, Yassien; El-Mohsen (2000) utilizaram o esquema de dialelo completo com recíprocos para avaliarem características de ciclo e componentes de produção em genitores e híbridos de soja e, na Indonésia, Karyawati *et al.* (2015) utilizaram os híbridos e recíprocos, sem incluir os genitores, no estudo de características fisiológicas, agronômicas e de produção da soja. Nota-se, portanto, que os cruzamentos recíprocos não têm sido incluídos nas avaliações de ciclo e produção de grãos em soja no Brasil.

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar a CGC, a CEC e os ER, de três progenitores e suas seis combinações híbridas, incluindo os recíprocos, utilizando o esquema de dialelo completo, Método I de Griffing (1956), para características agronômicas e de produção de soja, com foco em precocidade e alta produção.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em casa de vegetação, na Fazenda Capim Branco, pertencente ao Programa de Melhoramento Genético de Soja e à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). A fazenda situa-se no município de Uberlândia, MG, nas coordenadas geográficas 18°52' S e 48°20' W e a 805 m de altitude.

A seleção dos parentais foi baseada em características agrônômicas desejáveis, como precocidade e produtividade (Tabela 1). Também há presença de genes de resistência à ferrugem asiática da soja em todos os cultivares selecionados (UFUS 7415 – moderadamente resistente; TMG 801 e BRSGO 7560 – resistentes) para futura seleção de genótipos superiores com resistência a essa doença. O progenitor UFUS 7415 apresenta resistência aos patógenos *Septoria glycines*, *Cercospora sojina*, *Peronospora manshurica*, *Xanthomonas axonopodis* e *Diaporthe phaseolorum* e o progenitor BRSGO 7560 aos patógenos *Xanthomonas axonopodis*, *Cercospora sojina*, *Diaporthe phaseolorum* e resistência moderada ao vírus da necrose da haste (*Cowpea mild mottle virus* - *CpMMV*).

Tabela 1 – Características gerais dos cultivares selecionados como parentais para compor os blocos de cruzamentos

Cultivares	GMR	Ciclo	TC
TMG 801	8.2	Precoce	Determinado
UFUS 7415	7.4	Semiprecoce	Semideterminado
BRSGO 7560	7.5	Precoce	Determinado

GMR: grupo de maturação relativa; TC: tipo de crescimento.

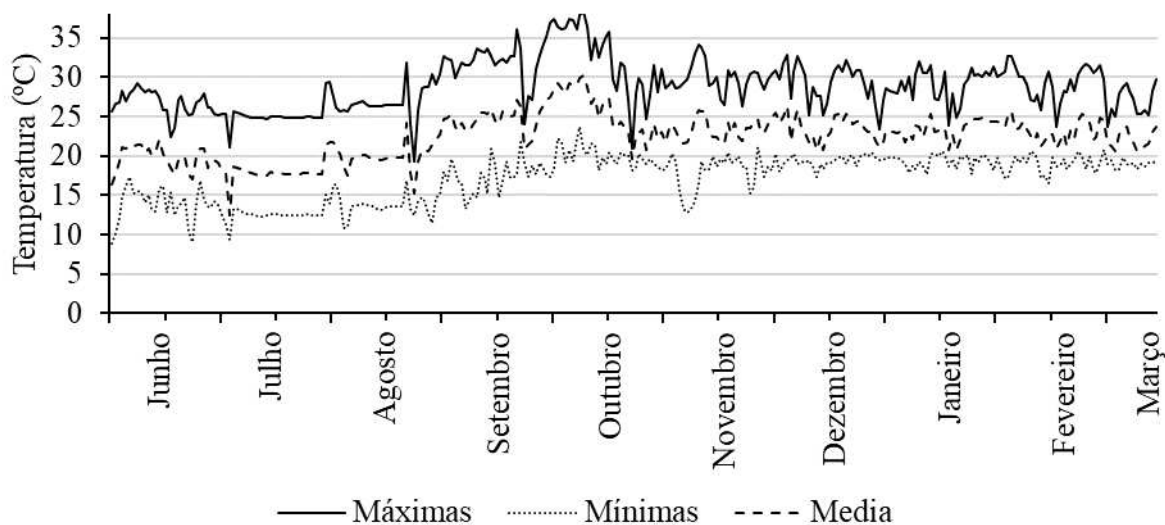
Fonte: Tropical Melhoramento Genético – TMG; Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA.

Para compor os blocos de cruzamentos, os cultivares foram semeados em casa de vegetação a partir do dia 06 de junho de 2020. Utilizou-se vasos plásticos com volume de 4 L, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica (1/2 esterco e 1/2 substrato comercial). As sementes foram tratadas com o inseticida fipronil (250 g L<sup>-1</sup>), com a mistura dos fungicidas piraclostrobina (25 g L<sup>-1</sup>) e tiofanato-metílico (225 g L<sup>-1</sup>), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Colocou-se 10 sementes por vaso, a 2 cm de profundidade. Posteriormente, 10 dias após a emergência, procedeu-se com o desbaste

deixando apenas as duas plantas mais vigorosas em cada vaso. A semeadura foi realizada de forma escalonada, a cada três dias, para sincronizar o florescimento entre os genitores femininos e masculinos; e aumentar o período de floração para facilitar a realização das hibridações artificiais.

Os vasos foram adubados quinzenalmente com NPK (04-30-16) e MAP (Mono-amônio-fosfato) e irrigados duas vezes ao dia. As plantas daninhas foram retiradas manualmente, enquanto as pragas e doenças foram monitoradas e controladas com produtos fitossanitários, quando necessário. A temperatura local durante os meses de condução do experimento está registrada no Gráfico 1.

Gráfico 1 – Temperaturas máximas, mínimas e médias ao longo dos meses de junho de 2020 a março de 2021 na Fazenda Capim Branco, Uberlândia – MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA - UFU).

As hibridações artificiais foram realizadas por meio da emasculação da flor utilizada como genitor feminino, antes da ocorrência da abertura floral. O pólen do genitor masculino foi coletado e aplicado sobre o estigma da flor emasculada, conforme descrito por Borém (2009).

Foram realizados os cruzamentos biparentais entre os genitores: TMG 801, UFUS 7415 e BRSGO 7560 gerando, no total, seis combinações, conforme Tabela 2. Após os cruzamentos, as sementes F<sub>1</sub> obtidas foram semeadas novamente em vasos, nas mesmas condições dos

parentais, para que se autofecundassem, gerando as sementes F<sub>2</sub>. Após a maturação das plantas, foi realizada a colheita manual das sementes F<sub>2</sub>.

Considerando que a soja é uma espécie que se autofecunda e necessita de emasculação manual, há dificuldade na obtenção de sementes suficientes para análise na geração F<sub>1</sub>. No entanto a análise dialélica na geração F<sub>2</sub> fornece resultados confiáveis e talvez até melhores que na geração F<sub>1</sub> (CHO; SCOTT, 2000).

Tabela 2 – Esquema do dialelo completo balanceado com progenitores, F<sub>2</sub> e seus recíprocos, e codificação das populações

Progenitores	P1-TMG 801 (M)	P2-UFUS 7415 (M)	P3-BRSGO 7560 (M)
P1-TMG 801 (F)	1x1	1x2	1x3
P2-UFUS 7415 (F)	2x1	2x2	2x3
P3-BRSGO 7560 (F)	3x1	3x2	3x3

Macho (M); Fêmea (F).

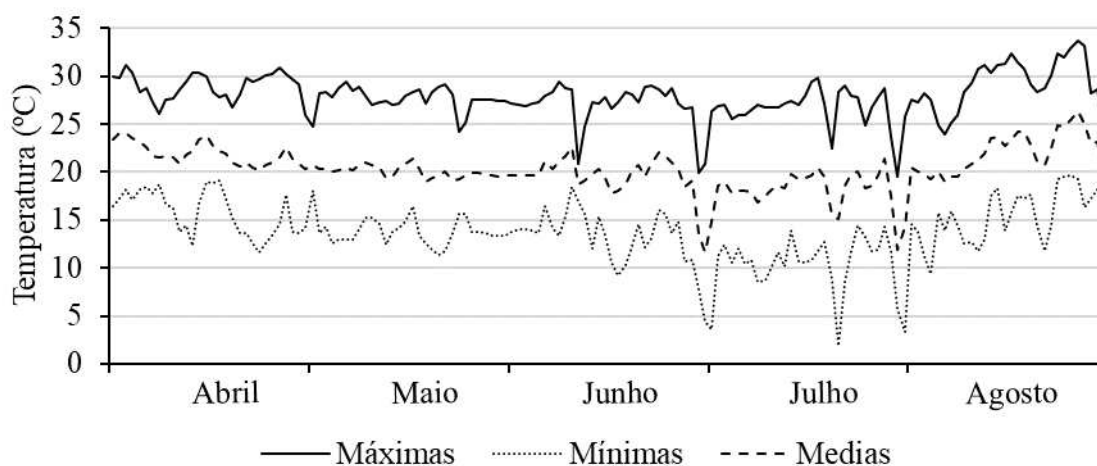
Fonte: o autor.

A semeadura do dialelo foi realizada no dia 21 de abril de 2021, em vasos plásticos com volume de 4 L, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica. As sementes foram tratadas com o inseticida fipronil (250 g L<sup>-1</sup>), com a mistura dos fungicidas piraclostrobina (25 g L<sup>-1</sup>) e tiofanato-metílico (225 g L<sup>-1</sup>), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Colocou-se 5 sementes por vaso, a 2 cm de profundidade. Posteriormente, 10 dias após a emergência, procedeu-se com o desbaste deixando apenas as duas plantas mais vigorosas em cada vaso.

O delineamento adotado foi em blocos casualizados, com nove tratamentos (três progenitores e seis combinações F<sub>2</sub>) e dez repetições, sendo cada parcela constituída por um vaso com duas plantas. Os vasos foram adubados quinzenalmente com NPK (04-30-16) e MAP (Mono-amônio-fosfato) e irrigados duas vezes ao dia. Durante o período experimental, foram monitoradas a ocorrência de plantas daninhas, doenças e pragas. O controle de plantas daninhas foi realizado de forma manual retirando-se as plantas à medida que surgiam. As doenças e pragas foram controladas, respectivamente, com fungicidas (trifloxistrobina + protioconazol) e inseticidas (acefato e lambda-cialotrina+tiametoxam) aplicados com o auxílio de bomba costal de 5 L de calda, quando necessário.

No Gráfico 2 estão representados os dados meteorológicos de temperatura durante a condução do experimento.

Gráfico 2 – Temperaturas máximas, mínimas e médias nos meses de abril a agosto de 2021 em Uberlândia, MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA).

De acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura (FEHR; CAVINESS, 1977), foram avaliados em cada planta:

1) Caracteres agrônômicos:

a) 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);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8;

c) Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);

d) Número de Nós no Florescimento (NNF): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);

e) Número de Nós Produtivos (NNPro): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens (R8);

f) Número de Nós Totais (NNTo): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);

g) Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8), medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

h) Altura de inserção da primeira vagem: altura (cm) na haste principal a partir do colo da planta até a inserção da primeira vagem.

2) Caracteres de produção:

a) Número de vagens com um grão (NV1G): obtido pela contagem do número de vagens contendo um grão, após o beneficiamento manual de cada planta;

b) Número de vagens com dois grãos (NV2G): obtido pela contagem do número de vagens com dois grãos, após o beneficiamento manual de cada planta;

c) Número de vagens com três grãos (NV3G): obtido pela contagem do número de vagens com três grãos, após o beneficiamento manual de cada planta;

d) Número de vagens totais (NVT): número de vagens produzidas pela planta obtido pelo somatório do número de vagens de 1, 2 e 3 grãos;

e) Número de sementes por vagem (NSV): obtido pela divisão do número total de sementes pelo NTV;

f) Produção de grãos por planta (PG): após a colheita, as plantas foram trilhadas e beneficiadas manualmente, e seus grãos tiveram sua massa determinada em balança analítica, com duas casas decimais;

g) Peso de 100 grãos (P100G): realizado pela divisão entre PG e o número de sementes por planta x 100.

Os dados do NDF, NDM, APF, NNF, NNT<sub>o</sub>, NNPro, NV1G, NV2G e PG foram transformados para  $\sqrt{x + 0,5}$  para atender aos pressupostos da análise de variância. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variabilidade genética para os caracteres de estudo. Foi seguido o modelo estatístico descrito pela equação abaixo, levando-se em consideração o delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios:

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

Em que:

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

$\mu$ : média geral do caráter;

$G_i$ : efeito do genótipo considerado aleatório  $i$ ;

$B_j$ : efeito do bloco considerado aleatório  $j$ ;

$\varepsilon_{ij}$ : efeito do erro considerado aleatório.

As médias foram agrupadas pelo Teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Em seguida foram realizadas as estimativas dos parâmetros genéticos.

O parâmetro de herdabilidade no sentido amplo foi estimado utilizando as seguintes equações:

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

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

Em que:

$h_a^2$ : Herdabilidade no sentido amplo;

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

$r$ : número de repetições.

Para análise dialélica foi utilizado o método 1 proposto por Griffing (1956), no qual são incluídos os genitores, população segregante  $F_2$  e os seus recíprocos. O efeito da população  $F_2$  foi decomposto em capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e efeito recíproco (ER) de acordo com o modelo estatístico descrito na equação:

$$Y_{ij} = m + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

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 ( $i, j = 1, 2 \dots p$ );

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

$r_{ij}$ : efeito recíproco que mede as diferenças proporcionadas pelo progenitor  $i$ , ou  $j$ , quando utilizado como macho ou fêmea no cruzamento  $ij$ ; e

$\varepsilon_{ij}$ : erro experimental médio associado à observação de ordem  $ij$ .

Neste modelo são considerados  $s_{ij} = s_{ji}$ ,  $r_{ij} = -r_{ji}$  e  $r_{ii} = 0$ .

Considerando as seguintes restrições:

$$\sum_i \hat{g}_i = 0 \text{ e } \sum_j \hat{s}_{ij} = 0 \text{ para todo } i$$

Para modelos fixos, os componentes quadráticos ( $\phi$ ) que expressam a variabilidade genética, em termos de capacidade geral e específica de combinação e efeitos recíprocos, foram estimados por meio das seguintes expressões:

$$\phi_g = \frac{QMG - QMR}{2p}$$

$$\phi_s = QMS - QMR$$

$$\phi_{rc} = \frac{QMRC - QMR}{2}$$

As análises genético-estatísticas foram realizadas no programa computacional GENES (CRUZ, 2016).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Uma das etapas essenciais ao melhoramento genético por meio de hibridação é a obtenção de variância genética para os caracteres alvos de melhoramento. Pela Tabela 3, constatou-se a existência de variância genética ao nível de 0,1%, 1% ou 5% de significância pelo teste F, para todos os caracteres, exceto para APF e P100G. Pela análise dialélica, verificou-se efeitos significativos para CGC, ao nível de 0,1%, 1% ou 5% de significância pelo teste F, exceto para APF, AIPV, NSV e P100G. Por outro lado, os efeitos de CEC foram relevantes, ao nível de 5% de significância pelo Teste F, para os caracteres NDM, NNPro, NV2G, NTV e NSV. Verificou-se ER significativos, ao nível de 5% de significância pelo Teste F, para os caracteres NDM e NNPro e, ao nível de 1% de significância pelo Teste F, para o caráter NSV.

Tabela 3 – Quadrado médio do genótipo (QMG), capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC) e do efeito recíproco (ER), coeficiente de variação (CV) e herdabilidade no sentido amplo ( $h_a^2$ ) em esquema dialélico com três progenitores e seis combinações F<sub>2</sub> conduzidos em casa de vegetação

Caráter	QMG	CGC	CEC	ER	CV (%)	$h_a^2$ (%)
NDF	1,69***	5,08***	0,24 <sup>ns</sup>	0,39 <sup>ns</sup>	5,92	89,47
NDM	3,08***	10,58***	0,58*	0,58*	3,86	94,64
APF	0,60 <sup>ns</sup>	0,69 <sup>ns</sup>	0,36 <sup>ns</sup>	0,77 <sup>ns</sup>	9,18	45,98
NNF	0,14***	0,55***	0,01 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	4,62	85,47
AIPV	21,78 <sup>ns</sup>	11,58 <sup>ns</sup>	23,46 <sup>ns</sup>	26,91 <sup>ns</sup>	22,62	50,89
APM	158,52*	427,85**	19,30 <sup>ns</sup>	118,20 <sup>ns</sup>	14,49	60,45
NNT <sub>o</sub>	0,19***	0,64***	0,01 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	4,67	86,43
NNPro	0,18***	0,42***	0,01*	0,02*	5,18	84,28
NV1G	0,80*	1,16*	0,61 <sup>ns</sup>	0,74 <sup>ns</sup>	26,70	57,32
NV2G	1,86**	4,78***	1,55*	0,21 <sup>ns</sup>	18,08	73,32
NV3G	1,01*	1,44*	1,10 <sup>ns</sup>	0,64 <sup>ns</sup>	20,43	54,64
NTV	381,37***	10002,55***	332,83*	15,79 <sup>ns</sup>	31,78	74,18
NSV	0,07**	0,03 <sup>ns</sup>	0,06*	0,10**	7,01	67,26
PG	0,79***	2,39***	0,32 <sup>ns</sup>	0,18 <sup>ns</sup>	13,15	81,04
P100G	10,91 <sup>ns</sup>	11,32 <sup>ns</sup>	6,02 <sup>ns</sup>	15,54 <sup>ns</sup>	22,20	28,74

\*\*\*Significativo ao nível de 0,1% de probabilidade pelo Teste F; \*\*Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo Teste F; \*Significativo ao nível de 5% de probabilidade pelo Teste F; ns: Não significativo; NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); APM: altura de planta na maturação (cm); NNTTo: número de nós totais; NNPro: número de nós produtivos; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g); P100G: peso de 100 grãos.

Fonte: o autor.

Os efeitos significativos da CGC para todos os caracteres avaliados indicam a presença de efeito aditivo, exceto para APF, AIPV, NSV e P100G (Tabela 3). A CEC foi significativa para o NDM, NNPro, NV2G, NTV e NSV, ou seja, houve efeitos não aditivos influenciando esses caracteres. Nota-se diferenças significativas do ER somente para o NDM, NNPro e NSV, indicando que o efeito citoplasmático ou os genes nucleares do genótipo utilizado como mãe influenciaram esses caracteres.

Analisando a magnitude dos quadrados médios da CGC em relação a CEC e ER, nota-se que todos os caracteres avaliados tiveram maior participação dos efeitos gênicos aditivos. Em estudos dialélicos na soja, resultados similares foram observados por Daronch *et al.* (2014) na geração F<sub>2</sub>, Bezerra *et al.* (2022) na geração F<sub>1</sub> e Santos *et al.* (2025) nas gerações F<sub>1</sub> e F<sub>2</sub>. No entanto, Yassien; Abd El-Mohsen (2000) observaram o contrário para os caracteres NDF, NDM e P100G na geração F<sub>1</sub> e Ferreira *et al.* (2024) para os caracteres NDF, NDM, APM, NNTTo, NNPro, AIPV, NV1G, NV2G, NV3G, NVT e PG na geração F<sub>2</sub>. Yassien; El-Mohsen (2000) encontraram efeitos recíprocos positivos e significativos para ciclo (NDF e NDM) e componentes de produção (período de enchimento de grãos e PG), indicando a existência de efeitos maternos para esses caracteres e destacando que devem ser levados em consideração em programas de melhoramento de soja. KARYAWATI *et al.* (2015) estimaram efeitos recíprocos significativos para características da soja, como APM, nº de ramificações, nº de grãos por planta, PG e P100G.

A predominância de efeitos gênicos aditivos (herdáveis) indica que a seleção pode ser realizada nas gerações iniciais, o que torna as populações promissoras para o desenvolvimento de linhagens (SANTOS *et al.*, 2025). As estimativas da CEC são relevantes para o melhoramento genético, pois evidenciam a complementaridade entre os genitores, possibilitando ganhos de seleção de novos genótipos (SOARES *et al.*, 2023).

O coeficiente de variação (CV) para os caracteres avaliados variou de 3,86% (NDM) a 31,78% (NTV) e podem ser considerados aceitáveis. O CV para NDF e NDM foram próximos aos estimados por Bezerra *et al.* (2022), 7,54% e 1,77%, respectivamente, e menor para PG (31,44%) no cultivo de soja, em casa de vegetação, no período de inverno. Os valores do CV estimados por Santos *et al.* (2025) no cultivo da soja em casa de vegetação para os caracteres NDF (19,21%), NDM (10,02%), APM (26,61%), AIPV (34,68%), NNT<sub>o</sub> (16,03%), NNPro (18,47%), NV1G (60,03%), NV2G (49,53%), NV3G (46,59%) e PG (35,90%) foram maiores; e para NTV (37,13%) e NSV (10,04%) próximos aos estimados no presente trabalho.

A herdabilidade é um importante parâmetro genético, correspondente à proporção da variância fenotípica atribuída às causas genéticas, sendo útil para predizer o ganho de seleção (FALCONER; MACKAY, 1996).

A herdabilidade dos caracteres variou de 28,74% a 94,54% e foi classificada em três categorias, de acordo com a sua magnitude, conforme Pereira; Vello; Rocha (2019), como: baixa ( $h_a^2 < 40\%$ ), moderada ( $40\% < h_a^2 < 60\%$ ) e alta ( $h_a^2 > 60\%$ ). A herdabilidade foi baixa para P100G, moderada para APF, AIPV, NV1G e NV3G e alta para NDF, NDM, NNF, APM, NNT<sub>o</sub>, NNPro, NV2G, NTV, NSV e PG (Tabela 3).

Na Tabela 4 são apresentadas as estimativas da CGC, CEC e ER para os caracteres agronômicos dos progenitores e combinações.

Tabela 4 – Estimativas do efeito da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), capacidade específica de combinação ( $s_{ij}$ ) e efeito recíproco ( $r_{ij}$ ) para caracteres agronômicos em três cultivares de soja

Combinação	NDF	NDM	APF	NNF	AIPV	APM	NNT <sub>o</sub>	NNPro
Capacidade Geral de Combinação (CGC) – $g_i$								
1 – TMG 801	0,35	0,47	0,03	0,09	-0,27	-1,56	0,09	0,07
2 – UFUS 7415	-0,14	-0,13	0,08	0,002	0,50	3,08	0,02	0,02
3 – BRSGO 7560	-0,21	-0,33	-0,12	-0,09	-0,23	-1,51	-0,11	-0,09
Capacidade Específica de Combinação (CEC) – $s_{ii} = r_{ii}$ e $s_{ij}$								
$s_{11} = r_{11}$	0,15	0,002	0,19	0,005	1,61	1,29	-0,005	-0,11
$s_{22} = r_{22}$	-0,02	-0,19	0,14	-0,03	0,55	1,24	-0,04	-0,05
$s_{33} = r_{33}$	0,07	0,14	0,08	-0,01	-0,23	0,44	0,01	-0,04
$s_{12}$	-0,02	0,16	-0,12	0,007	-1,20	-1,04	0,02	0,06
$s_{13}$	-0,13	-0,17	-0,06	-0,01	-0,41	-0,24	-0,02	0,05
$s_{23}$	0,05	0,02	-0,02	0,02	0,64	-0,19	0,01	-0,06
Efeito Recíproco (ER) – $r_{ij}$								
$r_{12}$	-0,08	-0,12	-0,18	-0,006	-0,71	-1,71	0,007	0,05
$r_{13}$	0,22	0,26	0,28	0,04	1,76	3,81	0,10	0,10
$r_{23}$	-0,006	-0,03	-0,01	0,008	-0,65	-0,51	-0,01	-0,02

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento; NNF: número de nós no florescimento; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; APM: altura de planta na maturação; NNT<sub>o</sub>: número de nós totais; NNPro: número de nós produtivos.

Fonte: o autor.

Segundo Baldissera *et al.* (2014), a CGC descreve o comportamento médio de um genitor em uma série de combinações híbridas e seus efeitos apontam para o seu potencial em gerar combinações favoráveis a formação de genes que são predominantemente aditivos. Se a estimativa dos efeitos da CGC ( $\hat{g}_i$ ) for positiva ou negativa para um determinado progenitor, este será superior ou inferior em comparação aos demais progenitores incluídos no dialelo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As estimativas de CGC do progenitor 1 (TMG 801) foram positivas para os caracteres relacionados ao ciclo, NDF, NDM; número de nós, NNF, NNTo e NNPro, e negativa para APM. Bezerra *et al.* (2022) encontraram estimativas de CGC positivas do NDF e NDM para o progenitor TMG 801 e Santos *et al.* (2025) encontraram estimativas de CGC positivas do NDF, NDM, NNTo, NNPro e APM no mesmo progenitor.

As estimativas da CGC do progenitor 2 (UFUS 7415) foram negativas para os caracteres relacionados ao ciclo, NDF, NDM; e positivas para o número de nós, NNF, NNTo, NNPro e APM. Ferreira *et al.* (2024) encontraram estimativas de CGC negativas do NDF, NDM e positivas do NNF, NNTo, NNPro e APM para o progenitor UFUS 7415.

As estimativas de CGC do progenitor 3 (BRSGO 7560) foram negativas para todos os caracteres.

De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), interessam aos melhoristas as combinações híbridas, com estimativas de CEC ( $s_{ij}$ ), que envolvam pelo menos um dos progenitores que tenha apresentado o mais favorável efeito da CGC.

Os efeitos da CEC, apesar de serem úteis na indicação das melhores combinações híbridas, não evidenciam se o comportamento dos híbridos pode ser alterado com a utilização de genitores, ora como feminino ou como masculino (ROCHA *et al.*, 2014). Considerando que neste estimador o índice I refere-se ao progenitor feminino e o J ao do progenitor masculino, caso o efeito de  $r_{ij}$  tiver valor negativo, o progenitor I deve ser utilizado como masculino e o J como feminino (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Com o objetivo de encurtar o ciclo de cultivares de soja, deve-se considerar que, dentre os progenitores avaliados, o BRSGO 7560 proporcionou maior contribuição para reduzir o ciclo vegetativo (NDF) e total (NDM). O  $s_{ii}$  do progenitor BRSGO 7560 é positivo. A estimativa de ( $s_{ij}$ ) é um importante indicador da existência, ou não, de dominância unidirecional, sendo que seus valores serão negativos quando os desvios de dominância forem predominantemente positivos, e positivos em caso contrário (CRUZ; VENCOSKY, 1989). O menor valor da CEC foi observado no cruzamento entre o progenitor TMG 801 e BRSGO 7560, considerando o valor positivo de ER e que se busca os menores valores, emprega-se o BRSGO 7560 como feminino e o TMG 801 como masculino.

Em relação aos números de nós, NNF, NNTo e NNPro, os maiores valores positivos da estimativa da CGC foram observados para o progenitor TMG 801. Os maiores valores positivos

da CEC indicaram que a combinação mais favorável ocorreu no cruzamento entre os progenitores TMG 801 e UFUS 7415, sendo utilizado para o NNF o UFUS 7415 como feminino e TMG 801 como masculino e para NNT<sub>o</sub> e NNPro, o progenitor TMG 801 como feminino e o UFUS 7415 como masculino.

As médias dos caracteres agrônômicos dos progenitores e suas combinações estão relacionados na Tabela 5.

Tabela 5 – Médias fenotípicas dos caracteres agrônômicos de três progenitores e seis combinações F<sub>2</sub> de soja

Combinação	NDF	NDM	APF	NNF	AIPV	APM	NNT <sub>o</sub>	NNPro
P1xP1	63,5 a	131,1 a	41,6	10,8 a	15,5	52,8 a	12,9 a	10,4 a
P2xP2	45,8 c	100,9 c	42,1	9,4 b	16,0	62,0 a	11,6 a	10,1 b
P3xP3	45,4 c	99,4 c	36,3	8,3 c	13,7	52,0 a	10,2 b	8,8 b
P1xP2	52,1 b	118,8 b	36,5	10,2 a	12,7	53,4 a	12,7 a	11,7 a
P1xP3	53,8 b	115,3 b	40,0	9,8 a	15,3	55,1 a	12,0 a	11,2 a
P2xP3	46,0 c	100,6 c	37,2	9,2 b	14,7	55,5 a	11,0 b	9,6 b
P2xP1	54,2 b	124,1 a	40,6	10,3 a	14,2	56,8 a	12,6 a	10,9 a
P3xP1	47,6 c	104,2 c	33,6	9,2 b	11,7	47,5 a	10,6 b	9,7 b
P3xP2	46,1 c	102,0 c	37,7	9,1 b	16,0	56,5 a	11,1 b	9,9 b
$\bar{X}$	50,52	110,72	38,4	9,6	14,4	54,6	11,6	10,2

P1-TMG 801; P2-UFUS 7415; P3-BRSGO 7560; NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); APM: altura de planta na maturação (cm); NNT<sub>o</sub>: número de nós totais; NNPro: número de nós produtivos. Médias seguidas da mesma letra não diferenciam entre si pelo Teste de Scott-Knott a 5%.

Fonte: o autor.

Para os caracteres de ciclo, considerando o agrupamento de médias, um dos cruzamentos com a menor duração do NDF e NDM foram observadas para as combinações P3xP1, de 47,6 dias e 104,2 dias, respectivamente, com resultados diferindo de seu recíproco P1xP3 (Tabela 5). Os valores da combinação P3xP1 estão abaixo da média geral de NDF e NDM, 50,52 dias e 110,72 dias, respectivamente. Bezerra *et al.* (2022), no cultivo da soja em casa de vegetação, no inverno, estimaram valores médios para NDF e NDM de 57,56 dias e 118,25 dias, respectivamente. No geral, a duração do ciclo dos parentais correspondeu aos

valores do GRM a que pertencem, pois quando cultivares são semeados em uma mesma época e na mesma região, quanto menor o seu GMR, menor é a duração do ciclo (ZANON *et al.*, 2015).

As medidas dos caracteres APF, AIPV e APM foram, em média, 38,4 e 14,4 e 54,6 cm, respectivamente, não havendo diferenças entre os progenitores e suas combinações (Tabela 5). A AIPV média atingiu valor satisfatório, pois, segundo Bezerra *et al.* (2017), as cultivares mais produtivas e as que são colhidas com maior eficiência são aquelas cuja altura de inserção varia entre 10 e 15 cm. No entanto, a APM pode ser considerada baixa, pois para atingir a máxima produtividade a soja deve apresentar no mínimo 70 e no máximo 120 cm de altura (VERNETTI; VERNETTI JUNIOR, 2017).

Analisando o número de nós por planta no florescimento, as combinações mais favoráveis foram P1xP2 e seu recíproco, com 10,2 e 10,3, respectivamente, valores superiores a média geral 9,6 (Tabela 5). O NNTo e NNPro foram maiores na combinação P1xP2, 12,7 e 11,7, respectivamente, valores superiores às médias gerais de 11,6 e 10,2, respectivamente.

Na Tabela 6 são apresentadas as estimativas da CGC, CEC e ER para os caracteres de produção dos progenitores e combinações.

Tabela 6 – Estimativas do efeito da capacidade geral de combinação ( $\hat{g}_i$ ), capacidade específica de combinação ( $s_{ij}$ ) e efeito recíproco ( $r_{ij}$ ) para caracteres de produção em três cultivares e seis combinações de soja

Combinação	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PG	P100G
Capacidade Geral de Combinação (CGC) – $g_i$							
1 - TMG 801	0,15	0,27	0,15	4,11	-0,02	0,19	0,47
2 - UFUS 7415	-0,06	0,02	0,005	-0,04	0,02	0,002	-0,09
3 - BRSGO 7560	-0,09	-0,29	-0,15	-4,06	0,005	-0,20	-0,38
Capacidade Específica de Combinação (CEC) – $s_{ii} = r_{ii}$ e $s_{ij}$							
$s_{11} = r_{11}$	-0,07	-0,36	-0,33	-5,64	-0,03	-0,17	0,75
$s_{22} = r_{22}$	-0,11	-0,17	-0,15	-3,57	-0,007	-0,10	0,35
$s_{33} = r_{33}$	0,20	0,13	-0,25	0,75	-0,09	0,02	0,64
$s_{12}$	0,19	0,33	0,11	4,98	-0,02	0,15	-0,23
$s_{13}$	-0,12	0,02	0,21	0,65	0,05	0,02	-0,52
$s_{23}$	-0,08	-0,16	0,03	-1,41	0,03	-0,04	-0,12
Efeito Recíproco (ER) – $r_{ij}$							
$r_{12}$	-0,25	-0,10	0,29	-0,52	0,10	-0,12	-1,38
$r_{13}$	0,09	0,14	-0,001	1,42	-0,01	0,11	0,62
$r_{23}$	-0,19	-0,01	0,09	-0,25	0,06	0,01	-0,10

NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g); P100G: peso de 100 grãos.

Fonte: o autor.

A estimativa dos efeitos da CGC do progenitor 1 (TMG 801) foram positivas para todos os caracteres de produção, exceto para NSV (Tabela 6). Esses resultados, no geral, corroboram com os observados por Santos *et al.* (2025) para os caracteres de produção, e por Bezerra *et al.* (2022) para a PG. O  $s_{ii}$  do progenitor 1 foi negativo, o que indica a existência de desvios de dominância positivos. O contrário foi observado para as estimativas de CGC e  $s_{ii}$  do progenitor 3 (BRSGO 7560). A estimativas dos efeitos da CGC para o progenitor 2 (UFUS 7415) foram positivas para os componentes de produção, porém de menor magnitude do que as observadas

no progenitor 1. As estimativas da CGC para o progenitor 2 corroboram com as observadas por Ferreira *et al.* (2024), exceto para NV1G e NTV.

Os maiores valores da CEC para os caracteres NV1G, NV2G, NTV e PG foram observados nos cruzamentos entre os progenitores 1 (TMG 801) e 2 (UFUS 7415), sendo o 2 utilizado como progenitor feminino e o 1 como progenitor masculino; para os caracteres NV3G e NSV os maiores valores da CEC foram observados nos cruzamentos entre os progenitores 1 e 3, sendo o 3 utilizado como progenitor feminino e o 1 como progenitor masculino.

As médias dos caracteres de produção dos progenitores e suas combinações estão relacionados na Tabela 7.

Tabela 7 – Dados médios dos caracteres de produção de três progenitores e seis combinações F<sub>2</sub> de soja

Combinação	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PG	P100G
P1xP1	5,6	16,6 a	11,5	33,8 a	2,1 b	9,9 a	14,2
P2xP2	3,3	13,8 b	10,0	27,5 b	2,2 a	7,6 b	12,7
P3xP3	4,8	11,6 b	7,4	23,8 b	2,1 b	6,3 b	12,4
P1xP2	4,7	20,1 a	14,9	39,7 a	2,2 a	9,7 a	11,3
P1xP3	4,6	16,2 a	12,5	33,3 a	2,2 a	9,1 a	12,7
P2xP3	2,8	11,7 b	10,6	25,4 b	2,3 a	6,9 b	11,8
P2xP1	7,5	22,1 a	11,1	40,8 a	2,0 b	11,7 a	14,0
P3xP1	3,9	14,0 b	12,5	30,5 b	2,2 a	7,7 b	11,4
P3xP2	4,6	11,7 b	9,5	25,9 b	2,1 b	6,7 b	12,0
$\bar{x}$	4,6	15,3	11,1	31,2	2,2	8,4	12,5

P1-TMG 801; P2-UFUS 7415; P3-BRSGO 7560; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g); P100G: peso de 100 grãos (g). Médias seguidas da mesma letra não diferenciam entre si pelo Teste de Scott-Knott a 5%.

Fonte: o autor.

Dentre os componentes de produção, a combinação mais favorável para os caracteres NV1G, NV2G, NTV e PG foi a P2xP1 com valores de 7,5, 22,1, 40,8 e 11,7, respectivamente, estando acima da média geral (Tabela 7). Bezerra *et al.* (2022) obtiveram valores médios para

a produção de grãos de 10,32 g no cultivo da soja no inverno, acima da média geral de 8,4 g observada no presente trabalho. As combinações P2xP1 e P3xP2 foram desfavoráveis para o NSV; e o NSV da combinação P1xP3 e seu recíproco foram maiores que os valores obtidos em seus progenitores (Tabela 7).

Apesar da combinação P3xP1 apresentar menor ciclo, houve redução da produtividade. Balbinot Junior (2022) relata que um dos fatores limitantes à produtividade da soja é a redução da duração do seu ciclo de desenvolvimento para permitir a semeadura de culturas na segunda safra, sobretudo o milho, o que pode não aumentar ou até mesmo diminuir o potencial de rendimento da cultura no processo de seleção por novas cultivares.

Desse modo, considerando a redução do ciclo em detrimento da produtividade do cruzamento P3xP1, a combinação P1xP3, P1 (TMG 801) como progenitor feminino e P3 (BRSGO 7560) como progenitor masculino, se mostrou mais adequada, pois houve a redução do ciclo e a manutenção da produtividade, quando comparada ao progenitor P1, que apresentou o maior ciclo e produtividade.

Essa diferença entre cruzamentos recíprocos pode estar relacionada aos efeitos citoplasmáticos, uma vez que alguns caracteres são herdados por genes ou produtos gênicos presentes no citoplasma do gameta. Como o gameta feminino fornece praticamente todo o citoplasma ao descendente, a herança desses caracteres pode diferir daquela controlada por genes nucleares, sendo possível identificá-la pela comparação entre um cruzamento e seu recíproco (RAMALHO *et al.*, 2012).

#### 4 CONCLUSÕES

- Os efeitos aditivos foram de maior relevância que os não aditivos para todos os caracteres, exceto para APF, AIPV, NSV e P100G;
- O efeito recíproco foi significativo para os caracteres NDM, NNPro e NSV, o que indica a presença de efeito materno ou herança citoplasmática;
- O progenitor 1 (TMG 801) contribui para o aumento da maior parte dos caracteres avaliados enquanto o contrário foi observado para o progenitor 3 (BRSGO 7560);
- A combinação mais promissora para a redução de ciclo foi a P3xP1 (BRSGO 7560 x TMG 801) e para o aumento da produção de grãos a P2xP1 (UFUS 7415 x TMG 801);
- A combinação que apresentou valores mais favoráveis a redução de ciclo e aumento da produção de grãos foi o P1xP3, ou seja, TMG 801 como feminino e BRSGO 7560 como masculino.

## REFERÊNCIAS

- BALBINOT JUNIOR, A. A.; NEPOMUCENO, A. L.; HIRAKURI, M. H.; FRANCHINI, J. C.; DEBIASI, H.; COELHO, A. E. **Análise da produção, área cultivada, produtividade e estabilidade produtiva da soja nos estados brasileiros em 25 safras (1996/1997 a 2020/2021)**. Londrina, PR: Embrapa Soja, 2022. 21p. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, n. 27). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1141748/1/Boletim-27-final.pdf>. Acesso em: 10 dez. 2025.
- BALDISSERA, J. N. C.; VALENTINI, G.; COAN, M. M. D.; ALMEIDA, C. B.; GUIDOLIN, A. F.; COIMBRA, J. L. M. Capacidade combinatória e efeito recíproco em características agronômicas do feijão. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v.33, n.2, p. 471-480, 2012. DOI: 10.5433/1679-0359.2012v33n2p471. Disponível em: <https://www.uel.br/revistas/uel/index.php/semagrarias/article/viewFile/6026/10481>. Acesso em: 12 nov. 2025.
- 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: <http://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632/3827>. Acesso em 12 nov. 2025.
- BARROS, H. B. Rotação e sucessão. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 9, p. 171-175.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F.L.; BOREM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical aspects of the development of cultivars. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 21, p. 395-411.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; MATSUO, E. Análise dialélica e vigor híbrido. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 7, p. 83-93.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S.; ROSA, D. P. Complementarity between parents for earliness and grain yield in soybean. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 57, e02657, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02657>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/gKdnZ74pmmCm8Gs3yKWsYYF/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 14 dez. 2025.
- BOREM, A. **Hibridação Artificial de Plantas**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento genético de plantas: princípios e procedimentos**. 2. ed. Lavras: Editora UFPA, 2006.

CHO, Y.; SCOTT, R. A. Combining ability of seed vigor and seed yield in soybean. **Euphytica**, v. 112, p. 145-150, 2000. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1023/A:1003827930786>. Acesso em: 10 out. 2025.

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.425-438, 1989.

CRUZ, C. D. **Princípios de genética quantitativa**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2005.

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

CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. DOI: [10.4025/actasciagron.v38i4.32629](https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/sLvDYF5MYv9kWR5MKgxb6sL/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 13 out. 2025.

DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M.; AFFÈRRI, F. S.; NASCIMENTO, M. O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F<sub>2</sub>, sob condições de cerrado tocantinense. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 30, p. 688-695, 2014. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/18208/15228>. Acesso em: 20 nov. 2025.

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

FERREIRA, S. B.; GOMES, B. H.; HAMAWAKI, O. T.; DIAS, P. A. S.; HAMAWAKI, C. D. L.; HAMAWAKI, R. L.; NOGUEIRA, A. O. Diallel and Generation analysis in F<sub>2</sub> soybean populations. **Agronomy Research**, v. 22, n. 3, p. 1421-1433, 2024. DOI: <https://doi.org/10.15159/AR.24.100>. Disponível em: <https://agronomy.emu.ee/wp-content/uploads/2024/12/45-57-Ferreira.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2025.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, p. 463-493, 1956. Disponível em: <https://scispace.com/pdf/concept-of-general-and-specific-combining-ability-in-37z9lazbvi.pdf>. Acesso em: 10 nov. 2025.

KARYAWATI, A. S.; SITOMPUL, S. M.; SITAWATI, N. B. Combining ability analysis for physiological characters of soybean (*Glycine max* L. Merrill). **International Journal of Plant Research**, v. 5, n. 5, p. 113-121, 2015. DOI: 10.5923/j.plant.20150505.04. Disponível em: <http://www.sapub.org/global/showpaperpdf.aspx?doi=10.5923/j.plant.20150505.04>. Acesso em: 15 nov. 2025.

PELEGRIN, A. J.; NARDINO, M.; CARVALHO, I. R.; SZARESKI, V. J.; FERRARI, M.; CONTE, G. G.; OLIVEIRA, A. C.; SOUZA, V. Q.; MAIA, L. C. Combining ability as a criterion for wheat parentes selection. **Functional plant breeding journal**, v. 2, n. 1, p. 35-45, 2020. DOI: 10.35418/2526-4117/v2n1a4. Disponível em: <http://159.89.122.252/fpbj/index.php/fpbj/article/view/69/26>. Acesso: 3 jan. 2026.

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F. Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F<sub>2</sub> generation. **Revista Agrarian**, v. 12, n. 45, p. 286-295, 2019. DOI: 10.30612/agrarian.v12i45.7413. Disponível em: <https://ojs.ufgd.edu.br/agrarian/article/view/7413/5337>. Acesso em: 15 dez. 2025.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. **Genética na Agropecuária**. 5. ed. Lavras: Editora UFLA, 2012.

ROCHA, F.; STINGHEN, J. C.; GEMELI, M. S.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Análise dialélica como ferramenta na seleção de genitores em feijão. *Revista Ciência Agronômica*, Fortaleza, v. 45, n. 1, p. 74-81, 2014. DOI: [10.1590/S1806-66902014000100010](https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000100010). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/RfxYNxPmFFzgzFNRcdCVJG/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 6 jan. 2025.

SANTOS, M. S.; HAMAWAKI, O. T.; GOMES, B. H.; GASTL FILHO, J.; OLIVEIRA, M. B.; SILVA, A. C.; FARIA, M. V.; NOGUEIRA, A. P. O. Combining ability of soybean in F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generations for earliness and grain yield. **Caatinga**, v. 38, e12487, 2025. DOI: [http://dx.doi.org/10.1590/1983-21252025v38i12487rc](https://dx.doi.org/10.1590/1983-21252025v38i12487rc). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rcaat/a/dwFrLSzP6Fhv4vw9jbWpgcz/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 12 dez. 2025.

SOARES, S. L.; SIMON, G. A.; ALVARES, R. C.; SILVA, F. H. L. Combining performance and estimated genetic diversity among soybean parentes and F<sub>1</sub> populations. **Revista Ceres**, Viçosa, MG, v. 70, n. 1, p. 81-90, 2023. DOI: [10.1590/0034-737X202370020010](https://doi.org/10.1590/0034-737X202370020010). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rceres/a/j9nQrRY7rvXBkVTrLQmmqnF/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 10 fev. 2026.

TANCREDI, F. D.; SILVA, F. C. S.; MATSUO, E.; SEDIYAMA, T. Origem, distribuição geográfica e importância econômica. *In*: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 1, p. 13-24.

VERNETTI, F. J.; VERNETTI JUNIOR, F. J. Qualitative traits in breeding *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 5, p. 55-80.

YASSIEN, H. E.; EL-MOHSEN, M. A. A. Combining ability analysis, heritability and heterosis in soybean. **Journal of Plant Production**, v. 25, n. 6, p. 3177-3186, 2000. Disponível em:

<https://pdfs.semanticscholar.org/7586/5514961e2e3b60f265ee6b264dbd515e2075.pdf>.

Acesso em: 15 nov. 2025.

ZANON, A. J.; WINCK, J. E. M.; STRECK, N. A.; ROCHA, T. S. M.; CERA, J. C.; RICHTER, G. L.; LAGO, I.; SANTOS, P. M.; MACIEL, L. R.; GUEDES, J. V. C.; MARCHESAN, E. Desenvolvimento de cultivares de soja em função do grupo de maturação e tipo de crescimento em terras altas e terras baixas. **Bragantia**, v. 74, n. 4, p. 400-411, 2015. DOI: [10.1590/1678-4499.0043](https://doi.org/10.1590/1678-4499.0043). Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/brag/a/K4nQRyVDfqvys83YWKn6XLv/?format=pdf&lang=pt>.

Acesso em: 10 out. 2025.

## CAPÍTULO II

### ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS GENÉTICOS E GANHOS POR SELEÇÃO PARA PRECOCIDADE E PRODUÇÃO DE GRÃOS EM SOJA

#### RESUMO

Os programas de melhoramento têm buscado desenvolver cultivares precoces e produtivas. No desenvolvimento de cultivares, as hibridações são essenciais para a criação de variabilidade genética, e a estimativa de parâmetros genéticos é útil para orientar os melhoristas nas fases iniciais de um programa de melhoramento. Diante do exposto, o objetivo deste estudo foi desenvolver populações de soja e realizar estimativas de parâmetros genéticos e ganhos por seleção, visando à redução do ciclo e ao incremento na produção de grãos. O experimento foi realizado em Uberlândia, MG. As populações segregantes foram obtidas em casa de vegetação, a partir de cruzamentos biparentais entre as cultivares BRSGO 7560 x TMG 801 (A); TMG 7161 RR x UFUS 7415 (B); e TMG 801 x UFUS 7415 (C), sendo posteriormente avançadas até a geração F<sub>2</sub>. Cada população F<sub>1</sub> foi retrocruzada com seus parentais para obtenção dos retrocruzamentos. A semeadura dos parentais, da geração F<sub>2</sub> e dos retrocruzamentos foi realizada em 15 de dezembro de 2022, em campo, utilizando delineamento em blocos casualizados, com cinco repetições. Cada bloco foi constituído por linhas de 1 m de comprimento, contendo 10 sementes cada, sendo: uma linha do parental 1 (P1) e uma do parental 2 (P2); quatro linhas da população F<sub>2</sub>; duas linhas do retrocruzamento 1 (RC<sub>1</sub>); e duas linhas do retrocruzamento 2 (RC<sub>2</sub>). Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento e para a maturidade (NDF e NDM); altura de planta no florescimento e na maturidade (APF e APM); altura de inserção da primeira vagem na maturidade (AIPV); número de nós no florescimento (NNF); número de nós totais e produtivos na maturidade (NNTo e NNPro); número de vagens de 1, 2 e 3 grãos (NV1G, NV2G e NV3G); número total de vagens (NTV); número de sementes por vagem (NSV); e produção de grãos por planta (PG). Foram estimadas as variâncias fenotípica, ambiental, genotípica e aditiva, bem como a herdabilidade nos sentidos amplo e restrito e o número de genes envolvidos na determinação dos caracteres. Em seguida, foram selecionados 20% dos melhores genótipos, sendo posteriormente estimados

os ganhos por seleção. As médias dos caracteres agronômicos e de produtividade na geração F<sub>2</sub> foram intermediárias em relação às de seus parentais, e os valores dos retrocruzamentos (RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>) mostraram-se próximos aos de seus respectivos genitores. Os valores de herdabilidade no sentido restrito (%) na combinação BRS GO 7560 x TMG 801 foram NDF (114,66), APF (84,20), NNPro (90,26), NNT<sub>o</sub> (78,92), APM (104,52), NV1G (103,46), NV2G (105,97), NV3G (90,52), NTV (102,21) e PG (69,02); na combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 foram NNPro (104,8), NNT<sub>o</sub> (107,2), APM (128,3), AIPV (183,29), NV1G (83,79), NV2G (94,06), NTV (94,06) e PG (104,91) e na combinação TMG 801 x UFUS 7415 NDF (94,84), NDM (168,40), APM (82,97), NV3G (87,92), NTV (71,05) e PG (70,69). Os maiores ganhos por seleção para a redução de ciclo (NDM) foram obtidos na combinação TMG 801 x UFUS 7415 (-21,09%), enquanto, para o aumento da produção de grãos (g), os maiores ganhos foram observados na combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 (97,88%).

**Palavras-chave:** melhoramento de soja; biometria; retrocruzamentos.

## CHAPTER II

### GENETIC PARAMETERS ESTIMATION AND SELECTION GAINS FOR EARLINESS AND GRAIN YIELD IN SOYBEAN

#### ABSTRACT

Breeding programs have sought to develop early-maturing and high-yielding cultivars. In crop breeding, hybridization is essential for generating genetic variability, and the estimation of genetic parameters is useful for guiding breeders in the early stages of a breeding program. Therefore, the objective of this study was to develop soybean populations and estimate genetic parameters and selection gains, with the aim of shortening the growing season and increasing grain yield. The experiment was conducted in Uberlândia, MG, Brazil. The segregating populations were obtained in a greenhouse from biparental crosses between the cultivars BRSGO 7560 x TMG 801 (A); TMG 7161 RR x UFUS 7415 (B); and TMG 801 x UFUS 7415 (C), and were subsequently advanced to the F<sub>2</sub> generation. Each F<sub>1</sub> population was backcrossed with its parents to obtain the backcrosses. The parents, F<sub>2</sub> generation, and backcrosses were sown on December 15, 2022, in the field, using a randomized block design with five replicates. Each block consisted of 1 m long rows, each containing 10 seeds, as follows: one row of parental line 1 (P<sub>1</sub>) and one of parental line 2 (P<sub>2</sub>); four rows of the F<sub>2</sub> population; two rows of backcross 1 (RC<sub>1</sub>); and two rows of backcross 2 (RC<sub>2</sub>). The following traits were evaluated: number of days to flowering and to maturity (NDF and NDM); plant height at flowering and at maturity (APF and APM); height of insertion of the first pod at maturity (AIPV); number of nodes at flowering (NNF); total and productive number of nodes at maturity (NNT<sub>o</sub> and NN<sub>Pro</sub>); number of pods with 1, 2, and 3 grains (NV1G, NV2G, and NV3G); total number of pods (NTV); number of seeds per pod (NSV); and grain yield per plant (PG). The phenotypic, environmental, genotypic, and additive variances were estimated, as well as broad-sense and narrow-sense heritability and the number of genes involved in determining the traits. Then, the top 20% of genotypes were selected, and breeding gains were subsequently estimated. Overall, in each combination, the means of agronomic and productivity traits in the F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub>, and RC<sub>2</sub> generations were intermediate in relation to their parents, and the backcross values were close

to those of their respective parent. The narrow-sense heritability values (%) in the BRS GO 7560 x TMG 801 combination were NDF (114.66), APF (84.20), NNPro (90.26), NNTo (78.92), APM (104.52), NV1G (103.46), NV2G (105.97), NV3G (90.52), NTV (102.21) and PG (69.02); In the TMG 7161 RR x UFUS 7415 combination, the values were NNPro (104.8), NNTo (107.2), APM (128.3), AIPV (183.29), NV1G (83.79), NV2G (94.06), NTV (94.06), and PG (104.91). In the TMG 801 x UFUS 7415 combination, the values were NDF (94.84), NDM (168.40), APM (82.97), NV3G (87.92), NTV (71.05), and PG (70.69). The greatest gains by selection for cycle reduction (NDM) were obtained in the TMG 801 x UFUS 7415 combination (-21.09%) and for increased grain production (g) was obtained in TMG 7161 RR x UFUS 7415 (97.88%).

**Keywords:** Backcrosses. Biometrics. Soybean breeding.

## 1 INTRODUÇÃO

Nos últimos 25 anos a área plantada com a soja no Brasil aumentou de 6,95 para 47,35 milhões de hectares, enquanto o incremento na produção de grãos foi de 12,15 para 171,47 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2025). Isso significa que nesse período a produtividade da soja mais que dobrou, fato que pode ser atribuído aos avanços obtidos nas áreas de ciência e tecnologia, na qual destaca-se o melhoramento genético das plantas.

Os programas de melhoramento genético devem atender às necessidades dos produtores que cultivam a soja sob diferentes sistemas de produção, incluindo sucessão e rotação, nas mais diversas regiões brasileiras (BARROS, 2022).

Os sistemas de produção caracterizam-se por uma sequência ordenada de operações agrícolas realizadas cronologicamente, acompanhando as fases de instalação, tratos culturais e colheita (CÂMARA, 2022). Além disso, no desenvolvimento de cultivares, é preciso considerar as variações nas épocas de semeadura e conseqüentemente o ambiente climático no qual as plantas crescem e se desenvolvem, pois suas características morfofisiológicas são influenciadas por esses fatores (SILVA *et al.*, 2022).

Nesse contexto, torna-se importante o desenvolvimento de cultivares de soja que reúnam características desejáveis para serem inseridas nos sistemas de produção, como ciclo precoce, resistência às doenças, adequações à colheita mecanizada e alta produtividade.

O objetivo dos programas de melhoramento é o ganho genético ou ganho por seleção para os caracteres de interesse, sendo necessário que haja variabilidade genética para poder gerar recombinantes e selecionar as melhores combinações genéticas (SCHUSTER; MORA, 2017). Para isso, nas gerações precoces, é importante realizar estimativas de parâmetros genéticos, como os componentes de variância (fenotípica, genética e ambiental) e a herdabilidade (HAMAWAKI *et al.*, 2012).

A estimativa desses parâmetros pode ser realizada por meio da análise de gerações, um estudo em que são avaliadas, ao mesmo tempo, as várias gerações ou populações, incluindo os parentais, as gerações segregantes  $F_2$  e os retrocruzamentos  $RC_1$  e  $RC_2$  (CRUZ, REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

Diante do exposto, o objetivo deste trabalho foi estimar parâmetros genéticos e ganhos por seleção por meio de análise de gerações de três combinações de genitores visando precocidade e alta produção.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em casa de vegetação e em campo, em área experimental vinculada ao Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). A fazenda situa-se no município de Uberlândia, MG, nas coordenadas geográficas 18°52' S e 48°20' W e a 805 m de altitude.

A seleção dos parentais foi baseada em características agrônômicas como ciclo, resistência ao acamamento e produtividade de grãos (Tabela 1). Também há presença de genes de resistência à ferrugem asiática da soja em todos os cultivares selecionados (UFUS 7415 – moderadamente resistente; TMG 7161 RR, TMG 801 e BRSGO 7560 - resistentes) para futura seleção de genótipos superiores com resistência a essa doença. Além da ferrugem, os parentais apresentam resistência às outras doenças. O parental UFUS 7415 apresenta resistência aos patógenos *Septoria glycines*, *Cercospora sojina*, *Peronospora manshurica*, *Xanthomonas axonopodis* e *Diaporthe phaseolorum*; o parental TMG 7161 RR aos patógenos *Diaporthe aspalathi*, *Cercospora sojina*, *Xanthomonas axonopodis* e moderada a *Meloidogyne javanica*; o parental BRSGO 7560 aos patógenos *Xanthomonas axonopodis*, *Cercospora sojina*, *Diaporthe phaseolorum* e moderada ao vírus da necrose da haste (*Cowpea mild mottle virus - CpMMV*).

Tabela 1 – Características gerais dos cultivares selecionados como parentais para compor os blocos de cruzamentos

Cultivares	GMR	Ciclo	TC
UFUS 7415	7.4	Semiprecoce	Semideterminado
TMG 7161 RR	5.9	Precoce	Indeterminado
TMG 801	8.2	Precoce	Determinado
BRSGO 7560	7.5	Precoce	Determinado

GMR: grupo de maturidade relativa; TC: tipo de crescimento.

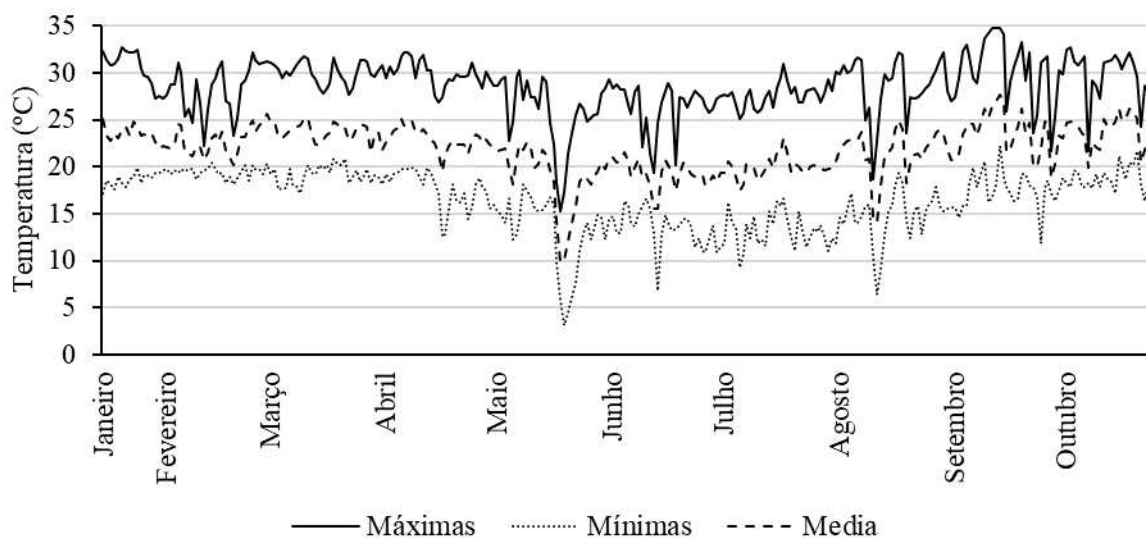
Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU; Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária – EMBRAPA; Tropical Melhoramento Genético – TMG.

Para compor os blocos de cruzamentos, os cultivares foram semeados em casa de vegetação a partir do dia 15 de janeiro de 2022. Utilizou-se vasos plásticos com volume de 4 L, preenchidos com 2/3 de solo e 1/3 de matéria orgânica (1/2 esterco e 1/2 substrato comercial),

colocando 10 sementes por vaso, a 2 cm de profundidade. Posteriormente, 10 dias após a emergência, procedeu-se com o desbaste deixando apenas as duas plantas mais vigorosas em cada vaso. A semeadura foi realizada de forma escalonada, a cada três dias, para sincronizar o florescimento entre os genitores femininos e masculinos; e aumentar o período de floração para a facilitar a realização das hibridações artificiais.

Os vasos foram adubados quinzenalmente com NPK (04-30-16) e MAP (Mono-amônio-fosfato) e irrigados duas vezes ao dia. As plantas daninhas foram retiradas manualmente, enquanto as pragas e doenças foram monitoradas e controladas com produtos fitossanitários, quando necessário. A temperatura local durante os meses de condução do experimento está registrada na Gráfico 1.

Gráfico 1 – Temperaturas máximas, mínimas e médias ao longo dos meses de janeiro a outubro de 2022 na Fazenda Capim Branco, Uberlândia, MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA - UFU).

As hibridações artificiais foram realizadas por meio da emasculação da flor utilizada como genitor feminino, antes da abertura floral. O pólen do genitor masculino foi coletado e aplicado sobre o estigma da flor emasculada, conforme descrito por Borém (2009).

Foram realizados os seguintes cruzamentos biparentais entre os genitores: BRSGO 7560 x TMG 801; TMG 7161 RR x UFUS 7415; e TMG 801 x UFUS 7415, gerando três combinações. Após os cruzamentos, as sementes F<sub>1</sub> obtidas foram semeadas novamente em

vasos, nas mesmas condições dos parentais, para que se autofecundassem, gerando as sementes F<sub>2</sub>. Além disso, cada combinação F<sub>1</sub> foi retrocruzada com seus respectivos parentais (Tabela 2). Após a maturação das plantas, foi realizada a colheita manual das sementes F<sub>2</sub> e dos retrocruzamentos.

Tabela 2 – Genealogia das populações desenvolvidas para três combinações de genitores, com seus respectivos códigos

População	Genealogia
F <sub>1</sub> -A	BRSGO 7560 x TMG 801
F <sub>1</sub> -B	TMG 7161 RR x UFUS 7415
F <sub>1</sub> -C	TMG 801 x UFUS 7415
F <sub>2</sub> -A	AUTOFECUNDAÇÃO F <sub>1</sub> -A
F <sub>2</sub> -B	AUTOFECUNDAÇÃO F <sub>1</sub> -B
F <sub>2</sub> -C	AUTOFECUNDAÇÃO F <sub>1</sub> -C
RC <sub>1</sub> -A	F <sub>1</sub> -A x BRSGO 7560
RC <sub>2</sub> -A	F <sub>1</sub> -A x TMG 801
RC <sub>1</sub> -B	F <sub>1</sub> -B x TMG 7161 RR
RC <sub>2</sub> -B	F <sub>1</sub> -B x UFUS 7415
RC <sub>1</sub> -C	F <sub>1</sub> -C x TMG 801
RC <sub>2</sub> -C	F <sub>1</sub> -C x UFUS 7415

Fonte: o autor.

Para a semeadura em campo, o solo da área experimental foi preparado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens, para o destorroamento e nivelamento do terreno. Utilizou-se uma semeadora regulada para espaçamento de 0,5 m entre linhas, a fim de realizar a abertura dos sulcos. Posteriormente, foram aplicados cerca de 400 kg ha<sup>-1</sup> de NPK (04-30-16) e incorporados ao solo com o auxílio de uma enxada.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com o inseticida fipronil (250 g L<sup>-1</sup>), com a mistura dos fungicidas piraclostrobina (25 g L<sup>-1</sup>) e tiofanato-metílico (225 g L<sup>-1</sup>), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079 e SEMIA 5080.

A semeadura foi realizada, de forma manual, em 15 de dezembro de 2022, utilizando-se o delineamento em blocos casualizados (DBC), com cinco repetições. Cada bloco foi constituído por linhas de 1 m de comprimento, contendo 10 sementes cada, sendo: uma linha

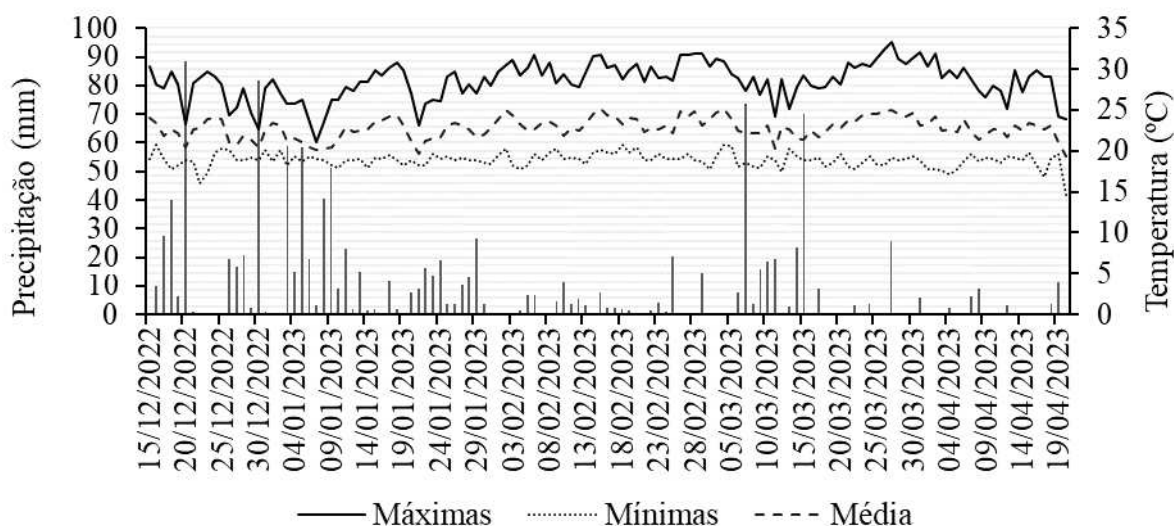
do parental 1 (P1) e uma do parental 2 (P2); quatro linhas da população F<sub>2</sub>; duas linhas do retrocruzamento 1 (RC<sub>1</sub>) e duas do retrocruzamento 2 (RC<sub>2</sub>). Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente S-Metolacoloro (1,4 L ha<sup>-1</sup>).

No estágio V3-V4 (FEHR; CAVINESS, 1977) foi realizada a aplicação foliar de fertilizante à base de cobalto e molibdênio, bem como adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl), aplicada a lanço na dose de 150 kg ha<sup>-1</sup>.

Durante o período experimental, foram monitoradas a ocorrência de plantas daninhas, doenças e pragas. O controle de plantas daninhas foi realizado de forma manual, utilizando enxada. As doenças e pragas foram controladas, respectivamente, com fungicidas (trifloxistrobina + protioconazol) e inseticidas (acefato e lufenurom) aplicados com o auxílio de bomba costal de 20 L de calda.

No Gráfico 2 estão representados os dados meteorológicos de precipitação e de temperatura durante a condução do experimento.

Gráfico 2 – Temperaturas máximas, mínimas, médias e precipitação nos meses de dezembro de 2022 a abril de 2023 em Uberlândia, MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA - UFU).

A partir do estágio R1, foi realizada a contagem das plantas sobreviventes para a obtenção dos dados fenotípicos. Foram avaliados: 32 indivíduos de BRSGO 7560, 22 indivíduos de TMG 801, 174 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-A, 74 indivíduos para o RC<sub>1</sub>-A, 79 indivíduos para o RC<sub>2</sub>-A; 13 indivíduos de TMG 7161 RR, 20 indivíduos de UFUS 7415, 111

indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-B, 74 indivíduos para o RC<sub>1</sub>-B, 58 indivíduos para o RC<sub>2</sub>-B; 14 indivíduos de TMG 801, 32 indivíduos de UFUS 7415, 104 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-C, 81 indivíduos para o RC<sub>1</sub>-C, 77 indivíduos para o RC<sub>2</sub>-C.

De acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura (FEHR; CAVINESS, 1977), foram avaliados em cada planta:

1) Caracteres agronômicos:

a) 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);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estágio R8;

c) Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);

d) Número de Nós no Florescimento (NNF): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);

e) Número de Nós Produtivos (NNPro): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens (R8);

f) Número de Nós Totais (NNTot): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);

g) Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8), medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

h) Altura de inserção da primeira vagem: altura (cm) na haste principal a partir do colo da planta até a inserção da primeira vagem.

2) Caracteres de produção:

a) Número de vagens com um grão (NV1G): obtido pela contagem do número de vagens contendo um grão, após o beneficiamento manual de cada planta;

b) Número de vagens com dois grãos (NV2G): obtido pela contagem do número de vagens com dois grãos, após o beneficiamento manual de cada planta;

c) Número de vagens com três grãos (NV3G): obtido pela contagem do número de vagens com três grãos, após o beneficiamento manual de cada planta;

d) Número de vagens totais (NVT): número de vagens produzidas pela planta obtido pelo somatório do número de vagens de 1, 2 e 3 grãos;

e) Número de sementes por vagem (NSV): obtido pela divisão do número total de sementes pelo NTV;

f) Produção de grãos por planta (PG): após a colheita, as plantas foram trilhadas e beneficiadas manualmente, e seus grãos tiveram sua massa determinada em balança analítica, com duas casas decimais.

Após a obtenção dos valores fenotípicos dos indivíduos das gerações de parentais P1, P2, F<sub>2</sub> e de retrocruzamentos, foram estimados os parâmetros genéticos descritos a seguir (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

- Variância genotípica

$$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2 = \hat{\sigma}_{f(F_2)}^2 - \hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$$

Em que:

$\hat{\sigma}_{g(F_2)}^2$ : variância genética da população F<sub>2</sub>;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população F<sub>2</sub>;

$\hat{\sigma}_{e(F_2)}^2$ : variância ambiental da população F<sub>2</sub>.

- Variância ambiental

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{1}{2} [\hat{\sigma}_{(P_1)}^2 + \hat{\sigma}_{(P_2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_e^2$ : variância ambiental;

$\hat{\sigma}_{(P_1)}^2$ : variância fenotípica do parental 1;

$\hat{\sigma}_{(P_2)}^2$ : variância fenotípica do parental 2.

- Herdabilidade no sentido amplo

$$h_a^2 = \frac{\hat{\sigma}_{g(F2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F2)}^2} \times 100$$

Em que:

$h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo;

$\hat{\sigma}_{g(F2)}^2$ : variância genética da população F<sub>2</sub>;

$\hat{\sigma}_{f(F2)}^2$ : variância fenotípica da população F<sub>2</sub>.

A partir das variâncias das populações RC<sub>1</sub>, RC<sub>2</sub>, estimou-se o componente de variância aditiva e, conseqüentemente, obteve-se também a herdabilidade no sentido restrito.

O ganho de seleção foi estimado aplicando a proporção de seleção de 20% dos genótipos avaliados e considerando o sentido da seleção inferior para os valores de NDF e NDM e superior para os demais caracteres avaliados.

Por meio da análise de gerações, foram obtidas as seguintes estimativas relativas às populações segregantes RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>:

- Variância aditiva

$$\hat{\sigma}_a^2 = \frac{1}{2} a^2 = 2\hat{\sigma}_{f(F2)}^2 - [\hat{\sigma}_{f(RC1)}^2 + \hat{\sigma}_{f(RC2)}^2]$$

Em que:

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva;

$\hat{\sigma}_{f(F2)}^2$ : variância fenotípica da população F<sub>2</sub>;

$\hat{\sigma}_{f(RC1)}^2$ : variância fenotípica da população RC<sub>1</sub>;

$\hat{\sigma}_{f(RC2)}^2$ : variância fenotípica da população RC<sub>2</sub>.

- Herdabilidade no sentido restrito

$$h_r^2 = \frac{\hat{\sigma}_{a(F2)}^2}{\hat{\sigma}_{f(F2)}^2} \times 100$$

Em que:

$h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;

$\hat{\sigma}_{a(F_2)}^2$ : variância aditiva na população  $F_2$ ;

$\hat{\sigma}_{f(F_2)}^2$ : variância fenotípica da população  $F_2$ .

- Predição de ganhos por seleção

$$GS = DS \times h_r^2$$

$$DS = \overline{X_s} - \overline{X_o} \text{ e } GS\% = \frac{GS}{\overline{X_o}} \times 100$$

Em que:

GS: ganho de seleção;

$h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;

DS: diferencial de seleção;

$\overline{X_s}$ : média dos selecionados;

$\overline{X_o}$ : média da população  $F_2$ .

- Número de genes envolvidos na determinação do caráter

$$\eta = \frac{R^2}{8\hat{\sigma}_a^2}$$

Em que:

$\eta$ : número de genes;

R: amplitude total;

$\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva.

As análises estatístico-genéticas foram realizadas utilizando-se o Programa Computacional em Genética e Estatística – Programa GENES (CRUZ, 2016).

### 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os valores das médias e variâncias fenotípicas dos caracteres agrônômicos das três combinações das gerações F<sub>2</sub>, seus parentais e respectivos retrocruzamentos são apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 – Médias e variâncias fenotípicas dos caracteres agrônômicos em populações F<sub>2</sub>, parentais e retrocruzamentos em soja

COMBINAÇÃO A (BRSGO 7560 x TMG 801)						
Caracteres		BRSGO 7560	TMG 801	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
NDF	$\bar{x}$	46,28	59,86	50,01	44,35	50,81
	$\hat{\sigma}^2$	8,20	4,59	43,05	7,68	29,05
NDM	$\bar{x}$	106,75	119,83	108,47	104,16	110,92
	$\hat{\sigma}^2$	22,45	91,55	60,26	23,67	61,09
APF	$\bar{x}$	38,50	35,50	37,84	33,44	35,73
	$\hat{\sigma}^2$	49,54	54,64	136,24	56,60	97,06
NNF	$\bar{x}$	9,37	9,54	9,79	9,31	9,67
	$\hat{\sigma}^2$	1,20	1,97	3,65	3,01	2,99
NNPR <sub>o</sub>	$\bar{x}$	9,93	12,63	10,58	9,32	10,89
	$\hat{\sigma}^2$	6,12	5,38	8,03	4,49	4,32
NNT <sub>o</sub>	$\bar{x}$	11,87	14,18	12,13	10,87	12,43
	$\hat{\sigma}^2$	3,85	4,91	6,68	4,35	3,73
APM	$\bar{x}$	52,03	46,68	48,48	41,62	45,29
	$\hat{\sigma}^2$	236,86	43,10	238,32	86,31	141,22
AIPV	$\bar{x}$	11,03	9,54	10,75	8,95	9,82
	$\hat{\sigma}^2$	24,35	6,92	15,84	11,19	14,04
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)						
Caracteres		TMG 7161	UFUS 7415	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
NDF	$\bar{x}$	37,84	48,94	41,76	35,94	41,58
	$\hat{\sigma}^2$	23,80	15,71	19,70	8,40	20,31
NDM	$\bar{x}$	101,92	109,47	106,92	96,78	106,53
	$\hat{\sigma}^2$	1,07	28,70	28,99	40,41	40,32

APF	$\bar{x}$	17,38	37,10	25,18	24,41	29,84
	$\hat{\sigma}^2$	10,25	54,43	32,19	31,97	66,44
NNF	$\bar{x}$	7,69	9,10	8,39	9,08	9,03
	$\hat{\sigma}^2$	2,23	2,87	2,55	2,97	2,45
NNPRo	$\bar{x}$	12,07	11,0	13,67	11,52	10,25
	$\hat{\sigma}^2$	5,74	2,77	10,98	6,47	3,98
NNTo	$\bar{x}$	13,23	12,05	15,06	13,17	11,72
	$\hat{\sigma}^2$	6,02	2,16	10,96	6,00	4,16
APM	$\bar{x}$	35,57	43,02	50,69	40,35	37,80
	$\hat{\sigma}^2$	41,99	75,17	252,08	85,20	95,51
AIPV	$\bar{x}$	6,46	7,31	9,16	8,25	8,44
	$\hat{\sigma}^2$	2,43	5,33	117,66	7,26	12,39

COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)

Caracteres		TMG 801	UFUS 7415	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
NDF	$\bar{x}$	57,42	47,96	49,58	56,79	45,88
	$\hat{\sigma}^2$	13,18	30,41	36,37	47,19	19,44
NDM	$\bar{x}$	122,14	106,93	116,60	121,34	103,64
	$\hat{\sigma}^2$	2,90	14,18	186,88	45,20	13,83
APF	$\bar{x}$	35,42	36,06	33,03	42,61	29,49
	$\hat{\sigma}^2$	18,57	51,67	92,63	143,31	45,91
NNF	$\bar{x}$	9,28	8,75	8,78	9,79	8,27
	$\hat{\sigma}^2$	1,60	3,03	3,64	3,89	2,93
NNPRo	$\bar{x}$	12,85	10,78	11,59	12,32	11,00
	$\hat{\sigma}^2$	4,90	2,95	6,88	7,39	3,07
NNTo	$\bar{x}$	14,00	11,84	12,67	14,09	11,58
	$\hat{\sigma}^2$	3,23	4,84	6,78	6,46	2,61
APM	$\bar{x}$	42,57	44,68	44,42	52,49	38,07
	$\hat{\sigma}^2$	30,57	90,41	187,46	166,05	53,70
AIPV	$\bar{x}$	8,78	10,59	10,59	13,40	8,18
	$\hat{\sigma}^2$	4,02	20,44	15,00	26,39	11,36

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNPRo: número de nós

produtivos; NNT<sub>o</sub>: número de nós totais; APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); F<sub>2</sub>: Autofecundação da F<sub>1</sub>; RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>: retrocruzamentos.

Fonte: o autor.

Analisando-se as médias fenotípicas dos parentais verifica-se que foram próximas àquelas observadas por Silva (2020) nos cultivares UFUS 7415 (NDF 44,33 dias, NDM 102,28 dias, APF 38,49 cm, NNF 11,56, APM 51,33 cm, NNT<sub>o</sub> 13,51, NNPro 6,95 e AIPV 13,94 cm) e TMG 7161 RR (NDF 35,17 dias, NDM 91,78 dias, APF 19,2 cm, NNF 7,94, APM 39,53 cm, NNT<sub>o</sub> 13,61, NNPro 9,37 e AIPV 9,16 cm) semeados em dezembro; e por Bernardes (2019) nos cultivares TMG 801 (NDM 96,18 dias, APM 45 cm, NNT<sub>o</sub> 13,93) e BRSGO 7560 (NDM 84,67 dias, APM 43,41 cm, NNT<sub>o</sub> 10,39) semeados em fevereiro.

O NDM dos parentais TMG 7161 RR, BRSGO 7560, UFUS 7415 e TMG 801 (Tabela 3) corresponderam ao grupo de maturidade relativa (GMR) a que cada um se classifica (Tabela 1), pois quando cultivares são semeados em uma mesma época e na mesma região, quanto menor o seu GMR, menor é a duração do ciclo (ZANON *et al.*, 2015).

Em cada combinação, as médias dos caracteres relacionados ao ciclo da planta, NDF e NDM nas gerações F<sub>2</sub> foram intermediárias e os RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> foram próximos aos de seus parentais (Tabela 3). Resultado semelhante foi observado por Yamgar *et al.* (2021), que relataram valores intermediários para essas características na geração F<sub>2</sub> em quatro combinações de cruzamentos em soja. De forma semelhante, Abou Sen (2022), ao estudar as gerações F<sub>2</sub> e os retrocruzamentos em quatro cruzamentos biparentais de soja, verificou que os valores dos retrocruzamentos para NDF e NDM foram próximos aos de seu respectivo genitor, corroborando os resultados do presente estudo.

O ciclo total na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) variou de 104,16 dias (RC<sub>1</sub>) a 110,92 dias (RC<sub>2</sub>), na B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) variou de 96,78 dias (RC<sub>1</sub>) a 106,92 dias (F<sub>2</sub>) e na C (TMG 801 x UFUS 7415) variou de 103,64 dias (RC<sub>2</sub>) a 121,34 dias (RC<sub>1</sub>). No geral, com exceção do RC<sub>1</sub>-C, as populações apresentaram ciclo adequado para a região central do Brasil, onde se cultiva a soja com o milho em sucessão e há preferência por cultivares que apresentem ciclo menor que 120 dias (BEZERRA *et al.*, 2017).

No florescimento, as médias de alturas de plantas nas gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> foram intermediárias em relação às dos seus genitores nas combinações A e B. Na combinação C, houve diferença mínima da altura entre os parentais, cuja média foi de aproximadamente 35

cm; entretanto, o RC<sub>1</sub> produziu plantas mais altas, com 42,61 cm, enquanto as médias de F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub> foram menores que as dos parentais. Em todas as combinações, o NNF observado nos genitores foi aproximadamente 9, exceto para o TMG 7161, que produziu aproximadamente 7 nós. As gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> apresentaram NNF próximos ou intermediários aos de seus parentais.

Na maturidade, o NNPro e o NNTo variaram, respectivamente, entre 9,93 e 13,67 e 10,87 e 15,06. Esses valores estão abaixo do recomendado por Sedyama; Silva; Borém (2015), visto que, para garantir maior formação de vagens e grãos, as cultivares devem possuir entre 17 e 18 nós na haste principal.

Nas combinações A e C, as gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> apresentaram valores de NNPro e NNTo próximos ou intermediários aos parentais. Já na combinação B, a geração F<sub>2</sub> produziu mais nós produtivos e totais que seus parentais. Ressalta-se que o cultivar TMG 7161 RR, presente na combinação B, possui crescimento do tipo indeterminado e apresenta maior emissão de nós após o início do florescimento em comparação com as cultivares determinadas (ZANON *et al.*, 2016).

A altura de plantas na maturidade das gerações F<sub>2</sub>-B e RC<sub>1</sub>-C foram maiores que a de seus genitores. Yamgar *et al.* (2021) observaram maior altura de plantas na geração F<sub>2</sub>, em relação aos genitores, para quatro combinações de cruzamentos de soja, corroborando com os dados obtidos no presente estudo. A altura de inserção da primeira vagem nas gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> da combinação A apresentaram valores intermediários em relação aos parentais, enquanto, na combinação B, F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> superaram os parentais, sendo, respectivamente 9,16; 8,25 e 8,44 cm; o valor do RC<sub>1</sub>-C superou os seus parentais, com 13,4 cm. Ressalta-se que o parental TMG 7161 RR da população B possui tipo de crescimento indeterminado e que, assim como observado para o F<sub>2</sub>-B, dobraram a sua altura entre o florescimento e a maturidade. Conforme Nogueira *et al.* (2009), os cultivares de crescimento indeterminado continuam crescendo em altura por algumas semanas após o início do florescimento, podendo até dobrar sua altura nesse período.

Para atingir a máxima produtividade a soja deve apresentar no mínimo 70 e no máximo 120 cm de altura (VERNETTI; VERNETTI JUNIOR, 2017) e para evitar perdas na colheita mecanizada a altura de inserção da primeira vagem deve ser maior que 12 cm (CAMARA, 2022). De modo geral, a APM e a AIPV nas gerações de parentais, F<sub>2</sub> e retrocruzamentos, foram

baixas. Isso pode ser explicado pela semeadura realizada em dezembro, ao final da janela de semeadura para a soja. Ao final de dezembro, a partir do solstício de verão, o fotoperíodo começa a declinar e, por consequência, a duração da noite aumenta dia após dia, favorecendo assim o alcance mais rápido do fotoperíodo crítico, indução do florescimento e, conseqüentemente, transição entre período vegetativo e reprodutivo, tendo, portanto, a planta menor tempo para crescer e desenvolver, o que leva à menor altura de plantas (SILVA; SEDIYAMA; BORÈM, 2022).

Mattos *et al.* (2020), em Uberlândia-MG, estudaram o efeito da época de semeadura sobre os caracteres agronômicos de cultivares de soja e observaram redução na altura de plantas e na altura de inserção da primeira vagem nas semeaduras mais tardias, ao final de dezembro e início de janeiro.

Os valores das médias e variâncias dos caracteres de produção das três combinações de populações F<sub>2</sub>, seus genitores e respectivos retrocruzamentos são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 – Médias e variâncias fenotípicas dos caracteres de produção em populações F<sub>2</sub>, seus parentais e retrocruzamentos em soja

COMBINAÇÃO A (BRSGO 7560 x TMG 801)						
Caracteres		BRSGO 7560	TMG 801	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
NV1G	$\bar{x}$	13,12	17,90	15,55	11,33	12,25
	$\hat{\sigma}^2$	25,27	68,27	107,28	62,69	40,88
NV2G	$\bar{x}$	25,75	53,72	35,48	26,32	33,97
	$\hat{\sigma}^2$	278,77	783,63	608,88	159,40	413,12
NV3G	$\bar{x}$	17,90	42,31	23,99	20,64	28,05
	$\hat{\sigma}^2$	190,28	1061,75	619,54	199,21	478,99
NTV	$\bar{x}$	56,87	113,95	75,19	58,41	74,27
	$\hat{\sigma}^2$	1063,20	3641,47	2856,31	768,73	2024,22
NSV	$\bar{x}$	2,02	2,17	2,05	2,13	2,17
	$\hat{\sigma}^2$	0,04	0,03	0,04	0,04	0,02
PG	$\bar{x}$	24,12	39,68	26,83	23,91	26,82
	$\hat{\sigma}^2$	139,14	461,75	329,19	137,33	293,81
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)						
Caracteres		TMG 7161	UFUS 7415	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>

NV1G	$\bar{x}$	6,38	17,68	22,46	8,45	21,00
	$\hat{\sigma}^2$	10,08	85,89	258,26	37,26	262,98
NV2G	$\bar{x}$	20,61	51,57	38,41	23,20	37,68
	$\hat{\sigma}^2$	76,58	775,70	721,33	139,80	589,97
NV3G	$\bar{x}$	13,23	16,15	11,96	14,28	9,94
	$\hat{\sigma}^2$	50,35	91,47	134,63	113,76	80,04
NTV	$\bar{x}$	40,38	85,47	72,98	46,12	68,70
	$\hat{\sigma}^2$	295,75	1757,92	1967,87	496,95	1587,71
NSV	$\bar{x}$	2,14	1,96	1,84	2,10	1,84
	$\hat{\sigma}^2$	0,01	0,03	0,05	0,06	0,05
PG	$\bar{x}$	15,00	26,42	25,51	17,68	22,02
	$\hat{\sigma}^2$	39,00	191,25	229,90	68,57	150,03

COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)

Caracteres		TMG 801	UFUS 7415	F <sub>2</sub>	RC <sub>1</sub>	RC <sub>2</sub>
NV1G	$\bar{x}$	16,92	19,81	16,96	17,80	17,05
	$\hat{\sigma}^2$	44,53	131,51	136,85	187,48	101,31
NV2G	$\bar{x}$	51,92	44,18	41,66	39,91	46,10
	$\hat{\sigma}^2$	691,91	406,02	818,59	842,47	404,83
NV3G	$\bar{x}$	38,85	12,84	18,92	20,11	11,68
	$\hat{\sigma}^2$	524,59	93,61	328,82	314,15	54,37
NTV	$\bar{x}$	107,71	76,96	77,61	77,82	74,87
	$\hat{\sigma}^2$	2284,21	1234,35	2809,20	2511,49	1110,82
NSV	$\bar{x}$	2,16	1,90	1,97	2,00	1,91
	$\hat{\sigma}^2$	0,03	0,02	0,04	0,05	0,01
PG	$\bar{x}$	39,14	24,12	25,81	26,55	24,71
	$\hat{\sigma}^2$	328,13	140,75	316,81	259,90	149,75

NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g); F<sub>2</sub>: Autofecundação da F<sub>1</sub>; RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub>: retrocruzamentos.

Fonte: o autor.

Para o NV1G, observaram-se valores intermediários em F<sub>2</sub> na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) e em todas as gerações da combinação C (TMG 801 x UFUS 7415), enquanto

em B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) as gerações F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub> superaram os parentais (Tabela 4). Em relação ao NV2G, as populações A e B apresentaram valores intermediários, ao passo que, na combinação C, F<sub>2</sub> e RC<sub>1</sub> foram inferiores aos genitores. Quanto ao NV3G, predominaram valores intermediários nas combinações A e C, enquanto na B apenas RC<sub>1</sub> foi intermediário, sendo F<sub>2</sub> e RC<sub>2</sub> inferiores.

Nas combinações A, B e C, as gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> apresentaram, em geral, valores do NSV intermediários em relação aos parentais. Especificamente na combinação C, o RC<sub>2</sub> apresentou valores inferiores aos dos parentais. Nas três populações, o valor do NSV foi aproximadamente 2 em todas as gerações.

O NTV na combinação A variou de 58,41 (RC<sub>1</sub>) a 75,19 (F<sub>2</sub>), na B de 46,12 (RC<sub>1</sub>) a 72,98 (F<sub>2</sub>) e na C de 74,87 (RC<sub>2</sub>) a 77,82 (RC<sub>1</sub>) (Tabela 4). Os valores observados podem ser considerados satisfatórios, pois, segundo Sedyama (2016), as variedades nacionais produzem, em média, entre 30 e 80 vagens por planta.

O NDM dos genitores TMG 7161 RR, BRSGO 7560, UFUS 7415 e TMG 801 foram aproximadamente 102, 107, 108 e 121, respectivamente, e a produção de grãos aproximadamente 15, 24, 25 e 39 g, respectivamente. Silva (2020) observou a produção de grãos por plantas (g) de 10,17 e 20,54 para TMG 7161 e UFUS 7415, respectivamente, e Bernardes 16,4 e 35,53 para BRSGO 7560 e TMG 801, respectivamente. No presente estudo, notou-se uma correspondência entre ciclo e produção.

De modo geral, nas três combinações estudadas, a produção de grãos das gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> apresentaram valores intermediários aos de seus parentais (Tabela 4). Na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) a PG (g) variou de 23,91(RC<sub>1</sub>) a 26,83 (F<sub>2</sub>), na B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) variou de 17,58 (RC<sub>1</sub>) a 25,1 (F<sub>2</sub>) e na C (TMG 801 x UFUS 7415) variou de 24,71 (RC<sub>2</sub>) a 26,55 (RC<sub>1</sub>).

As populações obtidas apresentaram características satisfatórias quanto ao ciclo e componentes de produção, apesar da baixa estatura das plantas e menor número de nós. Deve-se considerar também que os genitores apresentam resistência para doenças importantes, como a ferrugem asiática da soja.

Na Tabela 5 são mostradas as estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e número de genes para os caracteres agrônômicos das combinações A, B e C.

Tabela 5 – Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e número de genes de caracteres agrônômicos da geração F<sub>2</sub> em três combinações de cruzamentos entre cultivares de soja

COMBINAÇÃO A (BRSGO 7560 x TMG 801)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NDF	43,05	36,64	49,36	6,40	85,12	114,66	1,84
NDM	60,26	3,26	35,75	57,00	5,41	59,33	4,28
APF	136,24	84,15	118,81	52,09	61,73	87,20	3,91
NNF	3,65	2,06	1,30	1,59	56,46	35,77	16,14
NNPRo	8,03	2,28	7,25	5,75	28,39	90,26	3,87
NNTo	6,68	2,29	5,27	4,38	34,35	78,92	3,41
APM	238,32	98,33	249,11	139,98	40,26	104,52	2,89
AIPV	15,84	0,20	6,44	15,64	1,26	40,68	6,28
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NDF	19,70	-	10,69	19,76	-	54,24	5,65
NDM	28,99	14,10	-	14,89	48,63	-	-
APF	32,19	-	-	32,34	-	-	-
NNF	2,55	-	-	2,55	-	-	-
NNPRo	10,98	6,72	11,51	4,26	61,21	104,80	3,51
NNTo	10,96	6,87	11,75	4,09	62,66	107,20	3,07
APM	252,08	193,49	323,44	58,58	76,75	128,30	1,78
AIPV	117,66	113,77	215,67	3,88	96,69	183,29	7,53
COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NDF	63,37	41,56	60,10	21,80	65,59	94,84	2,26
NDM	186,88	178,33	314,72	8,54	95,42	168,40	0,60
APF	92,63	57,51	-	35,12	62,08	-	-
NNF	3,64	1,32	0,45	2,31	36,38	12,55	22,12
NNPRo	6,88	2,95	3,29	3,92	42,97	47,83	9,71
NNTo	6,78	2,74	4,49	4,03	40,84	66,18	5,45
APM	187,46	125,97	155,18	61,49	67,19	82,77	2,89

AIPV	15,00	2,76	-	12,23	18,43	-	-
------	-------	------	---	-------	-------	---	---

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNPRo: número de nós produtivos; NNTo: número de nós totais; APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm);  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica;  $\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância ambiental;  $h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo (%);  $h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;  $\eta$ : número mínimo de genes; -: estimativas negativas.

Fonte: o autor.

Nas combinações A (BRSGO 7560 x TMG 801), B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) e C (TMG 801 x UFUS 7415) a variância fenotípica dos caracteres agrônômicos foi menor para o NNF e maior para a APM (Tabela 5). Nas combinações A e B, as maiores variâncias genotípica e aditiva foram observados para APM, enquanto na C ocorreu para NDM, seguido por APM.

No geral, a estimativa da variância aditiva foi maior que a variância genotípica, em função da variância fenotípica na população  $F_2$  ser muito maior que a variância fenotípica observada nos retrocruzamentos. Ao contrário, a estimativa de variância aditiva dos caracteres NDM, APF e NNF da combinação B, e dos caracteres APF e AIPV da combinação C, foram negativas. Isso ocorreu em função da variância fenotípica nos retrocruzamentos ser maior que a variância fenotípica da população  $F_2$ .

A partir das estimativas dos componentes de variância foi possível calcular a herdabilidade dos caracteres e conhecer o quanto da variação fenotípica é atribuída a variação genotípica. De acordo com Mohammed *et al.* (2022), para se ter sucesso na seleção, a herdabilidade deve ser razoavelmente alta.

Segundo Stansfield (1974), valores de herdabilidade superiores a 0,5 são considerados altos, entre 0,2 e 0,5 médios e abaixo de 0,2 baixos. Para os caracteres agrônômicos, a herdabilidade no sentido amplo foi considerada alta para NDF, APF e NNF na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801); alta para NNPro, NNTo, APM e AIPV na combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415); e alta para NDF, NDM, APF e APM na combinação C (TMG 801 x UFUS 7415) (Tabela 5). Portanto, para os caracteres nas combinações mencionadas há possibilidade de sucesso na seleção.

Em estudo envolvendo a geração  $F_2$  de um cruzamento biparental entre os mesmos genitores da combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415), Silva *et al.* (2021) observaram valores de herdabilidade altos para NNTo, APF e APM, respectivamente, 56,47%, 86,06% e

75,03%; e médios para NDF, NDM, respectivamente, 23,6% e 27,06%; portanto, exceto para APF, foram semelhantes aos encontrados no presente estudo. As estimativas de herdabilidade para NDF e NDM, respectivamente, de 96,04% e 85,39%, obtidas por Teixeira *et al.* (2017) na geração F<sub>2</sub> de soja foram semelhantes às observadas para as populações A e C, exceto para o NDM na combinação A (5,41%) (Tabela 5). Abou Sen (2020), em pesquisa realizada com quatro populações resultantes de cruzamentos biparentais, observou valores de herdabilidade na geração F<sub>2</sub> variando de 57,67% a 92,08% para NDF e de 64,71% a 92,81% para NDM.

Na combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415), as estimativas de herdabilidade dos caracteres NDF, APF e NNF foram negativas, o que impossibilita a seleção. Pereira; Vello; Rocha (2019) estimaram a herdabilidade do caráter produção de grãos em 50 cruzamentos de soja, na geração F<sub>2</sub>, e obtiveram 5 estimativas negativas, pois observaram que nesses cruzamentos o valor da variância ambiental foi maior que o da variância fenotípica.

Os valores de herdabilidade no sentido restrito foram: altos para NDF, APF, NNPro, NNTo e APM na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801); altos para NNPro, NNTo, APM e AIPV na combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415); e alto para NDF, NDM, APF e APM na combinação C (TMG 801 x UFUS 7415). Isso significa que para os caracteres nas populações mencionadas a maior parte da variância genética é devida aos efeitos aditivos (heráveis) dos genes.

Borges (2019) estimou os parâmetros genéticos de um cruzamento entre os parentais TMG 801 e BMX Desafio e obteve valores de herdabilidade no sentido restrito altos, sendo que para a APF foi 114,26%. Bernardes (2019) realizou um estudo em dois cruzamentos biparentais e estimou valores de herdabilidade no sentido restrito altos, por exemplo, no cruzamento UFUS 6901 x BRSGO 7560 o valor para o NDM foi 131,27%.

Para os caracteres agrônômicos, o número de genes variou de 1,84 (NDF) a 16,14 (NNF) na combinação A, de 1,78 (APM) a 7,53 (APM) na combinação B e de 0,60 (NDM) a 22,12 (NNF) na combinação C. Para alguns caracteres nas populações A e B, foram obtidas estimativas negativas para o número de genes e podem ser considerados como resultados inconclusivos (OLIVEIRA *et al.*, 2021).

O tipo de herança que controla um caráter é estimado pelo número de genes, que pode ser de natureza monogênica, oligogênica ou poligênica. Os valores estimados do número de genes demonstram que cada cruzamento tem sua particularidade, variando de acordo com os

genótipos utilizados (LOBO *et al.*, 2005). A estimativa do número de genes torna-se complexa quando o caráter sofre forte influência ambiental, sendo ainda mais dificultada na presença de múltiplos genes de pequeno efeito (BALDISSERA *et al.*, 2014).

Na Tabela 6 são apresentadas as estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e número de genes para os caracteres de produção das populações A, B e C.

Tabela 6 – Estimativas dos componentes de variância, herdabilidade e número de genes de caracteres de produção da geração F<sub>2</sub> em três combinações de cruzamentos entre cultivares de soja

COMBINAÇÃO A (BRSGO 7560 x TMG 801)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NV1G	107,28	60,51	111,00	46,77	56,40	103,46	3,53
NV2G	608,88	77,68	645,24	531,20	12,75	105,97	3,42
NV3G	619,54	-	560,87	626,01	-	90,52	5,63
NTV	2856,31	503,97	2919,67	2352,34	17,64	102,21	3,16
NSV	0,04	0,006	0,01	0,03	14,00	41,47	7,83
PG	329,19	28,74	227,23	300,44	8,73	69,02	4,35
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NV1G	258,26	210,27	216,29	47,99	81,41	83,74	2,51
NV2G	721,33	295,19	712,89	426,14	40,92	98,82	2,60
NV3G	134,63	63,71	75,45	70,91	47,32	56,04	4,83
NTV	1967,87	941,02	1851,06	1026,84	47,81	94,06	3,06
NSV	0,05	0,02	-	0,02	54,39	-	-
PG	229,90	114,77	241,20	115,12	49,92	104,91	3,23
COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)							
Parâmetros Genéticos	$\hat{\sigma}_f^2$	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_a^2$	$\hat{\sigma}_e^2$	$h_a^2$	$h_r^2$	$\eta$
NV1G	136,85	48,83	-	88,02	35,68	-	-
NV2G	818,59	269,62	389,87	548,97	32,93	47,62	5,58
NV3G	328,82	19,72	289,13	309,10	5,99	87,92	2,63
NTV	2809,20	1049,92	1996,09	1759,28	37,37	71,05	3,43

NSV	0,04	0,01	0,009	0,03	30,87	21,59	25,66
PG	316,81	82,36	223,96	234,44	25,99	70,69	3,13

NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g);  $\hat{\sigma}_f^2$ : variância fenotípica;  $\hat{\sigma}_g^2$ : variância genotípica;  $\hat{\sigma}_a^2$ : variância aditiva;  $\hat{\sigma}_e^2$ : variância ambiental;  $h_a^2$ : herdabilidade no sentido amplo (%);  $h_r^2$ : herdabilidade no sentido restrito;  $\eta$ : número mínimo de genes; -: estimativas negativas.

Fonte: o autor.

Nas três populações, o menor valor de variância fenotípica foi observado para o caráter NSV, em média, 0,045, enquanto o maior valor foi observado para o caráter NTV, de 1967,87; 2809,2 e 2856,31, respectivamente, nas combinações B (TMG 7161 RR x UFUS 7415), A (BRSGO 7560 x TMG 801) e C (TMG 801 x UFUS 7415) (Tabela 6).

A herdabilidade no sentido amplo foi: alta para NV1G e baixa para os demais caracteres na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801); alta para NV1G e NSV e média para os demais caracteres da combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415); e na combinação C (TMG 801 x UFUS 7415) foi média para todos os caracteres e baixa para NV3G (Tabela 6). Esses resultados indicam que para os caracteres nas populações mencionadas há baixas chances de sucesso na seleção baseada no fenótipo nas gerações iniciais.

Silva *et al.* (2021), estudando um cruzamento entre UFUS 7415 e TMG 7161 RR, obtiveram valores de herdabilidade médio para PG (21,22%) e baixo para NTV (8,45%) e NSV (4,66%). Pereira; Vello; Rocha (2019) estimaram a herdabilidade do caráter produção de grãos em 50 cruzamentos de soja, na geração F<sub>2</sub>, e observaram valores variando de 11 a 77%.

Os valores de herdabilidade no sentido restrito foram altos para, praticamente, todos os caracteres de produção nas três populações, exceto para o NSV que apresentou médios valores nas populações A e C (Tabela 6). Nas populações B e C, respectivamente, os caracteres NSV e NV1G apresentaram valor negativo. Borges (2019) determinou valores de herdabilidade no sentido restrito para NV3G, NTV e PG de aproximadamente 119%, 117% e 123%.

Para os caracteres de produção, na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) o número de genes variou de 3,16 (NTV) a 7,83 (NSV), na B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) de 2,51 (NV1G) a 4,83 (NV3G) e na C (TMG 801 x UFUS 7415) de 2,63 (NV3G) a 25,66 (NSV) (Tabela 6).

Com a obtenção de parâmetros genéticos, como a herdabilidade e o ganho por seleção, pode-se identificar genótipos superiores em gerações precoces (COSTA *et al.*, 2004; CRUZ *et al.*, 2017). Ao selecionar 20% dos genótipos superiores, para os caracteres cuja população havia variância genética aditiva na F<sub>2</sub>, foram selecionados 34 genótipos de um total de 174 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-A, 22 genótipos de 111 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-B e 20 genótipos de 104 indivíduos da combinação F<sub>2</sub>-C.

As predições dos ganhos por seleção dos caracteres agrônômicos são apresentadas na Tabela 7.

Tabela 7 – Predição de ganhos por seleção dos caracteres agrônômicos de três combinações de cruzamentos entre cultivares de soja

COMBINAÇÃO A (BRSGO 7560 x TMG 801)				
Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NDF (dias)	50,02	43,02	-16,00	42,00
NDM (dias)	108,47	98,38	-5,51	102,48
APF (cm)	37,84	55,52	40,75	53,26
NNF	9,79	12,44	9,67	10,54
NNPRo	10,58	14,38	32,43	14,01
NNTTo	12,13	15,73	23,43	14,97
APM (cm)	48,48	71,38	49,36	72,41
AIPV (cm)	10,75	16,76	22,74	13,19
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)				
Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NDF (dias)	41,76	36,36	-7,81	38,83
NDM (dias)	106,92	101,22	-	-
APF (cm)	25,18	33,31	-	-
NNF	8,39	10,54	-	-
NNPRo	13,67	18,13	34,18	18,35
NNTTo	15,06	19,40	30,93	19,72
APM (cm)	50,69	72,27	54,61	78,38
AIPV (cm)	9,16	18,13	179,53	25,61

COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)				
Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NDF (dias)	49,58	39,45	-19,38	39,97
NDM (dias)	116,60	102,00	-21,09	92,00
APF (cm)	33,03	48,05	-	32,39
NNF	8,78	11,06	4,01	9,14
NNPRo	11,09	15,10	14,45	13,27
NNTo	12,67	16,45	19,72	15,17
APM (cm)	44,42	67,75	43,46	63,73
AIPV (cm)	10,59	16,25	-	7,67

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNPRo: número de nós produtivos; NNTo: número de nós totais; APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); -: não há ganho de seleção;  $\bar{X}_o$ : média original da F<sub>2</sub>;  $\bar{X}_s$ : média dos indivíduos selecionados; GS (%): ganho por seleção.

Fonte: o autor.

O NDF e o NDM são caracteres determinantes na duração do ciclo vegetativo e total das plantas. Cultivares de ciclo precoce são importantes para os produtores que realizam plantios em sucessão, posicionando a soja na primeira safra e na segunda safra uma cultura sucessora, como o milho, algodão, sorgo, girassol etc. (BARROS, 2022). Desta forma, particularmente para esses dois caracteres, foram selecionados os indivíduos com menores NDF e NDM.

Para o NDF os ganhos por seleção foram -16,00%, -7,81% e -19,38%, respectivamente, para as combinações A, B e C; para o NDM foram -5,51% e -21,09%, respectivamente, para as combinações A (BRSGO 7560 x TMG 801) e C (TMG 801 x UFUS 7415) (Tabela 7).

A média dos indivíduos selecionados para o NDM foi 98,38 dias para a combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) e 102 dias para a combinação C (TMG 801 x UFUS 7415) (Tabela 7). Ou seja, fazendo-se a seleção há obtenção de genótipos precoces.

No florescimento, os ganhos por seleção para os caracteres altura de plantas e número de nós obtidos na combinação A (BRSGO 7560 x TMG 801) foram, respectivamente, 40,75% e 9,67%, com a média dos indivíduos selecionados de 55,52 cm e 12,54, e para número de nós

na combinação C (TMG 801 x UFUS 7415) foi 4,01%, com média dos indivíduos selecionados de 11,06 (Tabela 7).

O NNPro e NNT<sub>o</sub> são caracteres importantes na cultura da soja por estarem correlacionados com a produção de grãos (NOGUEIRA *et al.*, 2012). O ganho por seleção para NNPro e NNT<sub>o</sub> foram 34,18% e 30,93%, respectivamente, na combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415). A média do NNPro e NNT<sub>o</sub> dos indivíduos selecionados da combinação B foram, respectivamente, 18,13 e 19,40, valores acima dos limites recomendados para uma boa produção de vagens e grãos. Silva *et al.* (2021) estimaram 17,03 NNT<sub>o</sub> e ganho por seleção de 14,5%.

Os ganhos por seleção para os caracteres APM e AIPV foram maiores na combinação B (TMG 7161 RR x UFUS 7415), respectivamente, 54,61 e 179,53%, e a média dos indivíduos selecionados, respectivamente, 72,27 cm e 18,13 cm. Portanto, valores adequados para atingir boa produtividade, evitar o acamamento e facilitar a colheita mecanizada. Os maiores valores médios observados para NNPro, NNT<sub>o</sub>, APM e AIPV nos indivíduos selecionados na combinação B podem ser explicados pelo fato do genitor TMG 7161 RR possuir tipo de crescimento indeterminado.

As predições dos ganhos por seleção dos caracteres de produção são apresentadas na Tabela 8.

Tabela 8 – Predição de ganhos por seleção dos caracteres de produção de três combinações de cruzamentos entre cultivares de soja

COMBINAÇÃO A (BRS GO 7560 x TMG 801)				
Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NV1G	15,55	32,14	110,40	32,72
NV2G	35,48	75,70	120,09	78,10
NV3G	23,99	63,02	-	59,33
NTV	75,19	161,05	116,71	162,96
NSV	2,05	2,33	5,71	2,16
PG (g)	26,83	56,55	76,46	47,35
COMBINAÇÃO B (TMG 7161 RR x UFUS 7415)				

Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NV1G	22,46	49,68	101,43	45,25
NV2G	38,41	81,04	109,67	80,54
NV3G	11,96	31,40	91,08	22,86
NTV	72,98	141,72	88,60	137,64
NSV	1,84	2,18	-	1,77
PG (g)	25,51	49,31	97,88	50,48

COMBINAÇÃO C (TMG 801 x UFUS 7415)

Parâmetros Genéticos	$\bar{X}_o$	$\bar{X}_s$	GS (%)	Média predita para o 1º ciclo após seleção
NV1G	16,96	35,50	-	14,91
NV2G	41,66	87,00	51,82	63,25
NV3G	18,92	50,35	146,02	46,55
NTV	77,61	164,45	79,49	139,31
NSV	1,97	2,21	2,69	2,02
PG (g)	25,81	55,05	80,04	46,48

NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PG: produção de grãos por planta (g); -: não há ganho de seleção;  $\bar{X}_o$ : média original da F<sub>2</sub>;  $\bar{X}_s$ : média dos indivíduos selecionados; GS (%): ganho por seleção.

Fonte: o autor.

O potencial produtivo pode ser considerado como um dos principais critérios utilizados pelos produtores de soja no momento da escolha de cultivares.

Para o NSV, os ganhos por seleção foram baixos nas três combinações (Tabela 8), corroborando com os observados por Teixeira *et al.* (2017) e Silva *et al.* (2021), respectivamente, 0,22% e 5,11%.

Em relação ao NTV, os ganhos por seleção variaram de 79,49% a 116,71% nas combinações C e A, respectivamente, sendo considerados altos. Borges (2019) observou ganho por seleção superior de 120,25%, enquanto valores inferiores foram observados por Costa *et al.* (2004), Teixeira *et al.* (2017) e Silva *et al.* (2021), respectivamente, 24,86%, 31,9% e 5,59%; e

Abou Sen (2020) e Mohammed *et al.* (2022), respectivamente, variações de 7,22% a 47,24% e 22,50% a 33,54%.

A média do NTV dos indivíduos selecionados foram 161,05, 141,72 e 164,45 nas populações A (BRS GO 7560 x TMG 801), B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) e C (TMG 801 x UFUS 7415), respectivamente (Tabela 8). Estão acima da média e podem ser considerados altos.

O maior ganho por seleção para a produção de grãos (g) foi obtido para a combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 (97,88%) e o menor para a BRS GO 7560 x TMG 801 (76,46%). Borges (2019) observou ganho por seleção superior de 154,27%, enquanto Costa *et al.* (2004), Teixeira *et al.* (2017), Silva *et al.* (2021) observaram valores inferiores, respectivamente, 55,11%, 29,54%, 14,38%. Abou Sen (2020) e Mohammed *et al.* (2022) observaram variações de 3,61% a 68,94% e 52,50% a 67,31%.

A PG média dos indivíduos selecionados foram 56,55 g, 49,31 g e 55,05 g nas populações A (BRS GO 7560 x TMG 801), B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) e C (TMG 801 x UFUS 7415), respectivamente (Tabela 8). Podem ser considerados valores altos, pois estão acima do valor obtido para o parental TMG 801, considerado o mais produtivo, com PG de aproximadamente 39 g.

O ganho de seleção é um importante parâmetro a ser considerado em programas de melhoramento genético (RIBEIRO *et al.*, 2020). De modo geral, considerando os valores da variância aditiva e os ganhos de seleção, verifica-se que as populações A (BRS GO 7560 x TMG 801), B (TMG 7161 RR x UFUS 7415) e C (TMG 801 x UFUS 7415) foram promissoras para a extração de linhagens que sejam precoces e produtivas.

#### 4 CONCLUSÕES

- No geral, em cada combinação, as médias dos caracteres agronômicos e de produtividade nas gerações F<sub>2</sub>, RC<sub>1</sub> e RC<sub>2</sub> foram intermediárias em relação aos seus parentais e os valores dos retrocruzamentos foram próximos aos de seu respectivo genitor.

- Os valores de herdabilidade no sentido restrito (%) na combinação BRS GO 7560 x TMG 801 foram NDF (114,66), APF (84,20), NNPro (90,26), NNT<sub>o</sub> (78,92), APM (104,52), NV1G (103,46), NV2G (105,97), NV3G (90,52), NTV (102,21) e PG (69,02); na combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 foram NNPro (104,8), NNT<sub>o</sub> (107,2), APM (128,3), AIPV (183,29), NV1G (83,79), NV2G (94,06), NTV (94,06) e PG (104,91) e na combinação TMG 801 x UFUS 7415 NDF (94,84), NDM (168,40), APM (82,97), NV3G (87,92), NTV (71,05) e PG (70,69). Esses valores possibilitam a seleção de forma mais eficiente.

- Os maiores ganhos por seleção para a redução de ciclo (NDM) foram obtidos na combinação TMG 801 x UFUS 7415 (-21,09%), portanto essa população pode ser utilizada para a redução do ciclo. O maior ganho por seleção para aumento na produção de grãos (g) foi obtido na combinação TMG 7161 RR x UFUS 7415 (97,88%), sendo a população originada desta combinação mais promissora para o aumento da produção de grãos.

## REFERÊNCIAS

- ABOU SEN, T. M. Generation analysis for seed yield and its componentes of some quantitative characters on soybean crosses. **Journal of Plant Production**, v. 11, n. 7, p. 587-593, 2020. DOI: [10.21608/jpp.2020.110546](https://doi.org/10.21608/jpp.2020.110546). Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/344968443\\_Generation\\_Mean\\_Analysis\\_for\\_Seed\\_Yield\\_and\\_its\\_Components\\_of\\_some\\_Quantitative\\_Characters\\_on\\_Soybean\\_Crosses](https://www.researchgate.net/publication/344968443_Generation_Mean_Analysis_for_Seed_Yield_and_its_Components_of_some_Quantitative_Characters_on_Soybean_Crosses). Acesso em: 13 out. 2025.
- 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**, v. 13, n. 2, p. 181-189, 2014. Disponível em: <http://revistas.udesc.br/index.php/agroveterinaria/article/view/5632/3827>. Acesso em: 13 out. 2025.
- BARROS, H. B. Rotação e sucessão. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 9, p. 171-175.
- BERNARDES, F. S. **Análise de gerações e estratégias de seleção em genótipos de soja visando resistência à ferrugem asiática e produção de grãos**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2019. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/25252/1/An%C3%A1liseGera%C3%A7%C3%B5esEstrat%C3%A9gias.pdf>. Acesso em: 13 out. 2025.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F.L.; BOREM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical aspects of the development of cultivars. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 21, p. 395-411.
- BOREM, A. **Hibridação Artificial de Plantas**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2009.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.
- BORGES, B. A. M. **Análise de gerações e seleção de progênes superiores para produção de grãos em soja**. Dissertação (Mestrado em Genética e Bioquímica) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2019. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/29545/3/AnaliseGeracoesSelecao.pdf>. Acesso em: 13 out. 2025.
- CAMARA, G. M. S. Colheita. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 15, p. 266-285.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. Portal de informações agropecuárias – Série histórica dos grãos. Disponível em:

<https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/safra-serie-historica-graos.html>. Acesso em: 2 set. 2025.

COSTA, M. M.; DI 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 em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 11, p.1095-1102, 2004. DOI: [10.1590/S0100-204X2004001100007](https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/g3FZLSyHd9ZxzBGdw5TQSJf/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 13 out. 2025.

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

CRUZ, C. D. Genes Software: extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016. DOI: [10.4025/actasciagron.v38i4.32629](https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i4.32629). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/asagr/a/sLvDYF5MYv9kWR5MKgxb6sL/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 13 out. 2025.

CRUZ, C. D.; RODRIGUES, H. S.; ROSADO, R. D. S.; BHERING, L. L. Biometrics applied to soybean breeding. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 11, p. 193-228.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, v. 80, p. 1-12, 1977.

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, n. 2, p. 76-83, 2012. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/download/192/115>. Acesso em: 13 out. 2025.

LOBO, V. L. S.; GIORDANO, L. B.; LOPES, C. A. Herança da resistência à mancha-bacteriana em tomateiro. **Fitopatologia Brasileira**, v. 30, n. 4, p.343-349, 2005. DOI: [10.1590/S0100-41582005000400002](https://doi.org/10.1590/S0100-41582005000400002). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/fb/a/3VSFD5twMbVqxjFfw8DL7Ft/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 13 out. 2025.

MATTOS, T. P.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; LUIZ, M. C. P.; TEIXEIRA, F. G.; SHIGIHARA, D.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Effect of sowingseason on soybean performance. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 36, n. 5, p. 1607-1618, 2020. DOI: [10.14393/BJ-v36n5a2020-42446](https://doi.org/10.14393/BJ-v36n5a2020-42446). Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42446/29618>. Acesso em: 20 out. 2025.

MOHAMMED, I. A. I.; ABOU SEN, T. M.; ABDUL HAMID, M. I. E. Genetic analysis for seed yield and some related characters in four soybean crosses. **Journal of Applied Sciences**,

v. 11, n. 6, p. 1097-1114, 2022. Disponível em:

[https://www.researchgate.net/publication/391551013\\_GENETIC\\_ANALYSIS\\_FOR\\_SEED\\_YIELD\\_AND\\_SOME\\_RELATED\\_CHARACTERS\\_IN\\_FOUR\\_SOYBEAN\\_CROSSES](https://www.researchgate.net/publication/391551013_GENETIC_ANALYSIS_FOR_SEED_YIELD_AND_SOME_RELATED_CHARACTERS_IN_FOUR_SOYBEAN_CROSSES).

Acesso em: 13 out. 2025.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, H. B.; TEIXEIRA, R. C. T. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. *In*: SEDIYAMA, T. (ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; DE 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**, v. 28, n. 6, p. 877–888, 2012. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/14576/11096>.

Acesso em: 13 out. 2025.

OLIVEIRA, A. H. G.; MACIEL, G. M.; SIQUIEROLI, A. C. S.; LUZ, J. M. Q.; SIVA, E. C. Dynamics of heritability in diferente characters of lettuce. **Revista Caatinga**, v. 34, n. 3, p. 514-526, 2021. DOI: [10.1590/1983-21252021v34n303rc](https://doi.org/10.1590/1983-21252021v34n303rc). Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/rcaat/a/r5FJtxpHDbzdVHpwYYtGDJk/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 21 out. 2025.

PEREIRA, F. A. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, G. A. F. Identification of potential soybean crosses for grain yield in the F<sub>2</sub> generation. **Revista Agrarian**, v. 12, n. 45, p. 286-295, 2019. DOI: [10.30612/agrarian.v12i45.7413](https://doi.org/10.30612/agrarian.v12i45.7413). Disponível em:

<https://ojs.ufgd.edu.br/agrarian/article/view/7413/5337>. Acesso em: 15 dez. 2025.

RIBEIRO, F. O.; BRUZI, A. T.; BIANCHI, M. C.; SOARES, I. O.; SILVA, K. B. Genotypic selection for soybean earliness. **Journal of Agriculture Science**, v. 12, n.11, 2020. DOI: [10.5539/jas.v12n11p169](https://doi.org/10.5539/jas.v12n11p169). Disponível em:

<https://ccsenet.org/journal/index.php/jas/article/download/0/0/43924/46185>. Acesso em: 10 fev. 2026.

SCHUSTER, I.; MORA, F. Biometria aplicada ao melhoramento de espécies anuais e seus desafios. *In*: LUDKE, W. H.; ANDRADE, A. C. B.; VOLPATO, L.; ALMEIDA, D. P.; OLIVEIRA, I. C. M.; PAIVA, J. T.; SILVA, M. J.; DEL CONTE, M. V.; SILVA, T. C.; ALMEIDA, V. C.; PINTO, V. B. **Desafios biométricos no melhoramento genético**. 1. ed. Viçosa: GenMelhor, 2017. cap. 1, p. 6-66.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BÓREM, A. **Soja: do plantio a colheita**. 1. ed. Viçosa: Editora UFV, 2015.

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

SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; LUDKE, W. H.; BUENO, T. V. Quantitative traits in breeding. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 6, p. 81-112.

SILVA, C. O. **Ganho genético para produção de grãos em populações precoces nas gerações F<sub>2</sub> e F<sub>3</sub> de soja**. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, 2020. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/31641/1/GanhoGeneticoProducao.pdf>. Acesso em: 13 out. 2025.

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F<sub>2</sub> and F<sub>2</sub>:3 soybean populations. **Agronomy journal**, v. 113, n. 4, p.2991-3004, Jul. 2021. DOI: [10.1002/agj2.20692](https://doi.org/10.1002/agj2.20692). Acesso em: 10 out. 2025.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BOREM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 7, p. 147-154.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BOREM, A. Exigências edafoclimáticas. *In*: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 3, p. 44-52.

STANSFIELD, W. D. **Genética**. São Paulo: McGraw-Hill do Brasil, 1974.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; MATTOS, T. P.; SILVEIRA, I. C.; MEDEIROS, L. A. Inheritance of precocity and of agronomic characters in soybean. **Genetic and Molecular Research**, v. 16, n. 4, p. 1-13, 2017. DOI: 10.4238/gmr16039842. Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/inheritance-of-precocity-and-of-agronomic-characters-in-soybean.pdf>. Acesso em: 10 out. 2025.

VERNETTI, F. J.; VERNETTI JUNIOR, F. J. Qualitative traits in breeding *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 5, p. 55-80.

YAMGAR, S.; PAWAR, S.; DESHMUKH, M.; CHIMOTE, V. P.; KADAM, G. Estimation of gene action from generation mean analysis in soybean (*Glycine Max* (L.) Merrill). **Soybean Research**, v. 19, n. 2, p. 34-45, 2021. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/361692073\\_Estimation\\_of\\_generation\\_mean\\_analysis\\_by\\_using\\_five\\_parameters\\_model\\_in\\_Soybean\\_for\\_yield\\_and\\_yield\\_contributing\\_characters](https://www.researchgate.net/publication/361692073_Estimation_of_generation_mean_analysis_by_using_five_parameters_model_in_Soybean_for_yield_and_yield_contributing_characters). Acesso em: 13 out. 2025.

ZANON, A. J.; WINCK, J. E. M.; STRECK, N. A.; ROCHA, T. S. M.; CERA, J. C.; RICHTER, G. L.; LAGO, I.; SANTOS, P. M.; MACIEL, L. R.; GUEDES, J. V. C.; MARCHESAN, E. Desenvolvimento de cultivares de soja em função do grupo de maturação e tipo de crescimento em terras altas e terras baixas. **Bragantia**, v. 74, n. 4, p. 400-411, 2015. DOI: [10.1590/1678-4499.0043](https://doi.org/10.1590/1678-4499.0043). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/K4nQRyVDfqvys83YWKn6XLv/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 10 out. 2025.

ZANON, A. J.; STRECK, N. A.; ROCHA, T. S. M.; ALBERTO, C. M.; BARTZ, A. C.; PAULA, G. M.; TOMIOZZO, R.; COSTA, L.C.; FENSTERSEIFER, C. A.; TAGLIAPIETRA, E. L.; CARDOSO, A. P.; WEBER, P. S.; BEXAIRA, K. P. Growth habit effect on development of modern soybean cultivars after beginning of bloom in Rio Grande do Sul. **Bragantia**, v.75, p.446-458, 2016. DOI: [10.1590/1678-4499.535](https://doi.org/10.1590/1678-4499.535). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/brag/a/pqqrVD6LgJbBcWKhBcJdsfk/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 10 out. 2025.

## CAPÍTULO III

### SELEÇÃO DE PROGÊNIES E DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA

#### RESUMO

Os programas de melhoramento da soja visam desenvolver cultivares superiores às já existentes, e os melhoristas lançam mão de ferramentas que auxiliem no processo. As estimativas de parâmetros genéticos, como os ganhos de seleção direta e indireta, além do uso de índices de seleção, podem orientar a escolha das melhores progênies. Ademais, o conhecimento da variabilidade genética existente em uma população é de grande importância quando se deseja selecionar parentais para a realização de novas hibridações, aumentando as chances de sucesso na obtenção de genótipos superiores. Diante o exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes estratégias para a seleção de progênies de ciclo precoce e alta produção de grãos. Além disso, buscou-se realizar estudos de diversidade genética, utilizando diferentes técnicas de agrupamento, para a identificação de parentais divergentes a serem empregados em futuras hibridações. Foram realizados dois experimentos na Fazenda Capim Branco, em Uberlândia, MG, na safra de verão 2019/2020 e na safra de inverno em 2021. Avaliaram-se 34 genótipos de soja, sendo 30 progênies (F6-F7; F7-F8) e quatro cultivares como testemunhas (UFUS 7415, UFUS Tupi, UFUS 7910 e UFUS MLX), em delineamento de blocos completamente casualizados, com 3 repetições. Foram avaliados os seguintes caracteres: número de dias para o florescimento e para a maturidade (NDF e NDM); altura de planta no florescimento e na maturidade (APF e APM); altura de inserção da primeira vagem na maturidade (AIPV); número de nós no florescimento (NNF); número de nós totais e produtivos na maturidade (NNT e NNP); número de vagens de 1, 2 e 3 grãos (NV1G, NV2G e NV3G); número total de vagens (NTV); número de sementes por vagem (NSV); e produção de grãos por planta (PG). Os genótipos foram agrupados pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade e foram estimados parâmetros genéticos, como a herdabilidade e razão  $CV_g/CV_e$ . A dissimilaridade genética foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis e os genótipos agrupados pelos métodos UPGMA, Tocher e analisados por variáveis canônicas. Detectou-se existência de variabilidade genética entre as progênies avaliadas neste estudo para

todos os caracteres ao nível 1% ou 5% pelo Teste F. Observou-se razão  $CV_g/CV_e$  maior que 1 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM NNF, NNT e NSV, o que viabiliza a seleção. A produtividade da soja nas safras de verão e inverno foram similares, no entanto o ciclo da soja foi alongado no inverno. A seleção direta e indireta proporcionou os maiores ganhos genéticos. Os maiores ganhos genéticos totais entre os índices de seleção foram obtidos com o de Mulamba; Mock. Os caracteres NDM e NDF foram os que mais contribuíram para determinar a diversidade genética. A diversidade genética entre os genótipos foi maior na safra de verão do que na de inverno. Os métodos de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA e a análise de variáveis canônicas por meio da dispersão gráfica agruparam de maneira similar os genótipos. As progênies do grupo II (S128P3 e S128P4) apresentaram ciclo precoce e alta produtividade, sendo recomendadas para integrar hibridações com genótipos divergentes.

**Palavras-chave:** performance agronômica; índices de seleção; análise multivariada.

## CHAPTER III

### PROGENY SELECTION AND GENETIC DIVERSITY IN SOYBEAN

#### ABSTRACT

Soybean breeding programs aim to develop cultivars superior to those currently available, and breeders use tools to aid in the process. Estimates of genetic parameters, such as direct and indirect selection gains, as well as the use of selection indices, can guide the choice of the best progenies. Also, knowledge of the existing genetic variability of a population is of great importance when selecting parents for new hybridizations, increasing the chances of success in obtaining superior genotypes. Therefore, the objective of this study was to evaluate different strategies for selecting early-cycle and high-yielding progenies. In addition, genetic diversity studies were conducted using different clustering techniques to identify divergent parents for use in future hybridizations. Two experiments were conducted at Fazenda Capim Branco, in Uberlândia, MG, during the 2019/2020 summer crop season and the 2021 winter crop season. Thirty-four soybean genotypes were evaluated, including 30 progenies (F6-F7; F7-F8) and four cultivars as controls (UFUS 7415, UFUS Tupi, UFUS 7910, and UFUS MLX), in a completely randomized block design with three replications. The following traits were evaluated: number of days to flowering and to maturity (NDF and NDM); plant height at flowering and at maturity (APF and APM); height of insertion of the first pod at maturity (AIPV); number of nodes at flowering (NNF); total and productive number of nodes at maturity (NNT and NNP); number of pods with 1, 2, and 3 grains (NV1G, NV2G, and NV3G); total number of pods (NTV); the number of seeds per pod (NSV); and grain production per plant (PG). Genotypes were grouped using the Scott-Knott test at a 5% probability level, and genetic parameters such as heritability and  $CV_g/CV_e$  ratio were estimated. Genetic dissimilarity was estimated using Mahalanobis generalized distance, and genotypes were grouped using the UPGMA and Tocher methods and analyzed using canonical variables. Genetic variability was detected among the progenies evaluated in this study for all traits at the 1% or 5% level using the F-test; a  $CV_g/CV_e$  ratio greater than 1 was observed for the traits NDF, NDM, APF, APM, NNF, NNT, and NSV, which makes selection viable. Soybean productivity in summer and winter crops was similar, however

the soybean cycle was longer in winter. Direct and indirect selection provided the greatest genetic gains. The greatest total genetic gains among the selection indices were obtained with Mulamba; Mock. The NDM and NDF traits were the ones that contributed most to determining genetic diversity. Genetic diversity among genotypes was greater in the summer crop than in the winter crop. The Tocher optimization method, hierarchical UPGMA, and canonical variable analysis through graphical scattering similarly grouped the genotypes. The progenies of group II (S128P3 and S128P4) showed an early cycle and high productivity, being recommended for integrating hybridizations with divergent genotypes.

**Keywords:** Agronomic performance. Multivariate analysis. Selection indices.

## 1 INTRODUÇÃO

A soja é uma das principais culturas agrícolas do Brasil. A sua produtividade média nacional na safra 2004/2005 foi 2.244,8 kg ha<sup>-1</sup> enquanto na safra 2024/2025 foi 3.621,3 kg ha<sup>-1</sup>, ou seja, nos últimos 20 anos houve um acréscimo de, aproximadamente, 1.400,0 kg ha<sup>-1</sup> (CONAB, 2025). Além das melhorias no ambiente, este acréscimo pode ser atribuído ao uso de cultivares mais produtivas e adaptadas aos variados sistemas de produção, desenvolvidas pelos programas de melhoramento genético da cultura.

Os programas de melhoramento da soja visam desenvolver cultivares superiores às existentes, o que só é possível quando o material selecionado reúne, simultaneamente, uma série de atributos favoráveis para caracteres de interesse, satisfazendo as exigências de produtores e consumidores (SILVA *et al.*, 2020).

Na seleção direta, o melhorista está, a princípio, interessado em obter ganhos em um único caráter sobre o qual a seleção é praticada. A seleção indireta é aquela praticada em um determinado caráter para se ter ganho em um outro, associado ao primeiro (BORÉM; MIRANDA; FRITSCH NETO, 2021). No entanto, a seleção em certas características pode provocar alterações indesejáveis em outras quando houver correlações desfavoráveis (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Comparativamente à seleção direta, o uso de índices como critério de seleção proporciona resultados relativamente superiores. De forma geral, o ganho sobre um caráter é reduzido, mas essa redução é compensada por uma melhor distribuição de ganhos favoráveis aos demais caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A comparação entre a seleção direta e indireta e índices de seleção têm sido realizada nos últimos anos empregando-se, entre outros, os índices de Mulamba: Mock (1978) e da distância genótipo-ideótipo, conforme Bizari *et al.* (2017), Teixeira *et al.* (2017), Silva *et al.* (2021), Carneiro *et al.* (2021) e Gastl Filho *et al.* (2022).

Para o sucesso do melhoramento genético, a escolha adequada de genitores e o planejamento dos cruzamentos são etapas fundamentais, pois as características desejadas nos recombinantes devem estar presentes nos parentais (BORÉM; MIRANDA; FRITSCH NETO, 2021). A hibridação entre indivíduos geneticamente divergentes amplia a variabilidade disponível e favorece a obtenção de híbridos com maior heterose, maior segregação e

possibilidade de surgimento de genótipos transgressivos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Estudos de diversidade genética para a seleção de indivíduos divergentes a serem incluídos em cruzamentos têm sido realizados pela avaliação de caracteres agronômicos e de produção. Para auxiliar os melhoristas, métodos aglomerativos, como o de otimização de Tocher e hierárquicos, como o UPGMA, além da análise de variáveis canônicas, entre outros, são utilizados na avaliação da diversidade genética, conforme Ferreira Júnior *et al.* (2015), Oliveira *et al.* (2015), Machado *et al.* (2017), Sousa *et al.* (2020), Medeiros *et al.* (2024), Ferreira *et al.* (2025) e Noronha *et al.* (2025).

Perante o exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar diferentes estratégias para a seleção de progênies de ciclo precoce e alta produção. Além disso, buscou-se realizar estudos de diversidade genética, utilizando diferentes técnicas de agrupamento, para a identificação de parentais divergentes a serem empregados em futuras hibridações.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em campo, na área experimental vinculada ao Programa de Melhoramento Genético de Soja, na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia (UFU). A fazenda situa-se no município de Uberlândia, MG, nas coordenadas geográficas 18°52' S e 48°20' W e a 805 m de altitude.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento em blocos ao acaso, com três repetições. Foram avaliadas 30 progênies F6–F7 e 30 progênies F7–F8, no primeiro e segundo experimento, respectivamente, oriundas de três populações segregantes conduzidas por diferentes métodos, e quatro testemunhas, totalizando 34 tratamentos e 102 parcelas experimentais. Cada parcela apresentou dimensões de 2 m de largura por 5 m de comprimento, perfazendo área de 10 m<sup>2</sup>. Os tratamentos estão apresentados na Tabela 1.

Tabela 1 – Genealogia das progênies de soja utilizadas nos experimentos

Genótipos	Genealogia	Método de condução
B128P1	UFUS 7910 x UFUS 7415	Bulk
B128P2	UFUS 7910 x UFUS 7415	Bulk
B128P3	UFUS 7910 x UFUS 7415	Bulk
B128P4	UFUS 7910 x UFUS 7415	Bulk
B128P5	UFUS 7910 x UFUS 7415	Bulk
G128P1	UFUS 7910 x UFUS 7415	Genealógico
G128P2	UFUS 7910 x UFUS 7415	Genealógico
G128P3	UFUS 7910 x UFUS 7415	Genealógico
G128P4	UFUS 7910 x UFUS 7415	Genealógico
G128P5	UFUS 7910 x UFUS 7415	Genealógico
S128P1	UFUS Tupi x UFUS 6901	SPD
S128P2	UFUS Tupi x UFUS 6901	SPD
S128P3	UFUS Tupi x UFUS 6901	SPD
S128P4	UFUS Tupi x UFUS 6901	SPD
S128P5	UFUS Tupi x UFUS 6901	SPD
B278P1	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Bulk
B278P2	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Bulk

B278P3	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Bulk
B278P4	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Bulk
B278P5	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Bulk
G278P1	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Genealógico
G278P2	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Genealógico
G278P3	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Genealógico
G278P4	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Genealógico
G278P5	UFUS Tupi x UFUS Xavante	Genealógico
S278P1	UFUS Tupi x UFUS Xavante	SPD
S278P2	UFUS Tupi x UFUS Xavante	SPD
S278P3	UFUS Tupi x UFUS Xavante	SPD
S278P4	UFUS Tupi x UFUS Xavante	SPD
S278P5	UFUS Tupi x UFUS Xavante	SPD

Fonte: o autor.

Os cultivares e a linhagem de soja utilizados como testemunhas nos experimentos estão descritos na Tabela 2.

Tabela 2 – Características gerais dos cultivares e da linhagem utilizada como testemunha nos experimentos

Genótipos	Tipo de crescimento	GM
UFUS 7910	Determinado	7.9
UFUS 7415	Semideterminado	7.4
UFUS Tupi	Semideterminado	7.4
UFUS MLX - Linhagem	[S.I]	[S.I]

[S.I]: sem informação; GM: grupo de maturação.

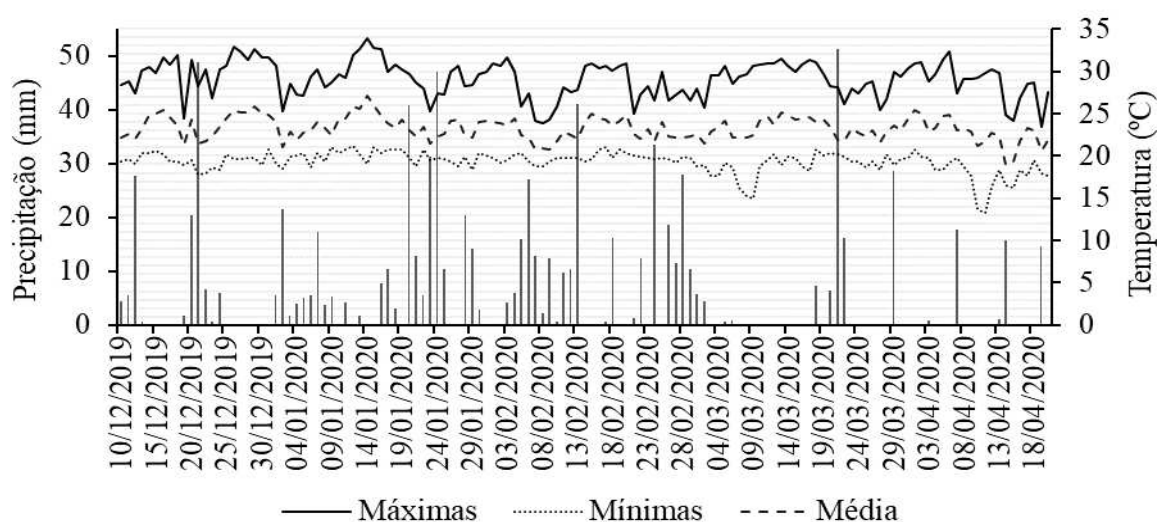
Fonte: Programa de Melhoramento Genético de Soja – UFU.

Para a semeadura, nos dois experimentos, o solo da área experimental foi preparado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens, para o destorroamento e nivelamento do terreno. Utilizou-se uma semeadora regulada para espaçamento de 0,5 m entre linhas, a fim de realizar a abertura dos sulcos. Posteriormente, foram aplicados cerca de 400 kg ha<sup>-1</sup> de NPK (04-30-16) e incorporados ao solo com o auxílio de uma enxada.

As sementes foram tratadas com o inseticida fipronil ( $250 \text{ g L}^{-1}$ ), com a mistura dos fungicidas piraclostrobina ( $25 \text{ g L}^{-1}$ ) e tiofanato-metílico ( $225 \text{ g L}^{-1}$ ), e inoculadas com as estirpes de *Bradyrhizobium japonicum* SEMIA 5079 e SEMIA 5080. Após a semeadura, os sulcos foram cobertos com solo e foi aplicado o herbicida pré-emergente S-Metolacoloro ( $1,4 \text{ L ha}^{-1}$ ).

A semeadura do primeiro experimento, de verão, ocorreu em 10/12/2019 e os parâmetros meteorológicos obtidos durante o período de cultivo da soja estão contidos no Gráfico 1.

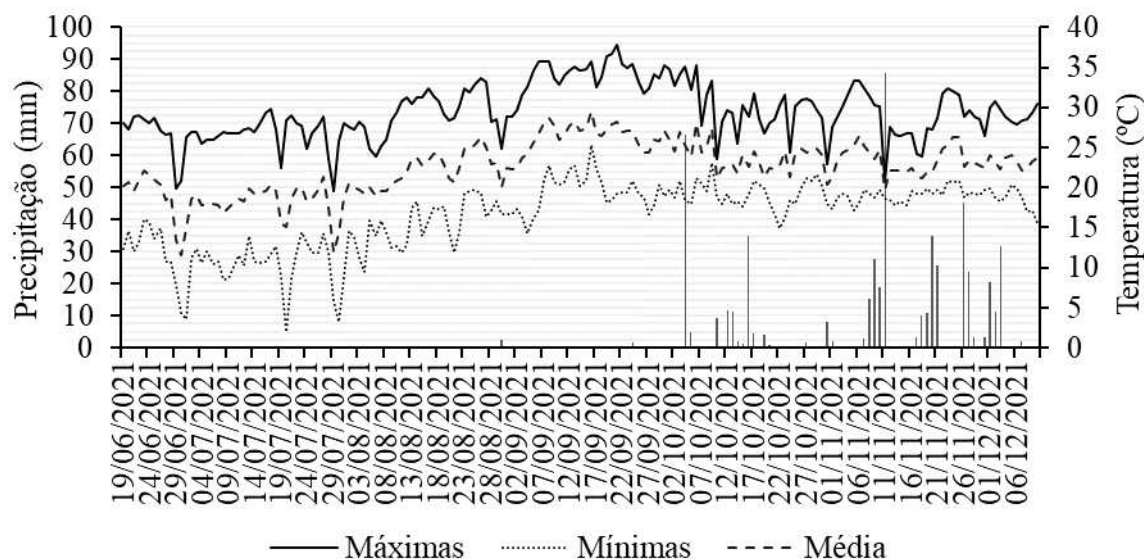
Gráfico 1 – Temperaturas máximas, mínimas, média e precipitação nos meses de dezembro de 2019 a abril de 2020 em Uberlândia, MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA - UFU).

A semeadura do segundo experimento, no inverno, ocorreu em 19/06/2021 e os parâmetros meteorológicos obtidos durante o período de cultivo da soja estão contidos no Gráfico 2. Houve geadas no início e final do mês de julho. Nos meses de junho a setembro realizaram-se irrigações com sistema de irrigação via aspersão ( $35 \text{ mm}$  por 1 hora), mediante necessidade.

Gráfico 2 – Temperaturas máximas, mínimas, média e precipitação nos meses de junho a dezembro de 2021 em Uberlândia, MG



Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (CLIMA - UFU).

No estádio V3-V4 (FEHR; CAVINESS, 1977), em ambos os experimentos, foi realizada a aplicação foliar de fertilizante à base de cobalto e molibdênio, bem como adubação de cobertura com cloreto de potássio (KCl), aplicada a lanço na dose de 150 kg ha<sup>-1</sup>.

Durante o período experimental, foram monitoradas a ocorrência de plantas daninhas, doenças e pragas. O controle de plantas daninhas foi realizado de forma manual, utilizando enxada. As doenças e pragas foram controladas, respectivamente, com fungicidas (trifloxistrobina + proclorazoxol) e inseticidas (acefato e lambda-cialotrina+tiametoxam) aplicados com o auxílio de bomba costal de 20 L de calda.

Na parcela útil (duas linhas centrais desprezando-se 1,25 m das bordas), foram amostradas cinco plantas aleatoriamente, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura (FEHR; CAVINESS, 1977), e foram avaliados os seguintes caracteres:

1) Caracteres agrônômicos:

a) 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);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período compreendido entre a emergência até a data da maturidade no estádio R8;

c) Altura da Planta no Florescimento (APF): altura medida em centímetros, da haste principal, medida do solo até o último nó visível, no florescimento (R1);

d) Número de Nós no Florescimento (NNF): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar no florescimento (R1);

e) Número de Nós Produtivos (NNP): número total de nós ou ramos na haste principal com a presença de vagens (R8);

f) Número de Nós Totais (NNT): número total de nós na haste principal a partir do nó cotiledonar na maturidade (R8);

g) Altura da planta na maturidade (APM): altura mensurada na maturidade (estádio R8), medindo-se a distância do colo da planta até o meristema apical da haste principal em centímetros;

h) Altura de inserção da primeira vagem (AIPV): altura (cm) na haste principal a partir do colo da planta até a inserção da primeira vagem.

## 2) Caracteres de produção:

a) Número de vagens com um grão (NV1G): número de vagens contendo um grão;

b) Número de vagens com dois grãos (NV2G): número de vagens com dois grãos;

c) Número de vagens com três grãos (NV3G): número de vagens com três grãos;

d) Número de vagens totais (NVT): número de vagens produzidas pela planta;

e) Número de sementes por vagem (NSV): obtido pela divisão do número total de sementes pelo NTV;

f) Produção de grãos (PROD): em cada parcela, todas as plantas da área útil foram colhidas, trilhadas e os grãos foram limpos e submetidos a pesagem (gramas por parcela). Posteriormente foram transformados para  $\text{kg ha}^{-1}$ .

Os dados do NDF, NDM, NV2G, NV3G e NTV foram transformados para  $\sqrt{x}$  para atender os pressupostos estatísticos. Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância (ANOVA) para verificar a existência de variabilidade genética para os caracteres de estudo. Foi seguido o modelo estatístico descrito abaixo, levando-se em consideração o delineamento de blocos casualizados e os efeitos aleatórios:

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

Em que:

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

$\mu$ : média geral do caráter;

$G_i$ : efeito do genótipo considerado aleatório  $i$ ;

$B_j$ : efeito do bloco considerado aleatório  $j$ ;

$\varepsilon_{ij}$ : efeito do erro considerado aleatório.

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

Os coeficientes de variação genotípica (CVg), ambiental (CVe) e a razão CVg/CVe, por meio das expressões a seguir:

$$CVg = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}}{\mu} \times 100;$$

$$CVe = \frac{\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}}{\mu} \times 100;$$

$$CVg/CVe = \frac{CVg}{CVe}$$

Em que:

CVg: coeficiente de variação genotípica (CVg);

CVe: coeficiente de variação ambiental (CVe);

CVg/CVe: razão entre coeficiente de variação genotípica e coeficiente de variação ambiental;

$\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}$ : variância genotípica;

$\sqrt{\hat{\sigma}_e^2}$ : variância ambiental;

$\mu$ : média geral do caráter.

Ainda, foi estimado o parâmetro herdabilidade no sentido amplo com base na equação abaixo:

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

$$\hat{\sigma}_g^2 = \frac{\text{QMT-QMR}}{r}$$

Em que:

$H^2$  : Herdabilidade;

$\hat{\sigma}_g^2$ : variância genética;

QMT: quadrado médio do tratamento na ANOVA;

QMR: quadrado médio do resíduo na ANOVA;

r: número de repetições.

As estimativas dos ganhos de seleção foram obtidas por diferentes estratégias de seleção: Seleção direta e indireta; Índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978); e Índice da distância genótipo-ideótipo.

Para realizar a seleção de progênes superiores, foi estabelecido como critérios de seleção a redução dos caracteres de ciclo, NV1G e aumento dos demais caracteres de estudo.

De modo a determinar os ganhos de seleção (GS), foi adotada a proporção de 20% das melhores progênes, sendo os GS para seleção indireta e direta baseados no diferencial de seleção pelas respectivas equações abaixo.

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

Em que:

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

$X_{si}$ : média das progênes 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.

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

Em que:

$GS_{j(i)}$ : 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;

$h_i^2$ : herdabilidade do caráter i;

Para o índice de somas de “ranks” de Mulamba e Mock (1978) foram somadas as ordens de cada progênie, resultando no índice de seleção, como descrito pelas seguintes equações:

$$I_i = r_{i1} + r_{i2} + \dots + r_{in}$$

Os pesos foram dados por:

$$I_i = p_{i1}r_1 + p_{i2}r_2 + \dots + p_{in}r_n$$

Em que:

$I_i$ : valor do índice para a progênie  $i$ ;

$r_{ij}$ : classificação (ou “rank”) da progênie  $i$  em relação ao  $j$ -ésimo caráter;

$n$ : número de caracteres considerado no índice;

$p_j$ : peso econômico atribuído ao  $j$ -ésimo caráter.

No índice da distância genótipo-ideótipo (DGI) (CRUZ *et al.*, 2017), foram calculados a média e o máximo e o mínimo dos valores para cada variável. Considerou-se  $X_{ij}$  como o valor fenotípico médio do  $i$ -ésimo genótipo em relação à  $j$ -ésima característica. Também se considerou o valor  $Y_{ij}$  que representa o valor fenotípico médio transformado, e  $C_j$  uma constante relativa à depreciação da média do genótipo. Assim, teve-se:  $LI_j$  como limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica  $j$ ,  $LS_j$  como limite superior a ser apresentado pelo genótipo e  $VO_j$  como valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

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

Em que:

$LI_j$ : 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.

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

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

Em que:

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

$a_j$ : peso ou valor econômico da característica.

O valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo na seleção foi calculado de acordo com a equação:

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

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

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

As estimativas das distâncias de Mahalanobis para cada par de genótipos foram obtidas por meio da expressão:

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

Em que:

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

$\Psi$ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

Por meio das distâncias generalizadas de Mahalanobis, foi possível quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando o critério proposto por Singh (1981), baseado na estatística  $S_{.j}$ . Considerando-se que:

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

Em que:

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

A partir da matriz de dissimilaridade obtida pela distância generalizada de Mahalanobis, procedeu-se ao agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1952). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade era menor; posteriormente, outros genótipos foram incluídos nesse grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor

médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido ( $\theta$ ) da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo.

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

Se  $\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} \leq \theta$ , inclui-se o indivíduo  $k$  no grupo; e

Se  $\frac{d_{(\text{grupo})k}}{n} > \theta$ , não inclui o indivíduo  $k$  no grupo.

sendo  $n$  o número de indivíduos que constituem o grupo original.

Nesse caso, a distância entre o indivíduo  $k$  e o grupo formado pelos indivíduos  $ij$  é dada por:

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

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

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

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

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

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

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ij} + d_{jl} + d_{jk}}{3}$$

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

As variáveis canônicas foram geradas com base na modificação das variáveis originais (caracteres avaliados) em um conjunto novo, de forma que se estabeleça as proposições subsequentes (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020):

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

$$Y_{ij} = a_1X_{i1} + a_2X_{i2} + \dots + a_nX_{in}$$

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

$$Y_{ij} = b_1X_{i1} + b_2X_{i2} + \dots + b_nX_{in}$$

$$\sum_j \sum_{j'} a_j a_{j'} \sigma_{jj'} = \sum_j \sum_{j'} b_j b_{j'} \sigma_{jj1'} = 1$$

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

Em que:

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

Dentre todas as variáveis canônicas,  $Y_{i1}$  apresenta a maior variância,  $Y_{i2}$  a segunda maior, e assim sucessivamente.

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

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

Em que:

T: matriz de variâncias e covariâncias fenotípicas;

E: matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta_j$ : autovetor associado a cada estimativa das raízes características, cujos elementos são os coeficientes de ponderação;

$\lambda_j$ : raízes características (autovalores) da matriz  $E^{-1} T$ .

A ANOVA, o 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

Os resultados da análise de variância dos genótipos, as estimativas de parâmetros genéticos e os coeficientes de variação dos experimentos estão apresentados na Tabela 3.

Tabela 3 – Quadrado médio dos genótipos, parâmetros genéticos e coeficiente de variação de caracteres agrônômicos e de produção de progênies e cultivares de soja cultivados nas safras de verão (2019/2020) e inverno (2021) em Uberlândia-MG

Caracteres	Verão 2019/20 (F6-F7)				Inverno 2021 (F7-F8)			
	QMG	CV(%)	CVg/CVe	H <sup>2</sup>	QMG	CV(%)	CVg/CVe	H <sup>2</sup>
NDF	0,47**	0,67	8,01	99,48	0,22**	1,36	2,12	93,13
NDM	0,63**	0,38	11,06	99,72	0,58**	1,56	2,23	93,73
APF	385,73**	12,04	1,02	76,08	379,58**	12,35	1,11	78,86
APM	624,54**	10,55	1,25	82,63	563,15**	13,59	1,08	77,97
AIPV	98,72**	17,52	0,99	74,86	29,00*	20,84	0,50	43,33
NNF	3,42**	7,05	1,10	78,48	4,04**	8,18	0,89	70,45
NNT	8,67**	7,04	1,25	82,57	8,02**	8,71	1,10	78,63
NNP	5,51*	15,32	0,47	40,03	9,59**	13,71	0,84	72,81
NV1G	49,62**	34,47	0,71	60,30	23,42**	45,52	0,85	68,65
NV2G	1,28*	19,74	0,5j0	43,12	1,69**	19,81	0,72	61,40
NV3G	1,35**	22,92	0,73	61,84	2,30**	24,42	0,60	52,47
NTV	2,00*	16,65	0,49	41,89	695,98**	41,56	0,60	52,20
NSV	0,07**	6,51	1,12	79,10	0,003*	2,96	0,52	45,05
PROD	1271068,93**	33,82	0,56	49,22	1342582,49**	31,25	0,73	61,61

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NVT: número de vagens totais; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos; QMG: quadrado médio de genótipo; H<sup>2</sup>: coeficiente de herdabilidade; CVg/CVe: razão entre os coeficientes de variação genético e ambiental; CV: coeficiente de variação geral. Valores seguidos por \*\* e \* são significativos ao nível de 1 e 5% de probabilidade para o teste F, respectivamente.

Fonte: o autor.

Verifica-se, pelo Teste F, ao nível de 1 ou 5% de probabilidade, que houve diferenças significativas para todos os caracteres avaliados nas safras de verão e de inverno, o que demonstra a existência de variabilidade genética entre as progênes e a possibilidade de seleção.

O CV oscilou de 0,38% (NDM) a 34,47% (NV1G) na safra de verão e de 1,36% (NDF) a 45,52% (NV1G) na safra de inverno. De modo geral, considerando cada caráter, o CV foi semelhante entre as duas safras (Tabela 3).

Os valores de herdabilidade variaram de 40,03% (NNP) a 99,72% (NDM) e 45,05% (NSV) a 93,73% (NDM) para as safras de verão e de inverno, respectivamente (Tabela 3). A herdabilidade foi classificada em três categorias, de acordo com a sua magnitude, conforme Pereira; Vello; Rocha (2019), como: baixa ( $H^2 < 40\%$ ), moderada ( $40\% < H^2 < 60\%$ ) e alta ( $H^2 > 60\%$ ). Os caracteres NNP, NV2G, NTV e PROD, bem como AIPV, NV3G, NSV e NTV, apresentaram média herdabilidade para as safras de verão e inverno, respectivamente. Isso pode ter ocorrido pela natureza quantitativa dos caracteres e da influência ambiental. Os demais caracteres apresentaram alta herdabilidade nas duas safras, o que permite maior sucesso na seleção, portanto a chance de obtenção de progênes superiores com os indivíduos selecionados é maior (HAMAWAKI *et al.*, 2012).

Foi observada razão CVg/CVe maior que 1 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM e NNT, nas duas safras, e para os caracteres NNF e NSV na safra de verão (Tabela 3). Esses resultados indicam a viabilidade do melhoramento por meio de características morfológicas, visto que a magnitude da variabilidade genética observada influencia diretamente o ganho genético com a seleção fenotípica entre genótipos (GASTL FILHO *et al.*, 2022).

Os valores médios dos caracteres agrônômicos obtidos na safra de verão são apresentados na Tabela 4.

Tabela 4 – Médias dos caracteres agrônômicos avaliados em progênes F6-F7 e cultivares de soja cultivados na safra de verão (2019/2020) em Uberlândia-MG

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNT	NNP
B128P1	53 d	107 e	71,0 b	89,2 b	26,6 b	12,4 a	16,4 a	11,6 b
B128P2	55 c	124 a	78,9 a	97,4 a	33,2 a	13,4 a	17,7 a	14,2 a
B128P3	60 a	122 b	84,4 a	111,5 a	45,5 a	10,6 b	16,8 a	10,2 b
B128P4	58 b	124 a	91,0 a	112,0 a	35,5 a	12,0 a	17,9 a	10,6 b
B128P5	58 b	123 a	87,7 a	108,2 a	37,4 a	13,6 a	18,9 a	12,5 a

G128P1	58 b	124 a	84,6 a	102,0 a	28,6 b	13,4 a	18,0 a	13,8 a
G128P2	58 b	124 a	84,1 a	96,6 a	31,2 a	13,0 a	17,9 a	11,4 b
G128P3	52 d	122 b	77,9 a	98,7 a	35,8 a	12,7 a	17,4 a	11,6 b
G128P4	54 c	123 a	79,2 a	98,9 a	29,8 b	12,3 a	18,3 a	11,8 b
G128P5	58 b	123 a	76,0 b	91,9 b	26,6 b	13,0 a	17,2 a	11,4 b
S128P1	46 e	111 d	59,5 b	71,4 c	22,0 b	11,1 b	15,0 b	10,9 b
S128P2	47 e	111 d	53,4 b	67,2 c	22,1 b	10,6 b	15,0 b	10,3 b
S128P3	42 h	97 g	76,1 b	97,6 a	21,6 b	11,2 b	15,6 b	11,6 b
S128P4	42 h	94 h	69,4 b	90,2 b	22,9 b	11,0 b	17,0 a	11,6 b
S128P5	46 e	115 c	68,4 b	107,4 a	26,6 b	10,8 b	16,4 a	11,0 b
B278P1	60 a	124 a	68,8 b	93,0 b	32,4 a	11,5 b	18,9 a	12,6 a
B278P2	58 b	124 a	72,7 b	86,9 b	22,8 b	12,8 a	18,2 a	10,5 b
B278P3	54 c	124 a	89,4 a	112,9 a	25,7 b	12,8 a	18,8 a	14,0 a
B278P4	58 b	124 a	79,9 a	102,6 a	24,0 b	12,1 a	18,7 a	12,0 b
B278P5	54 c	124 a	83,6 a	106,7 a	30,8 a	12,5 a	19,4 a	12,8 a
G278P1	55 c	122 b	88,8 a	108,7 a	29,3 b	12,0 a	18,0 a	11,3 b
G278P2	55 c	122 b	97,0 a	112,0 a	25,5 b	12,2 a	18,1 a	11,6 b
G278P3	55 c	121 b	91,6 a	108,2 a	27,3 b	11,5 b	17,7 a	11,2 b
G278P4	55 c	121 b	91,8 a	117,4 a	27,2 b	12,5 a	18,6 a	11,8 b
G278P5	58 b	121 b	95,1 a	114,5 a	34,9 a	12,6 a	18,4 a	10,2 b
S278P1	58 b	124 a	89,3 a	110,4 a	35,2 a	12,0 a	18,7 a	11,3 b
S278P2	46 e	123 a	86,5 a	106,0 a	21,3 b	13,2 a	18,8 a	14,4 a
S278P3	54 c	122 b	89,0 a	109,3 a	34,8 a	12,9 a	18,1 a	12,1 b
S278P4	58 b	124 a	84,7 a	110,6 a	29,2 b	12,6 a	18,2 a	14,6 a
S278P5	60 a	122 b	96,4 a	110,1 a	26,2 b	11,6 b	18,7 a	12,6 a
UFUS 7910	58 b	115 c	73,4 b	89,7 b	28,1 b	15,0 a	19,2 a	14,3 a
UFUS 7415	45 f	100 f	64,4 b	71,8 c	21,1 b	10,7 b	14,3 b	11,2 b
UFUS Tupi	45 f	97 g	63,2 b	73,4 c	21,7 b	10,6 b	13,6 c	9,7 b
UFUS MLX	44 g	97 g	62,8 b	67,6 c	22,6 b	10,4 b	12,3 c	9,7 b
Média	54	118	79,7	98,6	28,4	12,1	17,4	11,8

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura

da inserção da primeira vagem (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos.

Fonte: o Autor.

Nota-se, pelo Teste de Scott-Knott, a formação de oito agrupamentos de médias para NDF e NDM (Tabela 4), resultado maior que outros encontrados na literatura.

Em estudos sobre diversidade genética, Teixeira *et al.* (2017) avaliaram 35 linhagens na geração F7 e duas testemunhas e obtiveram seis agrupamentos de médias para NDF e quatro para NDM; Machado *et al.* (2017) avaliaram 21 linhagens e três testemunhas e encontraram cinco agrupamentos para NDF e NDM; Ferreira Junior *et al.* (2015) avaliaram 41 linhagens, oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos, e mais 4 testemunhas e observaram quatro agrupamentos para NDF e cinco para NDM; Cunha; Hamawaki; Sousa (2013) avaliaram 79 progênies F5, oriundas de dez cruzamentos biparentais, e mais 7 testemunhas e relataram três agrupamentos para NDF e dois para NDM; Sousa *et al.* (2020) avaliaram 35 linhagens, resultantes de quatorze cruzamentos biparentais, e verificaram dois agrupamentos para NDF e quatro para NDM; e Ferreira *et al.* (2025) avaliaram 25 cultivares e 3 progênies originadas de cruzamentos biparentais, e obtiveram um agrupamentos de médias para o NDF e dois para o NDM. No presente estudo, formaram-se dois agrupamentos para os caracteres APF, AIPV, NNF e NNP e três para APM e NNT, resultados semelhantes aos relatados pelos referidos autores.

O NDF variou de 42 dias (2 progênies) a 60 dias (3 progênies) e o NDM de 94 dias (1 progênie) a 124 dias (10 progênies), sendo a média geral para esses caracteres, 54 dias e 118 dias, respectivamente, considerada satisfatória (Tabela 4).

Nas testemunhas UFUS Tupi (GMR 7.4), UFUS 7415 (GMR 7.4) e UFUS 7910 (GMR 7.9) o NDF foi 44, 45 e 58, respectivamente, e o NDM 97, 100 e 115, respectivamente (Tabela 4). O ZARC para Minas Gerais (BRASIL, 2025) classifica os cultivares nos seguintes grupos: I (GMR < 7.6); II ( $7.6 \leq \text{GMR} \leq 8.2$ ) e III (GMR > 8.2) com ciclo de 100, 115 e 130 dias, respectivamente. Portanto, em relação ao ciclo, as testemunhas se comportaram de acordo com a classificação de seus GMRs.

As progênies S128P3 e S128P4 apresentaram ciclo precoce, menor que 100 dias, enquanto B128P1, S128P1, S128P2 e S128P5 apresentaram ciclo médio, entre 107 e 115 dias (Tabela 4). Bezerra *et al.* (2017) relataram que na região central do Brasil, onde se cultiva a

soja com o milho em sucessão, têm-se dado preferência a cultivares com ciclo menor que 120 dias.

Teixeira *et al.* (2017), semeando em março, Machado *et al.* (2017), no início de dezembro, e Ferreira *et al.* (2025), em outubro, observaram na cultivar UFUS 7910 valores do NDF de 46, 45 e 52, respectivamente, e do NDM de 102, 107 e 104, respectivamente, portanto, valores menores que os obtidos neste estudo. Mattos *et al.* (2020) e Ferreira *et al.* (2025) observaram na cultivar UFUS 7415 valores médios do NDF de 41 e do NDM de 111,9, apresentando ciclo maior do que neste estudo.

A APF média dos 34 genótipos foi 79,7 cm, maior que a obtida por Machado *et al.* (2017), de 69,3 cm. No primeiro grupo, a APF variou de 77,9 cm (G128P3) a 97,0 cm (G278P2). No segundo grupo, onde as quatro testemunhas e mais nove progênies foram classificadas, as alturas oscilaram entre 53,4 cm (S128P2) e 76,1 cm (S128P3) (Tabela 4). Ferreira *et al.* (2025) obtiveram dois agrupamentos de médias para APF, o primeiro variou de 66,5 a 90,25 cm, incluindo a cultivar UFUS 7415, e o segundo grupo variou de 42,75 a 62,38 cm, incluindo a cultivar UFUS 7910.

A média geral nos 34 genótipos para o caráter APM foi 98,6 cm (Tabela 4). As alturas no primeiro, segundo e terceiro agrupamentos variaram entre 96,6 (G128P2) e 117,4 cm (G278P4); 86,9 cm (B278P2) e 93,0 cm (B278P1), incluindo a testemunha UFUS 7910; e 67,2 cm (S128P2) e 73,4 cm (UFUS Tupi), incluindo as testemunhas UFUS MLX e UFUS 7415, respectivamente. Ferreira *et al.* (2025) observaram menor variação na APM, de 58,25 cm a 100,13 cm. Salienta-se que para atingir a máxima produtividade a soja deve apresentar no mínimo 70 e no máximo 120 cm de altura e ausência de acamamento (VERNETTI; VERNETTI JUNIOR, 2017). Portanto, com exceção da linhagem UFUS MLX e da progênie S128P2, os genótipos avaliados apresentaram valores de APM dentro dos limites recomendados.

A AIPV é um caráter importante quando se considera a colheita mecanizada. A AIPV média foi 28,9 cm, oscilando entre 21,1 cm (UFUS 7415) e 45,5 cm (B128P3). Ferreira Junior *et al.* (2015) encontraram valores da AIPV variando entre 8,0 cm e 30,9 cm. A altura de inserção da primeira vagem pode variar desde próxima ao nível do solo até acima de 30 cm, entretanto, as cultivares mais produtivas e as que são colhidas com maior eficiência são aquelas que a inserção varia entre 10 e 15 cm (BEZERRA *et al.*, 2017).

Segundo Silva *et al.* (2022), a época de semeadura, o tipo e o hábito de crescimento, entre outros fatores, afetam a altura de plantas e de inserção da primeira vagem de soja.

Para os caracteres NNF, NNT e NNP foram estimados, na média geral, 12,3, 17,6 e 12,1 nós, respectivamente, variando entre 10,4 (UFUS MLX e UFUS Tupi) e 15,0 (UFUS 7415); 12,3 (UFUS MLX) e 19,4 B278P5) e 9,7 (UFUS MLX e UFUS Tupi) e 14,6 (S278P4), respectivamente. Na média geral dos genótipos, os resultados obtidos foram próximos aos observados por Teixeira *et al.* (2017), em média, 11,05 e 17,02 para NNF e NNT, respectivamente.

Na Tabela 5 são apresentados os valores médios dos caracteres de produção na safra de verão.

Tabela 5 – Medias dos caracteres de produção avaliados em progênies F6-F7 e cultivares de soja cultivados na safra de verão (2019/2020) em Uberlândia-MG

Genótipos	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
B128P1	8,0 b	16,0 a	10,5 a	34,6 a	2,03 b	1.450,6 b
B128P2	19,6 a	17,0 a	6,0 a	42,7 a	1,68 c	992,0 b
B128P3	11,2 b	10,0 a	2,6 a	23,8 a	1,61 c	1.289,3 b
B128P4	15,0 a	17,4 a	6,4 a	38,9 a	1,74 c	1.960,0 b
B128P5	16,8 a	22,8 a	5,7 a	45,4 a	1,74 c	1.648,0 b
G128P1	18,2 a	22,9 a	8,5 a	49,6 a	1,75 c	2.030,6 b
G128P2	18,6 a	22,8 a	10,8 a	52,3 a	1,80 c	1.889,3 b
G128P3	13,4 a	19,0 a	13,6 a	46,1 a	1,97 b	2.510,6 b
G128P4	14,0 a	20,0 a	12,6 a	46,8 a	1,90 c	2.449,3 b
G128P5	16,5 a	18,2 a	11,0 a	45,8 a	1,82 c	2.318,6 b
S128P1	6,4 b	19,4 a	23,0 a	49,0 a	2,30 a	3.809,3 a
S128P2	6,8 b	13,4 a	12,2 a	32,4 a	2,12 a	3.497,3 a
S128P3	5,4 b	13,5 a	12,6 a	31,6 a	2,21 a	3.026,6 a
S128P4	6,9 b	16,3 a	14,6 a	38,0 a	2,20 a	3.504,0 a
S128P5	6,4 b	12,9 a	11,8 a	31,1 a	2,14 a	2.626,6 a
B278P1	11,5 b	14,6 a	8,8 a	34,9 a	1,91 c	2.172,0 b
B278P2	12,0 b	13,2 a	7,4 a	32,6 a	1,84 c	1.717,3 b
B278P3	12,1 b	15,6 a	9,0 a	36,8 a	1,90 c	2.156,0 b

B278P4	12,2 b	13,9 a	9,5 a	35,8 a	1,92 c	2.132,0 b
B278P5	12,6 b	20,9 a	13,0 a	46,6 a	2,02 b	2.877,3 a
G278P1	13,0 b	20,2 a	9,0 a	42,2 a	1,89 c	2.252,0 b
G278P2	16,4 a	24,2 a	11,4 a	52,2 a	1,87 c	2.092,0 b
G278P3	11,9 b	16,1 a	5,2 a	33,3 a	1,74 c	2.330,6 b
G278P4	16,4 a	22,2 a	8,8 a	47,4 a	1,82 c	2.250,6 b
G278P5	14,6 a	20,4 a	8,6 a	43,7 a	1,80 c	2.394,6 b
S278P1	11,4 b	20,2 a	9,1 a	40,8 a	1,96 b	3.670,6 a
S278P2	16,0 a	25,5 a	15,1 a	56,7 a	2,01 b	3.068,0 a
S278P3	10,3 b	21,4 a	13,6 a	45,3 a	2,07 b	2.350,0 b
S278P4	18,4 a	23,2 a	12,8 a	54,6 a	1,89 c	2.653,3 a
S278P5	15,6 a	18,0 a	9,7 a	43,4 a	1,86 c	1.970,6 b
UFUS 7910	19,3 a	42,5 a	25,8 a	87,7 a	2,07 b	2.733,3 a
UFUS 7415	12,0 b	35,7 a	13,8 a	61,6 a	2,01 b	2.798,6 a
UFUS Tupi	10,0 b	21,6 a	6,2 a	37,8 a	1,91 c	1.957,3 b
UFUS MLX	7,7 b	19,7 a	7,4 a	34,9 a	1,99 b	2.162,6 b
Média	12,8	19,7	10,8	43,4	1,93	2.374,7

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

Fonte: o Autor.

Formaram-se um agrupamento de médias para os caracteres NV2G, NV3G e NTV, dois para NV1G e PROD e três para NSV (Tabela 5), resultados semelhantes aos encontrados por outros autores. Machado *et al.* (2017) obtiveram um agrupamento para NV3G, dois para NV1G, NV2G, NTV e PROD e três para NSV. Ferreira *et al.* (2025) observaram um agrupamento para NTV e dois para NV1G, NV2G, NV3G e PROD.

As médias do NV1G, NV2G, NV3G e NTV foram 12,6 (variação: 5,4 a 18,6), 22,1 (10 a 42,5), 12,8 (6,2 a 25,8) e 47,7 (31,1 a 87,7), respectivamente (Tabela 5). Para o caráter NSV, a média foi 2,0, oscilando entre 1,61 e 2,30. A maioria das cultivares de soja produz entre duas e três sementes (MATSUO *et al.*, 2017).

Para o caráter PROD, verifica-se que a média geral de 2.374,7 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 5) ficou abaixo da média nacional de 3.378 kg ha<sup>-1</sup>, registrada na safra 2019/20 (CONAB, 2025). Esse resultado por ter ocorrido em função da época de semeadura mais tardia, na segunda quinzena de dezembro.

Bicalho *et al.* (2019) realizaram estudos de adaptabilidade e estabilidade em quatro épocas de semeadura, avaliando 15 cultivares de soja, e classificaram as semeaduras em dezembro e janeiro, com médias de produtividade de 2.401,6 e 1.059,60 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente, como climaticamente desfavoráveis, pois a distribuição irregular das precipitações coincide com a fase reprodutiva da cultura e compromete a produtividade.

Mattos *et al.* (2020) observaram decréscimo de produtividade nas semeaduras mais tardias, 1.495,13 em dezembro e 573,97 kg ha<sup>-1</sup> em janeiro, devido a reduções de precipitações ao final do ciclo da cultura e maior incidência de pragas e doenças, visto que as lavouras semeadas primeiro se tornam fonte de inóculo.

No Gráfico 1, é possível notar um veranico de 15 dias, no período de 03 a 17 de março, aos 80 a 94 dias após a emergência das plantas. Destaca-se que foi utilizado o sistema de preparo convencional para a instalação do experimento, fato que pode contribuir para acelerar o tempo de secagem do solo (MARTORANO *et al.*, 2009).

Roldão; Ferreira (2015) encontraram correlação negativa entre a ocorrência de veranicos e produtividade da soja na mesorregião do triângulo mineiro/alto paranaíba. De acordo com Farias; Neumaier; Nepomuceno (2009), a ocorrência de déficit hídrico nos estádios reprodutivos pode reduzir a taxa de acúmulo de matéria seca nos grãos (g/planta/dia) e acelerar a maturação, fazendo com que os grãos produzidos, sob seca, sejam menores.

Em relação aos agrupamentos para a PROD, nota-se que, no primeiro grupo, as médias variaram de 2.626,6 kg ha<sup>-1</sup> a 3.809,3 kg ha<sup>-1</sup> e abrangeu as progênies de ciclo precoce e médio, mais a testemunha UFUS 7910 (2.733,3 kg ha<sup>-1</sup>) e a UFUS 7415 (2.798,6 kg ha<sup>-1</sup>) que possui resistência a estresse hídrico (Tabela 5). É possível que a ocorrência do estresse hídrico tenha coincidido com o período final do enchimento de grãos causando menor redução de produtividade.

Na cultivar UFUS 7910, Bicalho *et al.* (2019), Machado *et al.* (2017) e Teixeira *et al.* (2017) observaram valores médios de produtividade de 2.288,8 kg ha<sup>-1</sup>, 1.757,9 kg ha<sup>-1</sup> e 1.062,9 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente, inferiores ao do presente estudo. Enquanto, na cultivar UFUS

7415, o valor obtido no presente estudo foi intermediário aos observados por Bicalho *et al.* (2019) e Mattos *et al.* (2020) de 3.078,8 e 2.678,7 kg ha<sup>-1</sup>, respectivamente.

No segundo grupo, as médias de PROD variaram de 992,0 kg ha<sup>-1</sup> (B128P2) a 2.510,6 kg ha<sup>-1</sup> (G128P3) e abrangeu as progênies mais tardias (Tabela 5). Ressalta-se que o impacto do déficit hídrico sobre o rendimento na cultura da soja depende da intensidade, duração e época de ocorrência do estresse, além da sensibilidade da cultivar (NEUMAIER *et al.*, 2020).

Também, é possível que as cultivares mais tardias foram mais prejudicadas por ataque de percevejos e, portanto, apresentaram menor produtividade. Jorge *et al.* (2019) relataram que em um cenário de infestação natural por percevejos, os genótipos precoces tendem a escapar do ataque das pragas por meio de um tipo de resistência de evasão do hospedeiro e, conseqüentemente, mantêm um rendimento de grãos mais alto.

As médias dos caracteres agrônômicos avaliados na safra de inverno estão apresentados na Tabela 6.

Tabela 6 – Médias dos caracteres agrônômicos avaliados em progênies F7-F8 e cultivares de soja cultivados na safra de inverno (2021) em Uberlândia-MG

Genótipos	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNT	NNP
B128P1	81 c	135 d	70,2 c	70,9 b	19,2 a	14,1 a	13,5 b	10,7 b
B128P2	86 b	151 b	81,4 b	84,9 a	23,9 a	13,8 a	15,1 a	11,1 a
B128P3	92 a	169 a	80,4 b	84,5 a	20,1 a	14,6 a	13,9 b	12,2 a
B128P4	87 b	160 b	82,5 b	96,1 a	15,9 a	13,9 a	16,1 a	13,3 a
B128P5	90 a	157 b	75,3 b	83,1 a	20,7 a	14,5 a	15,1 a	11,6 a
G128P1	87 b	154 b	72,0 b	89,1 a	19,7 a	13,0 b	16,3 a	13,8 a
G128P2	91 a	157 b	73,8 b	85,4 a	17,3 a	14,5 a	17,3 a	15,2 a
G128P3	85 c	148 c	75,2 b	81,3 a	18,0 a	13,9 a	15,8 a	12,7 a
G128P4	87 b	154 b	75,6 b	90,2 a	26,1 a	13,5 a	17,1 a	13,7 a
G128P5	87 b	154 b	75,2 b	87,9 a	22,9 a	14,1 a	15,4 a	12,4 a
S128P1	77 d	134 d	55,1 c	63,0 b	19,2 a	11,9 b	12,2 c	8,3 b
S128P2	80 d	134 d	59,2 c	65,5 b	18,5 a	12,2 b	13,1 b	8,7 b
S128P3	71 e	169 a	68,0 c	76,7 b	20,7 a	12,1 b	13,5 b	10,4 b
S128P4	72 e	169 a	56,5 c	69,5 b	14,5 a	12,1 b	15,6 a	12,7 a
S128P5	79 d	138 d	67,2 c	85,1 a	24,2 a	12,5 b	16,3 a	12,7 a

B278P1	82 c	155 b	69,4 c	75,1 b	16,0 a	13,7 a	16,1 a	13,7 a
B278P2	80 d	154 b	62,0 c	73,8 b	18,4 a	12,1 b	15,8 a	12,9 a
B278P3	79 d	138 d	76,5 b	83,7 a	17,6 a	13,2 a	13,7 b	9,5 b
B278P4	82 c	147 c	70,4 c	73,9 b	14,4 a	14,0 a	14,7 a	11,6 a
B278P5	82 c	154 b	65,8 c	81,7 a	21,1 a	13,3 a	16,1 a	12,7 a
G278P1	85 c	140 d	93,4 a	101,5 a	22,3 a	15,1 a	16,8 a	12,9 a
G278P2	84 c	143 c	96,3 a	98,1 a	16,9 a	15,7 a	15,9 a	9,6 b
G278P3	86 b	138 d	86,9 a	92,4 a	18,0 a	14,9 a	16,1 a	11,5 a
G278P4	84 c	137 d	85,9 a	101,4 a	23,7 a	13,9 a	16,7 a	12,4 a
G278P5	81 c	136 d	87,9 a	100,1 a	25,6 a	14,2 a	15,5 a	11,5 a
S278P1	82 c	152 b	73,6 b	93,9 a	19,5 a	12,8 b	15,6 a	12,1 a
S278P2	84 c	152 b	72,4 b	80,5 a	17,5 a	13,7 a	15,5 a	13,7 a
S278P3	80 d	146 c	73,2 b	94,1 a	20,9 a	12,7 b	15,4 a	11,5 a
S278P4	84 c	151 b	76,7 b	96,9 a	20,7 a	13,8 a	17,7 a	13,6 a
S278P5	82 c	147 c	80,1 b	93,5 a	19,3 a	13,8 a	17,2 a	13,0 a
UFUS 7910	82 c	142 c	58,6 c	67,1 b	15,7 a	12,1 b	13,9 b	10,8 b
UFUS 7415	75 e	169 a	63,3 c	64,3 b	20,9 a	11,3 b	12,1 c	8,9 b
UFUS Tupi	73 e	169 a	45,8 c	47,3 b	17,5 a	10,7 b	10,2 c	7,3 b
UFUS MLX	88 b	155 b	57,4 c	62,0 b	14,4 a	12,0 b	15,4 a	12,1 a
Média	83	150	72,5	82,2	19,4	13,3	15,2	11,8

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento (cm); APM: altura de planta na maturação (cm); AIPV: altura da inserção da primeira vagem (cm); NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos.

Fonte: o Autor.

Verifica-se que foram formados um agrupamento de médias para o caráter AIPV, dois para APM, NNF e NNP, três para APF e NNT, quatro para NDM e cinco para NDF (Tabela 6). Oliveira *et al.* (2017) estudaram a diversidade genética entre 24 genótipos de soja e obtiveram a formação de dois agrupamentos para APF, APM e AIPV, três para NDM e quatro para NDF, portanto semelhantes aos encontrados neste estudo.

Para os caracteres NDF e NDM a média geral dos genótipos foi 83 dias e 150 dias (Tabela 6), respectivamente, ou seja, 29 e 32 dias a mais que o observado na safra de verão

(Tabela 4). Em estudo realizado em casa de vegetação, Bezerra *et al.* (2022) verificaram aumento no ciclo das cultivares no cultivo de inverno quando comparados ao de verão, assim como observado no presente estudo.

Oliveira *et al.* (2017) observaram valores inferiores para o NDF, em média, 65,62 dias, com variação de 56 a 70 dias, e NDM 140,4 dias, com variação de 119 a 148 dias; e na cultivar UFUS 7910 (Carajás), menor NDF, de 68 dias, e o mesmo NDM observado no presente estudo, de 142 dias.

Nota-se, de maneira geral, que a fase vegetativa foi maior que a reprodutiva (Tabela 6). Neumaier *et al.* (2020) relatam que a temperatura do ar na qual a soja apresenta melhor crescimento e desenvolvimento situa-se entre 20 °C e 30 °C e temperaturas abaixo de 13 °C inibem ou retardam a indução da soja ao florescimento.

De acordo com o Gráfico 2, nos 50 primeiros dias após a semeadura, a temperatura média se manteve abaixo de 20 °C, com as mínimas noturnas abaixo de 13 °C. Esse fato pode ter contribuído para retardar o crescimento e florescimento da soja, visto que a APF, APM e AIPV, em média, 72,5 cm, 82,2 cm e 19,4 cm (Tabela 6), respectivamente, foram menores que as visualizadas na safra de verão (Tabela 4).

Além disso, atrasos na maturação podem ocorrer em função de distúrbios fisiológicos ocasionados por percevejos, comuns em lavouras semeadas fora da época recomendada, onde ocorre migração das populações de áreas recém-colhidas (NEUMAIER *et al.*, 2020).

As médias dos caracteres de produção avaliados na safra de inverno estão apresentados na Tabela 7.

Tabela 7 – Médias dos caracteres de produção avaliados em progênies F7-F8 e cultivares de soja cultivados na safra de inverno (2021) em Uberlândia-MG

Genótipos	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
B128P1	3,1 c	12,2 b	18,4 a	33,7 b	2,26 a	1.712,0 b
B128P2	6,6 c	17,5 b	12,5 a	36,5 b	2,14 a	1.496,0 b
B128P3	16,0 a	26,3 a	18,9 a	61,2 a	2,02 a	1.806,7 b
B128P4	8,7 b	29,5 a	23,1 a	61,3 a	2,19 a	2.838,7 a
B128P5	5,3 c	24,5 a	17,8 a	47,7 a	2,26 a	3.228,0 a
G128P1	9,5 b	27,1 a	38,3 a	75,0 a	2,39 a	2.984,0 a
G128P2	9,3 b	32,7 a	39,3 a	81,3 a	2,37 a	2.617,3 a

G128P3	5,4 c	23,5 a	39,9 a	68,7 a	2,46 a	3.480,0 a
G128P4	8,8 b	20,7 a	26,7 a	56,2 a	2,33 a	2.049,3 b
G128P5	4,9 c	15,5 b	20,6 a	40,9 b	2,38 a	1.978,7 b
S128P1	1,5 c	9,9 b	11,9 a	23,2 b	2,43 a	2.682,7 a
S128P2	2,7 c	14,3 b	14,7 a	31,8 b	2,37 a	2.476,0 a
S128P3	4,7 c	10,2 b	18,1 a	33,1 b	2,42 a	1.296,0 b
S128P4	9,7 b	14,5 b	18,1 a	42,3 b	2,18 a	1.652,0 b
S128P5	5,3 c	18,5 a	24,5 a	48,3 a	2,40 a	2.298,7 a
B278P1	6,7 c	17,9 a	20,9 a	45,5 a	2,35 a	2.661,3 a
B278P2	8,4 b	23,1 a	21,9 a	53,4 a	2,24 a	2.352,0 a
B278P3	4,5 c	10,4 b	8,8 a	23,7 b	2,18 a	1.022,7 b
B278P4	4,7 c	10,0 b	17,3 a	32,1 b	2,43 a	1.677,3 b
B278P5	7,3 b	17,1 a	16,5 a	41,0 b	2,22 a	2.442,7 a
G278P1	5,5 c	21,1 a	24,8 a	51,4 a	2,35 a	2.630,7 a
G278P2	4,8 c	15,1 b	19,0 a	38,9 b	2,35 a	2.294,7 a
G278P3	3,9 c	15,8 b	12,7 a	32,4 b	2,24 a	1.686,7 b
G278P4	7,6 b	25,3 a	24,6 a	57,5 a	2,28 a	2.200,0 a
G278P5	5,0 c	17,8 a	18,2 a	41,0 b	2,31 a	2.498,7 a
S278P1	2,3 c	11,5 b	19,3 a	33,1 b	2,53 a	2.468,0 a
S278P2	6,0 c	13,7 b	12,4 a	32,1 b	2,23 a	3.121,3 a
S278P3	3,7 c	11,7 b	13,7 a	29,1 b	2,34 a	2.190,7 a
S278P4	5,6 c	18,4 a	28,3 a	52,3 a	2,45 a	3.410,7 a
S278P5	6,5 c	18,2 a	23,1 a	47,9 a	2,31 a	3.441,3 a
UFUS 7910	6,0 c	21,7 a	22,1 a	49,9 a	2,30 a	2.357,3 a
UFUS 7415	4,2 c	9,8 b	11,1 a	25,1 b	2,28 a	1.330,7 b
UFUS Tupi	1,9 c	6,3 b	4,8 a	13,0 b	2,22 a	1.032,0 b
UFUS MLX	6,3 c	24,2 a	20,9 a	51,4 a	2,29 a	2.674,0 a
Média	6,0	17,8	20,1	43,9	2,30	2.296,0

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos (kg ha<sup>-1</sup>).

Fonte: o Autor.

Analisando-se as médias dos caracteres agronômicos, nota-se a formação de um agrupamento para NV3G e NSV, dois agrupamentos para NV2G, NTV e PROD, e três agrupamentos para NV1G (Tabela 7).

Para a PROD, a média dos 34 genótipos foi 2.296,0 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 7), quantidade semelhante a estimada na safra de verão (Tabela 6). Bezerra *et al.* (2022) observaram maior produtividade no cultivo de verão quando comparado ao de inverno, o que não corrobora com o presente estudo.

Nos caracteres de produção, NV1G, NV2G, NV3G, NTV e NSV foram estimadas, para os 34 genótipos avaliados, médias de 6,0, 17,8, 20,1, 43,9 e 2,3, respectivamente (Tabela 7), com valores maiores de NV3G e NSV que os obtidos no verão de 10,8 e 1,9, respectivamente (Tabela 5).

Essa diferença pode ter ocorrido em função do veranico ocorrido na safra de verão, pois, de acordo com Neumaier *et al.* (2020), entre os impactos decorrentes de déficit hídricos nos estádios reprodutivos têm-se a queda prematura de flores e o abortamento de vagens que não é plenamente compensado pelo número de grãos/vagem e pelo peso do grão, embora ocorra alguma compensação no peso do grão, caso as condições hídricas se normalizem.

As testemunhas UFUS 7910 e UFUS MLX e mais 20 progênies integraram o primeiro grupo, com a PROD variando de 2.200,0 kg ha<sup>-1</sup> a 3.480,0 kg ha<sup>-1</sup> (Tabela 7). Enquanto no segundo grupo, que abrangeu as testemunhas UFUS 7415 e UFUS Tupi e mais 10 progênies, as médias oscilaram de 1.022,7 kg ha<sup>-1</sup> a 2.049,3 kg ha<sup>-1</sup>, e notou-se que a maior parte dos genótipos apresentaram ciclo mais tardio.

As estimativas de ganhos de seleção (GS) para os caracteres agronômicos e de produção estão apresentadas na Tabela 8. Foram utilizados como critério de seleção a redução para os caracteres NDF, NDM e NV1G, e o aumento para os demais caracteres, obtendo-se ganhos diretos negativos e positivos.

Tabela 8 – Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidas para os caracteres agronômicos e de produção, pela seleção direta e indireta, em progênies F6-F7 de soja cultivadas em safra de verão (2019/2020)

Caráter	Ganho de seleção (%)													
	NDF	NDM	APF	APM	AIPV	NNF	NNP	NNT	NV1G	NV2G	NV3G	NTV	NSV	PROD
NDF	<b>-9,14</b>	-8,00	-13,16	-16,69	-16,88	-8,62	-3,62	-13,20	-22,32	1,66	6,54	-0,45	7,28	10,40
NDM	-8,02	<b>-8,30</b>	-11,33	-14,20	-14,83	-7,26	-3,19	-12,15	-21,07	0,95	1,17	-1,69	5,41	2,25
APF	3,13	1,89	<b>13,47</b>	11,55	2,72	-0,52	-1,59	3,84	10,06	0,01	-7,75	-0,18	-4,98	-4,32
APM	3,08	2,1	11,20	<b>12,41</b>	10,47	-0,16	-1,41	3,16	6,72	-1,79	-9,94	-1,61	-5,57	-7,28
AIPV	3,56	2,25	7,50	8,91	<b>23,64</b>	0,77	-2,57	2,84	4,07	-1,93	-10,36	-2,03	-5,00	-2,68
NNF	2,00	2,03	2,70	1,16	4,10	<b>9,53</b>	5,41	4,74	24,58	5,86	2,90	5,54	-3,45	-6,52
NNP	1,45	2,1	5,82	6,38	3,82	6,87	<b>6,73</b>	6,49	16,90	1,78	2,78	3,79	-1,56	-8,39
NNT	1,69	2,03	1,17	3,48	2,34	6,23	5,38	<b>7,52</b>	8,81	4,01	6,25	3,62	0,67	1,40
NV1G	-8,56	-5,83	-14,11	-12,58	-14,31	-8,26	-3,35	-10,41	<b>-29,19</b>	-3,79	8,32	-3,31	9,60	15,13
NV2G	-0,57	0,00	3,11	2,22	-7,9	3,72	3,88	2,16	16,77	<b>9,62</b>	11,31	7,69	0,78	4,65
NV3G	-4,68	-2,88	-5,74	-7,44	-8,89	1,17	1,91	-1,66	-4,80	7,58	<b>19,66</b>	6,11	7,55	13,87
NTV	-0,07	0,21	1,88	-0,69	-6,11	4,29	6,65	1,63	18,49	9,55	12,03	<b>7,93</b>	0,67	3,41
NSV	-6,32	-4,5	-12,43	-9,50	-11,91	-3,31	-0,77	-4,94	-20,13	-0,27	16,19	0,47	<b>10,19</b>	17,10
PROD	-6,27	-3,28	-7,01	-6,8	-11,12	-3,82	-0,54	-3,52	-18,83	-1,22	11,24	-0,67	8,53	<b>21,86</b>

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento; APM: altura de planta na maturação; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos. Valores em negrito correspondem ao ganho de seleção direto do caráter.

Fonte: o Autor.

Verifica-se que o ganho de seleção direta para o aumento dos caracteres oscilou de 6,73 a 23,64 para NNP e AIPV, respectivamente, enquanto para a redução oscilou de -9,14 a -29,19

para NDF e NV1G, respectivamente (Tabela 8). Os maiores ganhos de seleção direta foram para os caracteres AIPV e PROD de 23,64% e 21,86%, respectivamente, sendo obtidos resultados semelhantes por outros autores.

Bárbaro *et al.* (2007), comparando estratégias de seleção no melhoramento de cinco populações F<sub>5</sub> de soja, estimaram os maiores ganhos de seleção direta para AIPV e PROD de 33,80% e 22,41%, respectivamente; Bizari *et al.* (2017), utilizando índices para seleção de caracteres agrônômicos em sete populações F<sub>5</sub> de soja, obtiveram 34,58% e 27,55% para PROD e AIPV, respectivamente; e Gastl Filho *et al.* (2022), utilizando estratégias de seleção de caracteres agrônômicos em 52 progênies RCF<sub>3:4</sub> de soja, observaram ganhos diretos de 22,84% e 17 % para AIPV e PROD, respectivamente.

Quando se selecionou o caráter PROD, o ganho direto foi 21,86% e houve aumento indireto de NV3G e NSV de 11,24 e 8,53, respectivamente, e redução indireta de -6,27, -3,28 e -18,83 para NDF, NDM e NV1G, respectivamente (Tabela 8). Também, houve reduções indiretas para APF, APM, AIPV, NNF, NNT e NV2G, e próximas de zero para NNP e NTV.

Realizando a seleção direta dos caracteres NSV, NV1G, NV3G e NDF há aumento indireto da PROD de 17,10%, 15,13%, 13,87% e 10,40%, respectivamente (Tabela 8). Ao contrário, fazendo a seleção direta para APF, APM, AIPV, NNF e NNP ocorre diminuição indireta para PROD.

Foram selecionados pelos ganhos diretos 20 % genótipos para NDF (S128P4, S128P3, UFUS MLX, UFUS 7415, UFUS Tupi e S128P1), NDM (S128P4, S128P3, UFUS Tupi, UFUS MLX, UFUS 7415 e B128P1), NV3G (UFUS 7910, S128P1, S278P2, S128P4, S278P3 e UFUS 7415), NSV (S128P1, S128P3, S128P4, S128P5, S128P2 e B128P3) e PROD (S128P1, S278P1, S128P4, S128P2, S278P2 e S128P3).

As estimativas de ganhos genéticos, selecionando 20 % dos genótipos, com os índices de Mulamba; Mock (1978) e da Distância Genótipo-Ideótipo (DGI) para os caracteres agrônômicos e de produção estão apresentadas na Tabela 9.

Tabela 9 – Estimativas do ganho de seleção obtidas após a aplicação dos índices de seleção proposto por Mulamba; Mock (1978) e pela distância genótipo-ideótipo, em progênies F6-F7 de soja cultivadas na safra de verão (2019/2020)

Caracteres	Ganho de seleção (%)	
	Mulamba; Mock (1978)	Distância Genótipo-Ideótipo
NDF	-3,12	-7,13
NDM	-1,13	-4,11
APF	-3,28	-6,75
APM	-2,56	-6,69
AIPV	-4,62	-13,46
NNF	3,11	-3,24
NNPro	2,81	0,77
NNTto	2,39	-3,47
NV1G	-4,34	-13,78
NV2G	5,26	2,69
NV3G	19,21	13,91
NTV	5,02	2,08
NSV	7,62	8,19
PROD	14,14	16,70
Total	40,51	-14,29
Genótipos selecionados	S278P2 - S278P3 - UFUS 7910 - S128P4 - B278P5 - S128P1	S128P4 - S128P3 - UFUS 7415 - S278P2 - S128P1 - B278P5

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento; APM: altura de planta na maturação; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos.

Fonte: o Autor.

No geral, os maiores ganhos totais foram obtidos pelo índice de Mulamba; Mock (1978) (Tabela 9). Resultados semelhantes foram encontrados por Carneiro *et al.* (2021) que utilizaram estratégias para a seleção de caracteres agronômicos em 123 progênies RCF<sub>3:4</sub> de soja transgênica RR. Outros autores, como Bizari *et al.* (2017) e Gastl Filho *et al.* (2022), também obtiveram resultados que corroboram com os encontrados neste estudo. Contudo, o contrário foi observado por Teixeira *et al.* (2017) e por Silva *et al.* (2021), que aplicaram índices de seleção em populações F<sub>2</sub> e F<sub>2:3</sub> de soja, e obtiveram maiores ganhos totais pelo índice DGI.

A partir do índice DGI obteve-se o maior ganho individual para o caráter PROD (Tabela 9), assim como relatado por Carneiro *et al.* (2021), Silva *et al.* (2021) e Gastl Filho *et al.* (2022). Pelo mesmo índice, foram observados maiores ganhos para NDF, NDM e NV1G, em que se busca redução do caráter, de -7,13%, -4,11% e -13,78%, respectivamente. No entanto todos os ganhos foram inferiores quando comparados aos obtidos pela seleção direta (Tabela 8).

Nota-se que as progênies S128P1 e S128P4 foram selecionadas tanto pelo ganho direto dos caracteres NDF, NDM, NV3G, NSV e PROD (Tabela 8), quanto pelos índices de Mulamba; Mock (1978) e DGI (Tabela 9).

A contribuição relativa dos caracteres agronômicos e de produção para a avaliação da divergência genética são apresentadas na Tabela 10.

Tabela 10 – Contribuição relativa de caracteres agronômicos e de produção em 34 genótipos de soja, conforme o critério de Singh (S.j.) (1981)

Caracteres	Verão 2019/20 (F6-F7)		Inverno 2021 (F7-F8)	
	S.j	Valor (%)	S.j	Valor (%)
NDF	79362,17	28,63	6576,72	19,17
NDM	177003,30	63,85	6968,33	20,31
APF	910,87	0,32	2176,36	6,34
APM	1409,30	0,50	326,40	0,95
AIPV	3801,45	1,37	1018,52	2,96
NNF	2509,29	0,90	415,96	1,21
NNPro	246,45	0,08	1034,12	3,01
NNTo	879,44	0,31	1415,66	4,12
NV1G	338,44	0,12	2421,82	7,05
NV2G	864,92	0,31	2970,49	8,65
NV3G	1088,82	0,39	3185,97	9,28
NTV	1577,61	0,56	3959,32	11,54
NSV	6427,67	2,31	688,84	2,00
PROD	763,84	0,27	1148,84	3,34

NDF: número de dias para o florescimento; NDM: número de dias para maturidade; APF: altura de planta no florescimento; APM: altura de planta na maturação; AIPV: altura da inserção da primeira vagem; NNF: número de nós no florescimento; NNT: número de nós totais; NNP: número de nós produtivos; NV1G: número de vagens com 1 grão; NV2G: número de vagens com 2 grãos; NV3G: número de vagens com 3 grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos.

Fonte: o Autor.

Na safra de verão, a medida de dissimilaridade de máxima magnitude foi 2.296,5, entre as progênies S128P4 e B278P1, e a mínima, 4,65, entre as progênies G128P1 e S278P4. Machado *et al.* (2017) encontraram distância máxima de 1.362 e mínima de 32; e Medeiros *et al.* (2024) relataram a máxima de 1.776 e mínima de 1,5, portanto divergências menores que as observadas neste estudo. No inverno, a divergência foi menor, sendo a máxima 199,7, entre as progênies B128P3 e S128P1, e a mínima, 4,23, entre as progênies S278P4 e S278P5.

Os caracteres que mais contribuíram para expressar a divergência genética entre os genótipos na safra de verão foram o NDM e NDF, com contribuições relativas de 63,85% e 28,63%, enquanto os demais caracteres apresentaram contribuições de pequena magnitude, no geral, menores que 2,3%, evidenciando a menor importância destes na dissimilaridade dos genótipos (Tabela 10). Na safra de inverno, as maiores contribuições também foram para os caracteres NDM e NDF, de 20,31% e 19,17%, respectivamente, entretanto, outros caracteres apresentaram contribuições importantes, por exemplo, NV3G e NTV com 9,28% e 11,54%, respectivamente (Tabela 10).

Resultados semelhantes foram observados por Machado *et al.* (2017) que encontraram as maiores contribuições relativas para NDM e NDF de 37,92% e 48,06% e Oliveira *et al.* (2017) 19,05% e 45,66%, respectivamente. Também, Medeiros *et al.* (2024) avaliaram 61 linhagens pré-comerciais de soja e cinco cultivares e encontraram contribuições relativas de 66,7% para NDF e 28,55% para NDM e Noronha *et al.* (2025) avaliaram 19 caracteres em 28 cultivares de soja e observaram maior importância dos caracteres NDF 28,6% e NDM 17,2%. Outros estudos, como o de Sousa *et al.* (2020), verificaram que as maiores contribuições relativas foram dos caracteres NDM e APM de 29,44% e 18,45%, e o de Ferreira Junior *et al.* (2015), que foram peso de 100 grãos, NDM e NDF, de 18,38%, 15,18% e 13,69%, respectivamente.

A aplicação do método de otimização de Tocher utilizando a matriz de Mahalanobis, baseado em 14 caracteres agronômicos e de produção, e a separação dos genótipos em grupos, está apresentada na Tabela 11.

Tabela 11 – Agrupamento de otimização entre 34 genótipos de soja, obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis

Grupos	Genótipos							
	Verão 2019/20 (F6-F7)				Inverno 2021 (F7-F8)			
I	G128P1	S278P4	G128P2		S278P4	S278P5	B278P1	B278P5
	G128P5	B278P4	B278P2		B278P2	S278P3	S278P2	S278P1
	B128P4	B128P5	S278P1	B278P1	S128P5	B278P4	UFUS 7910	
	G278P5	S278P5	G128P4		G128P3	G278P1	G128P1	G128P5
	G278P1	B278P5	B278P3	S278P3	G278P5	G278P4	G278P3	B278P3
	G278P2	G278P3	G278P4		B128P2	G278P2	G128P2	G128P4
	B128P2	B128P3	G128P3		B128P4	B128P5	UFUS MLX	
	UFUS 7910							
II	UFUS Tupi	UFUS MLX	S128P3		S128P1	S128P2	B128P1	
	S128P4	UFUS 7415						
III	S128P1	S128P2	S128P5		S128P3	UFUS 7415	S128P4	
						UFUS Tupi		
IV		B128P1				B128P3		
V		S278P2				-		

Fonte: o Autor.

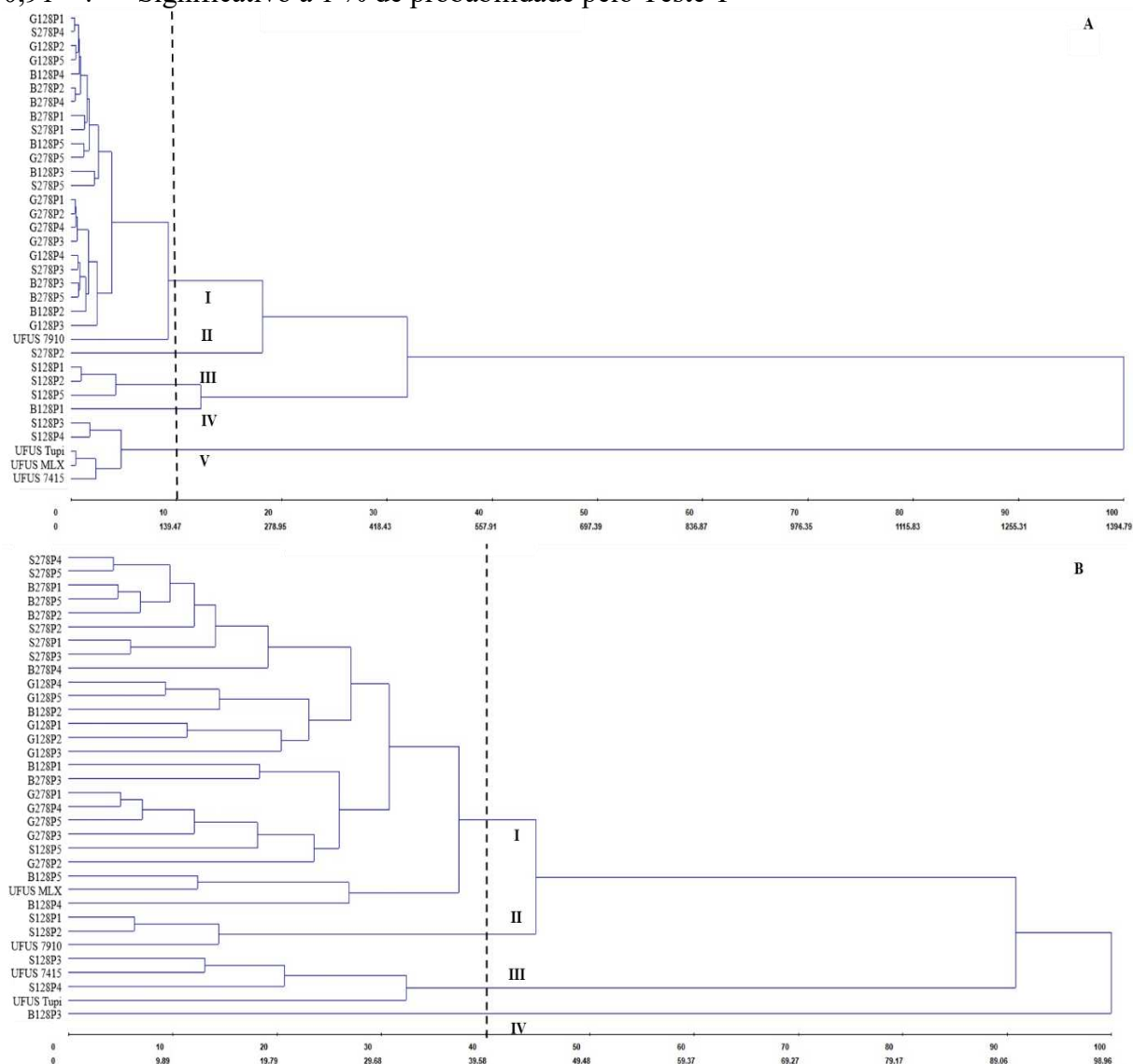
A análise de agrupamento pelo método de Tocher dividiu os genótipos em cinco e quatro grupos, na safra de verão e inverno, respectivamente (Tabela 11). Em estudos de diversidade genética, Ferreira Júnior *et al.* (2015) avaliaram 45 genótipos, Oliveira *et al.* (2017) 24 genótipos, Machado *et al.* (2017) 24 genótipos, Sousa *et al.* (2020) 35 genótipos, Ferreira *et al.* (2025) 26 genótipos e Noronha *et al.* (2025) 28 genótipos, e observaram a formação de 10, 8, 4, 12, 7, e 6 grupos, respectivamente, pelo método de Tocher.

É possível notar que a maior parte dos genótipos se concentrou no primeiro grupo (Tabela 11). Na safra de verão, o grupo I absorveu 70% (24) dos genótipos e, no inverno, 76% (26), indicando alta similaridade entre os genótipos avaliados. A maior percentagem de genótipos absorvidos no primeiro grupo também foi observada por Machado *et al.* (2017) 75%, Ferreira *et al.* (2025) 65% e Noronha *et al.* (2025) 64%.

Nota-se que nos demais grupos foram incluídos apenas um ou poucos genótipos (Tabela 11). Na safra de verão, os grupos II, III, IV e V foram formados por 5, 3, 1 e 1 genótipos, respectivamente. Na safra de inverno, os grupos II, III e IV foram formados por 3, 4 e 1 genótipos, respectivamente. Resultados semelhantes foram relatados por Machado *et al.* (2017), Sousa *et al.* (2020), Ferreira *et al.* (2025) e Noronha *et al.* (2025).

O dendrograma com a dissimilaridade dos 34 genótipos na safra de verão está apresentado na Figura 1 (A) e na safra de inverno na Figura 1 (B). É comum realizar a delimitação dos grupos de forma subjetiva, com base na inspeção visual observando os pontos onde ocorrem mudanças abruptas nas ramificações do dendrograma (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2020).

Figura 1 – Dendrograma representativo da dissimilaridade genética, obtido pelo método UPGMA e utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis, entre 34 genótipos de soja cultivados no verão 2019/20 (A) e inverno 2021 (B). Coeficiente de correlação cofenética (r): 0,91\*\*. \*\* Significativo a 1 % de probabilidade pelo Teste T



Fonte: o autor.

O coeficiente de correlação cofenética foi 0,91, considerado satisfatório, pois representa a eficiência do grupo em capturar as informações contidas na matriz de distância. Resultado semelhante foi verificado por Medeiros *et al.* (2024).

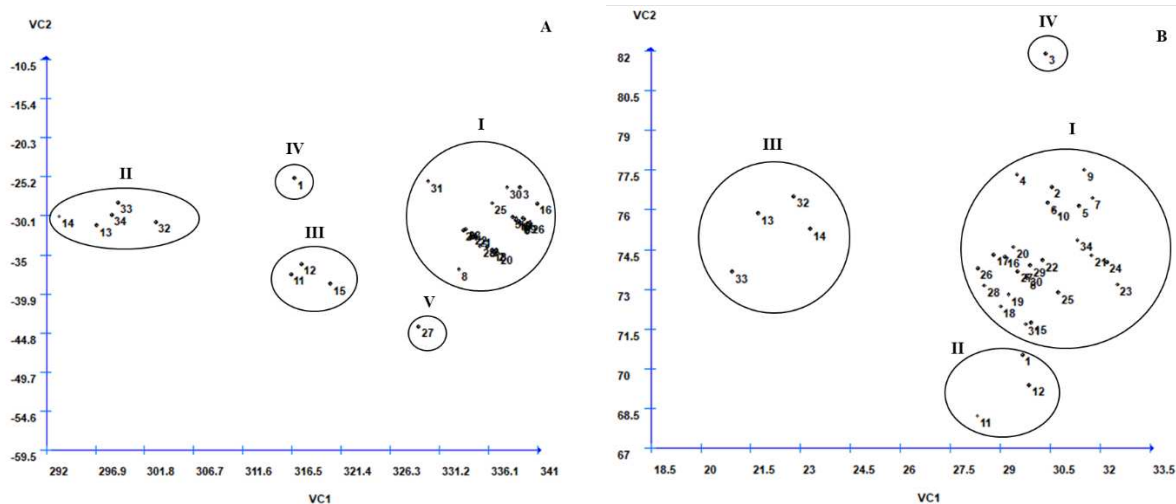
Na safra de verão foram formados 5 agrupamentos, considerando 10% de dissimilaridade como critério para a distinção dos grupos (Figura 1 A). No grupo I foram alocados 70% dos genótipos, incluindo a testemunha UFUS 7910. Os agrupamentos gerados pelos métodos de Tocher e UPGMA foram idênticos, assim como observado por Machado *et al.* (2017).

Na safra de inverno, considerando 40% de dissimilaridade, verifica-se a formação de 4 grupos distintos, sendo que no grupo I foram classificados 76 % dos genótipos, incluindo a testemunha UFUS MLX (Figura 1 B). Os agrupamentos gerados pelos métodos de Tocher e UPGMA foram semelhantes, mas apresentaram exceção, o que também foi verificado por Sousa *et al.* (2020). No método de Tocher (Tabela 11) a testemunha UFUS 7910 pertencia ao primeiro grupo e a progênie B128P1 ao segundo, mas no método UPGMA foram agrupadas ao contrário.

Os métodos de Tocher e UPGMA são comumente utilizados para agrupar os genótipos mais similares, porém há também outros métodos, como as variáveis canônicas (MACHADO *et al.*, 2017).

As duas primeiras variáveis canônicas explicaram 96% da variabilidade total contida no conjunto de caracteres avaliados na safra de verão, conforme a Figura 2 (A), e as três primeiras variáveis canônicas explicaram 72% da variabilidade total contida no conjunto caracteres avaliados na safra de inverno, de acordo com a Figura 2 (B).

Figura 2 – Dispersão gráfica de 34 genótipos de soja, em relação às duas primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de 14 caracteres agrônômicos e de produção na safra de verão (A) e na safra de inverno (B). VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2.



Códigos das progênes e testemunhas: **1**-B128P1; **2**-B128P2; **3**-B128P3; **4**-B128P4; **5**-B128P5; **6**-G128P1; **7**-G128P2; **8**-G128P3; **9**-G128P4; **10**-G128P5; **11**-S128P1; **12**-S128P2; **13**-S128P3; **14**-S128P4; **15**-S128P5; **16**-B278P1; **17**-B278P2; **18**-B278P3; **19**-B278P4; **20**-B278P5; **21**-G2781P1; **22**-G2781P2; **23**-G2781P3; **24**-G2781P4; **25**-G2781P5; **26**-S278P1; **27**-S278P2; **28**-S278P3; **29**-S278P4; **30**-S278P5; **31**-UFUS 7910; **32**-UFUS 7415; **33**-UFUS Tupi; **34**-UFUS MLX.

Fonte: o autor.

A representação gráfica da dispersão dos genótipos permitiu visualizar a formação de cinco agrupamentos na safra de verão (Figura 2 A) e quatro na safra de inverno (Figura 2 B). Deste modo, foi possível observar o mesmo número de agrupamentos obtidos pelos métodos de Tocher (Tabela 11) e UPGMA (Figura 1) e a identificação dos genótipos divergentes. Porém, na safra de inverno, a identificação dos genótipos divergentes foi idêntica somente ao método de Tocher.

Diante do exposto, considerando a safra de verão, os cruzamentos devem ser realizados entre as progênes de diferentes grupos de divergência e com características desejáveis. No grupo I (S278P1) ciclo tardio e alta produtividade; grupo II (S128P3 e S128P4) ciclo precoce e

alta produtividade; grupo III (S128P1, S128P2 e S128P5) ciclo médio e alta produtividade; grupo IV (B128P1) ciclo médio e produtividade média; e grupo V (S278P2) ciclo tardio e alta produtividade.

#### 4 CONCLUSÕES

- Detectou-se a existência de variabilidade genética entre as progênes avaliadas para todos os caracteres ao nível de 1% ou 5% pelo Teste F;

- Foi observada razão CVg/CVe maior que 1 para os caracteres NDF, NDM, APF, APM NNF, NNT e NSV, o que viabiliza a seleção;

- A produtividade da soja nas safras de verão e inverno foram similares, no entanto o ciclo da soja foi alongado no inverno;

- A seleção direta e indireta proporcionou os maiores ganhos genéticos;

- Os maiores ganhos genéticos totais entre os índices de seleção foram obtidos com o de Mulamba; Mock (1978);

- Os caracteres NDM e NDF foram os que mais contribuíram para determinar a diversidade genética;

- A diversidade genética entre os genótipos foi maior na safra de verão do que na de inverno;

- Os métodos de otimização de Tocher, hierárquico UPGMA e a análise de variáveis canônicas por meio da dispersão gráfica agruparam de maneira similar os genótipos de acordo com a diversidade genética;

- As progênes do grupo II (S128P3 e S128P4) apresentaram ciclo precoce e alta produtividade, sendo recomendadas para integrar hibridações com genótipos divergentes.

## REFERÊNCIAS

- BÁRBARO, I. M.; CENTURION, M. A.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 250-261, 2007. Disponível em: <https://ojs.ceres.ufv.br/ceres/article/view/3261/1133>. Acesso em: 10 jan. 2026.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; BOREM, A.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S. Agronomical aspects of the development of cultivars. *In*: SILVA, F. L.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 21, p. 395-411.
- BEZERRA, A. R. G.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. L.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. F.; SILVA, F. C. S.; ROSA, D. P. Complementarity between parents for earliness and grain yield in soybean. **Pesquisa agropecuária brasileira**, v. 57, e02657, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1590/S1678-3921.pab2022.v57.02657>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/pab/a/gKdnZ74pmmCm8Gs3yKWsYYF/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 14 dez. 2025.
- BICALHO, T. F.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; COSTA, S. C.; MORAIS JÚNIOR, I. J.; SILVA, N. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Adaptability and stability of soybean cultivars in four seasons. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 35, n. 5, p. 1450-1462, 2019. DOI: [10.14393/BJ-v35n5a2019-42351](https://doi.org/10.14393/BJ-v35n5a2019-42351). Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42351/27067>. Acesso em: 10 jan. 2026.
- BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. M.; DI MAURO, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection índices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 48, n. 1, p. 110-117, 2017. DOI: [10.5935/1806-6690.20170012](https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/z3hyMyygmLPmQCMJn6s7DJR/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 10 jan. 2026.
- BOREM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCH NETO, R. **Melhoramento de plantas**. 8. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2021.
- BRASIL. PORTARIA SPA/MAPA Nº 370, DE 24 DE JUNHO DE 2025. Aprova o Zoneamento Agrícola de Risco Climático – ZARC para a cultura da soja no estado de Minas Gerais, ano-safra 2025/2026. **Diário Oficial da União**: seção 1, Brasília, DF, do dia 26 jun. 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/agricultura/pt-br/assuntos/riscos-seguro/programa-nacional-de-zoneamento-agricola-de-risco-climatico/portarias/safra-vigente/minas-gerais/PORTN370SOJAMG.ret2.pdf>. Acesso em: 16 jan. 2026.
- CARNEIRO, A. R. T.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, A. F. E.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Selection strategies in agronomic characters in progenies F<sub>3:4</sub> of transgenic soy RR. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 45, e012421, 2021. DOI: [10.1590/1413-7054202145012421](https://doi.org/10.1590/1413-7054202145012421). Disponível em:

<https://www.scielo.br/j/cagro/a/gZFskhbd67gkfZXtBGcJr3t/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 7 jan. 2026.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. Portal de informações agropecuárias – Série histórica dos grãos. Disponível em: <https://portaldeinformacoes.conab.gov.br/safra-serie-historica-graos.html>. Acesso em: 2 set. 2025.

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

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

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. 2. ed. Viçosa: Editora UFV, 2020.

CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU-Breeding Program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 29, n.2, p. 340-349, 2013. Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/17267/12271>. Acesso: 2 jan. 2026.

FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N.; NEPOMUCENO, A. L. Soja. In: MONTEIRO, J. E. B. A. (org.). **Agrometeorologia dos cultivos: o fator meteorológico na produção agrícola**. Brasília, DF: INMET, 2009. p. 263-277.

FERREIRA JUNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Genetic diversity in advanced soybean strains derived from biparental, four-way and eight-way crosses. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, CE, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015. DOI: [10.5935/1806-6690.20150013](https://doi.org/10.5935/1806-6690.20150013). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rca/a/BG9pVhnycqmnSJXSHwWcB7G/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em 2 jan. 2026.

FERREIRA, S. B.; DIAS, P. A. S.; REZENDE, A. F.; GOMES, B. H.; BONETTI, A. M.; NOGUEIRA, A. P. O.; Analysis of genetic diversity in soybean based on agronomic traits and microsatellite markers. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, MG, v. 49, e017424, 2025. DOI: [10.1590/1413-7054202549017424](https://doi.org/10.1590/1413-7054202549017424). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/bSGbRs75ybk7FXsnPJxMVBb/?format=pdf&lang=en>. Acesso em 3 jan. 2026.

GASTL FILHO, J.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; SILVA, C. O.; 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, e004322, 2022. DOI: [10.1590/1413-7054202246004322](https://doi.org/10.1590/1413-7054202246004322). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/dVRBfhphbqhFPsyJLkqpTJ/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 12 dez. 2025.

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, n. 2, p. 76-83, 2012. Disponível em: <https://comunicatascientiae.com.br/comunicata/article/download/192/115>. Acesso em: 13 out. 2025.

MACHADO, B. Q. V.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T.; JORGE, G. L. Agronomic performance and genetic diversity among lines and soybean cultivars. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 33, n. 6, p. 1419-1430, 2017. DOI: [10.14393/BJ-v33n6a2017-37240](https://doi.org/10.14393/BJ-v33n6a2017-37240). Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Gabriel-Rezende/publication/321194129\\_Agronomic\\_performance\\_and\\_genetic\\_diversity\\_among\\_lines\\_and\\_soybean\\_cultivars/links/5b8ec5d845851540d1c90664/Agronomic-performance-and-genetic-diversity-among-lines-and-soybean-cultivars.pdf?tp=eyJjb250ZXh0Ijp7ImZpenN0UGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIiwicGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIn19](https://www.researchgate.net/profile/Gabriel-Rezende/publication/321194129_Agronomic_performance_and_genetic_diversity_among_lines_and_soybean_cultivars/links/5b8ec5d845851540d1c90664/Agronomic-performance-and-genetic-diversity-among-lines-and-soybean-cultivars.pdf?tp=eyJjb250ZXh0Ijp7ImZpenN0UGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIiwicGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIn19). Acesso em: 3 jan. 2026.

MARTORANO, L. G.; BERGAMASCHI, H.; DALMAGO, G. A.; FARIA, R. T.; MIELNICZUK, J.; COMIRAN, F. Indicadores da condição hídrica do solo com soja em plantio direto e preparo convencional. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, PB, v. 13, n. 4, p. 397-405, 2009. DOI: [10.1590/S1415-43662009000400005](https://doi.org/10.1590/S1415-43662009000400005). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/x5Q5QcFpgd4LD7yfsxTFwJC/?format=pdf&lang=pt>. Acesso em: 10 jan. 2026.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T. Vegetative and reproductive morphology. In: LOPES, F. S.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. H. (ed.). **Soybean Breeding**. Cham: Springer, 2017. cap. 4, p. 43-54.

MATTOS, T. P.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; LUIZ, M. C. P.; TEIXEIRA, F. G.; SHIGIHARA, D.; HAMWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Effect of sowing season on soybean performance. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 36, n. 5, p. 1607-1618, 2020. DOI: [10.14393/BJ-v36n5a2020-42446](https://doi.org/10.14393/BJ-v36n5a2020-42446). Disponível em: <https://seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/42446/29618>. Acesso em: 20 out. 2025.

MEDEIROS, G. S.; CABRAL, P. D. S.; SILVA, F. H. L.; FREITAS, J. C. O.; CAMPOS, L.; H. R.; CARRIJO, A. M. M. F. Agronomic performance and estimated genetic diversity among soybean lines based on quantitative traits. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, PB, v. 28, n. 3, e272048, 2024. DOI: [10.1590/1807-1929/agriambi.v28n3e272048](https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v28n3e272048). Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/rFK9GvvfBsQC4LtX9rh4wZn/?format=pdf&lang=en>. Acesso em: 6 jan. 2026.

NORONHA, L. F. Q.; MATSUO, E.; SILVA, T. A.; GONÇALVES, C. M. F.; BOMTEMPO, G. L.; GONTIJO, W. D. R.; FERREIRA, S. C.; CECON, P. R. Tocher clustering in soybean cultivars based on vegetative and reproductive traits. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 11, 9.1-13, 2025. DOI: [10.33158/ASB.r237.v11.2025](https://doi.org/10.33158/ASB.r237.v11.2025). Disponível em:

<https://www.mecenaspublishing.com/journals/index.php/asbjournal/article/view/237/432>.

Acesso em: 10 jan. 2026.

OLIVEIRA, M. M.; SOUSA, L. B.; REIS, M. C.; SILVA JUNIOR, E. G.; CARDOSO, D. B. O. HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 2, gmr16029661, 2017. DOI: [10.4238/gmr16029661](https://doi.org/10.4238/gmr16029661).

Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/evaluation-of-genetic-diversity-among-soybean-glycine-max-genotypes-using-univariate-and-multivariate-analysis.pdf>. Acesso em: 2 jan. 2026.

NEUMAIER, N.; FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; MERTZ-HENNING, L. M.; FOLONI, J. S. S.; MORAES, L. A. C.; GONÇALVES, S. L. Ecofisiologia da soja. In: SEIXAS, C. D. S.; NEUMAIER, N.; BALBINOT JUNIOR, A. A.; KRYZANOWSKI, F. C.; LEITE, R. M. V. B. C. **Tecnologias de produção de soja**. Londrina, PR: EMBRAPA, 2020. cap. 2, p. 33-54.

ROLDÃO, A. F.; FERREIRA, V. O. Influência do fenômeno veranico na produtividade da soja na mesorregião triângulo mineiro/alto Paranaíba-MG. **Estudos Geográficos**, Rio Claro, SP, v. 13, n. 2, 2015. Disponível em:

<https://www.periodicos.rc.biblioteca.unesp.br/index.php/estgeo/article/view/10210/7360>.

Acesso em: 10 jan. 2026.

SILVA, F. C. S.; SEDIYAMA, T.; BEZERRA, A. R. G.; SILVA, A. F.; MATSUO, E.; DIAS, F. S.; BARROS, J. P. A. Índice de seleção. In: MATSUO, E.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. (ed.). **Aplicações de técnicas biométricas no melhoramento genético da soja**. Viçosa: Editora UFV, 2020. cap. 13, p. 143-151.

SILVA, C. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P.; ALMEIDA, M. R. C.; CASTRO, D. G.; MARQUES, F. S.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. L.; CARDOSO, G. M.; DINIZ, V. H. R. Genetic parameters and selection indexes in F2 and F2:3 soybean populations. **Agronomy journal**, v. 113, n. 4, p.2991-3004, Jul. 2021. DOI: [10.1002/agj2.20692](https://doi.org/10.1002/agj2.20692). Acesso em: 10 out. 2025.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BOREM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SILVA, F.; BOREM, A.; SEDIYAMA, T.; CAMARA, G. (org.). **Soja: do plantio à colheita**. 2. ed. São Paulo: Oficina de Textos, 2022. cap. 7, p. 147-154.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **Indian Journal of Genetics and Plant Breeding**, v.41, n. 2, p. 237–245, 1981.

SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; CARDOSO, D. B. O.; DIAS, A. C.; OLIVEIRA, V.; BATISTA, R. O.; BONETTI, A. M.; HAMAWAKI, R. L. Microsatellites and phenotypic characteristics used to select soybean lines in a Brazilian university breeding program. **Genetics and Molecular Research**, v. 19, n. 1, 2020. DOI: [10.4238/gmr18105](https://doi.org/10.4238/gmr18105).

Disponível em: [https://www.researchgate.net/profile/Daniel-Cardoso-16/publication/341375225\\_Research\\_Article\\_Microsatellites\\_and\\_phenotypic\\_characteristics](https://www.researchgate.net/profile/Daniel-Cardoso-16/publication/341375225_Research_Article_Microsatellites_and_phenotypic_characteristics)

[\\_used\\_to\\_select\\_soybean\\_lines\\_in\\_a\\_Brazilian\\_university\\_breeding\\_program/links/5ec2c172299bflc09ac54064/Research-Article-Microsatellites-and-phenotypic-characteristics-used-to-select-soybean-lines-in-a-Brazilian-university-breeding-program.pdf?\\_tp=eyJjb250ZXh0Ijp7ImZpcnN0UGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIiwicGFnZSI6InB1YmxpY2F0aW9uIn19](#). Acesso em: 6 jan. 2026.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; MACHADO, B. Q. V.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, 2017. DOI: [10.4238/gmr16039750](https://doi.org/10.4238/gmr16039750). Disponível em: <https://www.geneticsmr.org/articles/genetic-parameters-and-selection-of-soybean-lines-based-on-selection-indexes.pdf>. Acesso em: 2 jan. 2026.

## ANEXO – FOTOGRAFIAS DA PESQUISA

Fotografia 1 – Estabelecimento do experimento em casa de vegetação – 2021 (Capítulo I)



Fonte: o autor.

Fotografia 2 – Área preparada para a semeadura e experimento instalado aos 60 dias após a emergência das plantas – 2022/2023 (Capítulo II)



Fonte: o autor.

Fotografia 3 – Área preparada para a semeadura e experimento instalado aos 50 dias após a emergência das plantas na safra de verão – 2019/2020 (Capítulo III)



Fonte: o autor.

Fotografia 4 – Área experimental com sistema de irrigação aos 30 e 70 dias após a emergência das plantas na safra de inverno – 2021 (Capítulo III)



Fonte: o autor.