

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
CAMPUS DE ILHA SOLTEIRA**

BEATRIZ MEDEIROS TRIVELATO

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA CONVENCIONAL

BEATRIZ MEDEIROS TRIVELATO

SELEÇÃO DE LINHAGENS DE SOJA CONVENCIONAL

Trabalho de Conclusão de Curso apresentado à
Universidade Estadual Paulista (UNESP), FEIS
– Ilha Solteira, para obtenção do título de Grau
acadêmico Bacharela em Engenharia
Agrônômica.

Orientador(a): Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan

Ilha Solteira - SP

2026

FICHA CATALOGRÁFICA

Desenvolvido pelo Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação

T841s Trivelato, Beatriz Medeiros.
Seleção de linhagens de soja convencional / Beatriz Medeiros Trivelato. --
Ilha Solteira: [s.n.], 2026
28 f. : il.

Trabalho de conclusão de curso (Graduação em Engenharia agrônômica) -
Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Engenharia, Ilha Solteira,
2026

Orientador: Bruno Ettore Pavan

Inclui bibliografia

1. Glycine max. 2. Caracterização de genótipos. 3. Índice de seleção. 4.
Melhoramento genético; . 5. Não-transgênico.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA "JÚLIO DE MESQUITA FILHO" FACULDADE
DE ENGENHARIA – UNESP – CÂMPUS DE ILHA SOLTEIRA CURSO DE GRADUAÇÃO
EM ENGENHARIA AGRONÔMICA

ATA DA DEFESA – TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO

TÍTULO: "Seleção de linhagens de soja convencional"

ALUNA: BEATRIZ MEDEIROS TRIVELATO - RA: 201050561

ORIENTADOR: Bruno Ettore Pavan

Aprovado (X) Reprovado () pela Comissão Examinadora com nota obtida:

Comissão Examinadora: 7,5 (sete e cinco décimos)

Documento assinado digitalmente
 BRUNO ETTORE PAVAN
Data: 08/07/2026 18:30:03-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Bruno Ettore Pavan (orientador)

Documento assinado digitalmente
 LUANA DE SOUZA COVRE
Data: 08/07/2026 19:11:20-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Eng. Agr. Dra. Luana de Souza Covre (Doutora em Entomologia)

Documento assinado digitalmente
 WILLIAM CESAR NISHIMOTO ITO
Data: 08/07/2026 18:38:09-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Eng. Agr. MSc. Willian César Nishimoto Ito (Mestre em Agronomia- Sistema de Produção)

Documento assinado digitalmente
 BEATRIZ MEDEIROS TRIVELATO
Data: 09/07/2026 10:22:54-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Beatriz Medeiros Trivelato

Aluna

Ilha Solteira (SP), 08 de julho de 2026.

DEDICATÓRIA

Dedico esse trabalho à meu pai, Alessandro Cleber Trivelato, in memoriam, que em vida muito me apoiou e teve orgulho da minha jornada acadêmica. À minha família que sempre esteve ao meu lado apoiando e incentivando. E à meu namorado que sempre acreditou em mim e me ajudou sempre que necessário.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Plantas, ao programa de melhoramento genético da UNESP de Jaboticabal pela disponibilização dos materiais e a equipe da FEPE – Cerrado por todo apoio no desenvolvimento do ensaio.

A Fundação de Ensino, Pesquisa e Extensão de Ilha Solteira (FEPISA) e a empresa BASF por concessão de bolsa de iniciação científica durante minha graduação inscrita no processo N° 005/2025.

RESUMO

O desenvolvimento de cultivares de soja não transgênica adaptadas a diferentes condições ambientais é importante para atender nichos específicos de mercado e ampliar a eficiência dos programas de melhoramento. Este trabalho teve como objetivo selecionar linhagens de soja não transgênica considerando a interação genótipo $\times$ ambiente nas safras 2022/23 e 2023/24. O experimento foi conduzido na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Engenharia da Universidade Estadual Paulista, em Selvíria, Mato Grosso do Sul. Foram avaliados 19 genótipos em delineamento em blocos casualizados, com três repetições. Avaliaram-se o rendimento de grãos, a altura de planta, a altura de inserção da primeira vagem, o número de vagens por planta, os dias para florescimento, os dias para maturidade fisiológica e o acamamento. Os dados foram submetidos a análises de variância individuais e conjunta, e a seleção simultânea foi realizada pelo índice da soma de ranks de Mulamba e Mock. Houve variabilidade genética significativa para rendimento de grãos e dias para florescimento. A interação genótipo $\times$ ambiente foi significativa para altura de planta, dias para florescimento, dias para maturidade e acamamento, mas não para rendimento, altura de inserção da primeira vagem e número de vagens por planta. Foram selecionados os genótipos 18, 5, 13, 7 e 2. Os ganhos esperados foram de 14,74% para rendimento, 4,91% para número de vagens por planta e 0,53% para altura de planta, além de reduções de 0,71% nos dias para florescimento e 3,38% nos dias para maturidade. A altura de inserção da primeira vagem e o acamamento apresentaram respostas desfavoráveis. Os genótipos selecionados são promissores para continuidade no programa, embora esses dois caracteres devam permanecer como critérios prioritários nas próximas etapas.

Palavras-chave: Caracterização de genótipos; *Glycine max*; índice de seleção; melhoramento genético; não-transgênico.

ABSTRACT

The development of non-genetically modified soybean cultivars adapted to different environmental conditions is important for meeting specific market niches and improving the efficiency of breeding programs. This study aimed to select non-GM soybean lines while considering genotype $\times$ environment interaction across the 2022/23 and 2023/24 crop seasons. The experiment was conducted at the Teaching, Research, and Extension Farm of the School of Engineering, São Paulo State University, in Selvíria, Mato Grosso do Sul, Brazil. Nineteen genotypes were evaluated in a randomized complete block design with three replications. Grain yield, plant height, first pod height, number of pods per plant, days to flowering, days to physiological maturity, and lodging were assessed. The data were subjected to individual and combined analyses of variance, and simultaneous selection was performed using the Mulamba and Mock rank-sum index. Significant genetic variability was detected for grain yield and days to flowering. Genotype $\times$ environment interaction was significant for plant height, days to flowering, days to maturity, and lodging, but not for grain yield, first pod height, and number of pods per plant. Genotypes 18, 5, 13, 7, and 2 were selected. The expected selection gains were 14.74% for grain yield, 4.91% for number of pods per plant, and 0.53% for plant height, along with reductions of 0.71% in days to flowering and 3.38% in days to maturity. First pod height and lodging showed unfavorable responses. The selected genotypes are promising for further stages of the breeding program, although these two traits should remain priority selection criteria in subsequent evaluations.

Keywords: Genetic improvement; genotype characterization; *Glycine max*; non-transgenic; selection index.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1 – Variação semanal da temperatura média, máxima e mínima do ar e da precipitação acumulada durante o período experimental de soja na safra 2022/23	6
Figura 2 – Variação semanal da temperatura média, máxima e mínima do ar e da precipitação acumulada durante o período experimental de soja na safra 2023/24	7

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Sequencial dos genótipos com nomenclatura de cada respectivo genótipo.....	8
Tabela 2 – Análise de variância conjunta e parâmetros genéticos de sete caracteres agronômicos em 19 genótipos de soja, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24	12
Tabela 3 – Médias da população original e dos genótipos selecionados, coeficiente de determinação genotípico e ganhos de seleção para sete caracteres agronômicos, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24	13
Tabela 4 – Médias de sete caracteres agronômicos nos cinco genótipos selecionados, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24	14

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

A1V – Altura de inserção da primeira vagem

ACAM – Acamamento

ALT – Altura de planta

ANOVA – Análise de variância

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento

DBC – Delineamento em blocos casualizados

DPF – Dias para florescimento

DPM – Dias para maturidade fisiológica

FAO – Organização das Nações Unidas para a Alimentação e a Agricultura

FBN – Fixação biológica do nitrogênio

FEIS – Faculdade de Engenharia de Ilha Solteira

FEPE – Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão

G×E – Interação genótipo × ambiente

GENES – Programa para análise estatística e genética

MAPA – Ministério da Agricultura e Pecuária

NVP – Número de vagens por planta

REND – Rendimento de grãos

RNC – Registro Nacional de Cultivares

SSD – Single Seed Descent

UNESP – Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”

VCU – Valor de Cultivo e Uso

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 A cultura da soja	3
2.2 Programas de melhoramento genético da soja multigenotípicos	4
2.3 Interação genótipo × ambiente (G×E)	5
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	6
3.1 Local.....	6
3.2 Genótipos e delineamento experimental	7
3.2.1 Características analisadas e análises estatísticas	8
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	11
4.1 Análise de variância e parâmetros genéticos	11
4.2 Ganhos com a seleção e genótipos selecionados.....	13
5 CONCLUSÕES	16
REFERÊNCIAS	17

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) destaca-se no setor agrônomo nacional, pois o Brasil consolidou-se como um dos principais produtores e exportadores mundiais da oleaginosa, com produtividade estimada em 3.696 kg ha⁻¹ para a safra 2025/2026 (CONAB, 2026). Além de seu papel no mercado mundial de commodities, a cultura apresenta relevância econômica e social para a cadeia produtiva brasileira, especialmente pela participação no PIB do agronegócio, na geração de empregos e na produção de óleo, farelo e biodiesel (CEPEA; ABIOVE, 2025; VOORA; LARREA; BERMUDEZ, 2020).

Apesar desse destaque, a maior parte da soja cultivada no país está associada a sistemas intensivos de produção e ao uso predominante de cultivares transgênicas, o que mantém espaço para programas voltados a cultivares convencionais destinadas a mercados específicos (WYSMIERSKI; VELLO, 2013; VOORA; LARREA; BERMUDEZ, 2020). Para atender demandas de produtores, consumidores e cadeias certificadas, o desenvolvimento de cultivares convencionais é estratégico, especialmente para mercados que valorizam rastreabilidade, segregação de grãos, certificações e padrões específicos de sustentabilidade (VOORA; LARREA; BERMUDEZ, 2020; MENDONÇA et al., 2022).

Além das exigências de mercado, os programas de melhoramento de soja precisam considerar problemas fitossanitários relevantes, como os nematoides *Heterodera glycines*, *Meloidogyne* spp. e *Pratylenchus brachyurus*, que estão entre os principais fitonematoides associados à cultura no Brasil (DIAS et al., 2010). A resistência genética é uma estratégia importante de manejo, pois reduz perdas e contribui para a estabilidade produtiva em áreas com pressão desses patógenos (DIAS et al., 2010; KASTER; FARIAS, 2012).

O alto desempenho da soja no Brasil está associado aos avanços gerados por programas de melhoramento genético e por práticas de manejo adaptadas às diferentes regiões produtoras (ROZA, 2017; MENDONÇA et al., 2022). Como o Brasil possui ampla diversidade de ambientes, as respostas dos genótipos variam conforme condições edafoclimáticas, tornando necessária a avaliação de materiais em diferentes safras e regiões (KASTER; FARIAS, 2012; TORRES et al., 2018).

Essas condições reforçam a importância dos estudos de interação genótipo × ambiente (G×E), especialmente em ensaios multigenotípicos e nas etapas finais de seleção, porque a ausência ou a baixa magnitude da interação para caracteres produtivos favorece recomendações mais consistentes (TORRES et al., 2018; SILVA et al., 2022). Assim, este trabalho teve como objetivo geral avaliar o desempenho de genótipos de soja convencional em ensaios

multigenotípicos, considerando caracteres agronômicos e produtivos nas safras 2022/23 e 2023/24 (BRASIL, 2022; KASTER; FARIAS, 2012).

Como objetivos específicos, buscou-se analisar caracteres agronômicos e produtivos essenciais para a cultura, verificar a influência das diferentes safras agrícolas e da interação Genótipo $\times$ Ambiente (G $\times$ E) e identificar genótipos promissores para avanço nas próximas etapas do programa de melhoramento, especialmente em ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU) (BRASIL, 2022; KASTER; FARIAS, 2012).

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 A cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merr.) tem como centro de origem a Ásia, sendo uma leguminosa anual da família Fabaceae com raiz pivotante, folhas trifoliadas e flores hermafroditas de cruzamento autógamo, conferindo à espécie maior pureza e base genética cada vez mais estreita (FAO, [1995]; WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Quanto à sua fisiologia, é classificada com metabolismo fotossintético C3, o que implica em maior reatividade a fatores de temperatura, estresse hídrico e fotoperíodo (SEDIYAMA, 2016). Uma das grandes vantagens da cultura da soja para produção agrícola é sua associação com bactérias do gênero *Bradyrhizobium*, que formam nódulos e otimizam a fixação biológica do nitrogênio (FBN) disponível na atmosfera, diminuindo o valor investido pelo produtor em adubação desse nutriente e agregando sustentabilidade ao sistema de produção da soja (ZILLI et al., 2008; HUNGRIA et al., 2006).

Devido à sua importância econômica e social, é necessário o desenvolvimento de sistemas produtivos contínuos que permitam maior resiliência climática, principalmente no contexto de mudanças climáticas (CONAB, 2023; CONAB, 2024). Na safra 2022/23, a produtividade nacional média da soja foi de 3.575,32 kg ha⁻¹, com destaque para o Centro-Oeste, que alcançou 3.880,57 kg ha⁻¹, e para o Nordeste, com 3.848,29 kg ha⁻¹; já na safra 2023/24, a produtividade nacional reduziu-se para 3.281,83 kg ha⁻¹, enquanto o Nordeste apresentou uma das maiores médias regionais, com 3.574,93 kg ha⁻¹ (CONAB, 2023; CONAB, 2024).

Segundo o relatório CEPEA/ABIOVE do 4º trimestre de 2024, mesmo com a quebra da safra em 2024 por condições edafoclimáticas adversas, a sojicultura manteve sua importância econômica em razão do uso do grão para fabricação de biodiesel, sendo responsável por 23,8% do PIB do agronegócio, 5,5% do PIB nacional e por 2,26 milhões de empregos (CEPEA; ABIOVE, 2025).

Aliado a isso a grande extensão territorial brasileira, com maioria da extensão no sentido norte-sul garante grande diversidade climas e condições edafoclimáticas, necessitando de cultivares que se adaptam às mais diversas regiões do país (Rodrigues, 2020).

Os programas de melhoramento genético e pesquisas em diferentes formas de manejo trazem inovações para a agricultura brasileira, permitindo expansão da sojicultura para outras regiões do Brasil inserindo regiões do Cerrado e Matopiba, que atualmente são os líderes de produtividade (Cepea; Abiove, 2025).

2.2 Programas de melhoramento genético da soja multigenotípicos

No Brasil a alta produtividade da soja pode ser traduzida em alta diversidade de cultivares e diferentes demandas de mercado sendo atendidas. A união Europeia é fechada para importações de produtos transgênicos para o consumo humano e paga muito bem para vendedores de soja convencional. O mercado nacional, para atender essa demanda aumentou a área de plantio de soja convencional em 24% na safra 2022/2023 (SNA, 2022).

O mercado nacional, para atender à necessidade de consumo de animais de produção orgânica, precisa lidar com dificuldades fitossanitárias em regiões das macrorregiões sojícolas 2 e 3, nas quais o clima Aw, com inverno seco, pode favorecer a sobrevivência e a disseminação de nematoides (KASTER; FARIAS, 2012; DIAS et al., 2010). A soja pode perder de 10 a 50% de sua produtividade quando afetada pelo nematoide de cisto (*Heterodera glycines*), nematoide das galhas (*Meloidogyne javanica* e *M. incognita*), nematoide das lesões radiculares (*Pratylenchus brachyurus*) e nematoide reniforme (*Rotylenchulus reniformis*), tornando cabível o desenvolvimento de programas de melhoramento específicos para cultivares convencionais adaptadas à problemática regional dos nematoides (DIAS et al., 2010; KASTER; FARIAS, 2012).

Definido o objetivo e mercado a ser atendido, o primeiro passo é selecionar os genitores para conduzir cruzamentos controlados de populações segregantes. Uma vez selecionados os genitores ocorre a formação da geração F1 que é autofecundada criando a população F2 que possui máxima segregação fenotípica uma vez que os genitores são homozigóticos ficando com 50% da população gerada em heterozigose, então são realizadas autofecundações, ou a hibridação, consecutivas até que se chegue na homozigose desejada pelo pesquisador, a condução desses cruzamentos seguem métodos clássicos que norteiam as fecundações como pedigree, bulk e SSD objetivando a otimização das fecundações para alcançar a homozigose (Singh; Singh, 2016).

Dentro dos programas de melhoramento genético uma das etapas mais importantes antes do lançamento de uma cultivar é realizar ensaio de valor de cultivo e uso (VCU). Segundo a Instrução Normativa nº1/2012 do MAPA (Ministério da Agricultura Pecuária e Abastecimento) antes de serem lançadas precisam ser testadas por duas safras em pelo menos um local de cada região edafoclimática (EMBRAPA, 2012). Ensaios tipo VCU são de extrema importância uma vez além de comparar diferentes genótipos e direcionar a região mais indicada para aquela variedade, analisa características agronômicas, fitossanitárias, produção, adaptabilidade e estabilidade da variedade em cada região (Brasil, 2022).

Por fim, todas as análises do programa de melhoramento devem levar em consideração a interação G×E. Como antes de ser lançada a cultivar precisa ser plantada por dois anos agrícolas e dentre esses anos o clima é variável o resultado das características mudam, reforçando a importância da interação G×E para entender a adaptabilidade e estabilidade do genótipo.

2.3 Interação genótipo × ambiente (G×E)

Mudanças abruptas no clima trazem temperaturas extremas e precipitações cada vez mais imprevisíveis tornando as mudanças climáticas um dos principais desafios dos programas de melhoramento genético da soja (Kaliska et al., 2025). Fatores bióticos e abióticos fazem com que a mesma cultivar tenha resultados completamente diferentes em duas safras, isso em decorrência de adversidades na umidade e temperatura que afetam, por exemplo, a fitossanidade e saúde do solo (Abebe et al., 2024). Compreender a interação G×E para lançar novas cultivares com recomendações mais específicas, considerando sua adaptabilidade e estabilidade, é uma saída para lidar melhor com as adversidades enfrentadas nos programas de melhoramento genético (ABEBE et al., 2024; KALISKA et al., 2025). Abebe et al. (2024) consideram que modelos estatísticos AMMI - ANOVA e GGE são os melhores para analisar dados de interação G×E por gerarem resultados de forma a obter fácil entendimento visual, sendo o GGE a melhor forma considerada pelo autor por possibilitar agrupar e ranquear diferentes genótipos e ambientes dentro do modelo. Já para analisar parâmetros genéticos se destaca o método misto REML/BLUP.

A intenção de realizar ensaios em, pelo menos, dois lugares é abranger as instabilidades climáticas ocorridas naquela região e objetivar desenvolver cultivares com recomendações mais precisas para atender a região, Empresas como GDM e Long-Ping HighTech utilizam locais climaticamente mais representativos em cada região, Big Locations, em que concentram um número maior de ensaios, usando modelos fatoriais para ranquear os genótipos de seu programa e agrupá-los para cada macrorregião (Fregonezi et al., 2026). Logo alcançar os objetivos do melhoramento genético da soja depende de compreender e analisar os resultados obtidos gerando recomendações específicas e buscar genótipos mais adaptáveis e estáveis às mudanças climáticas complexas.

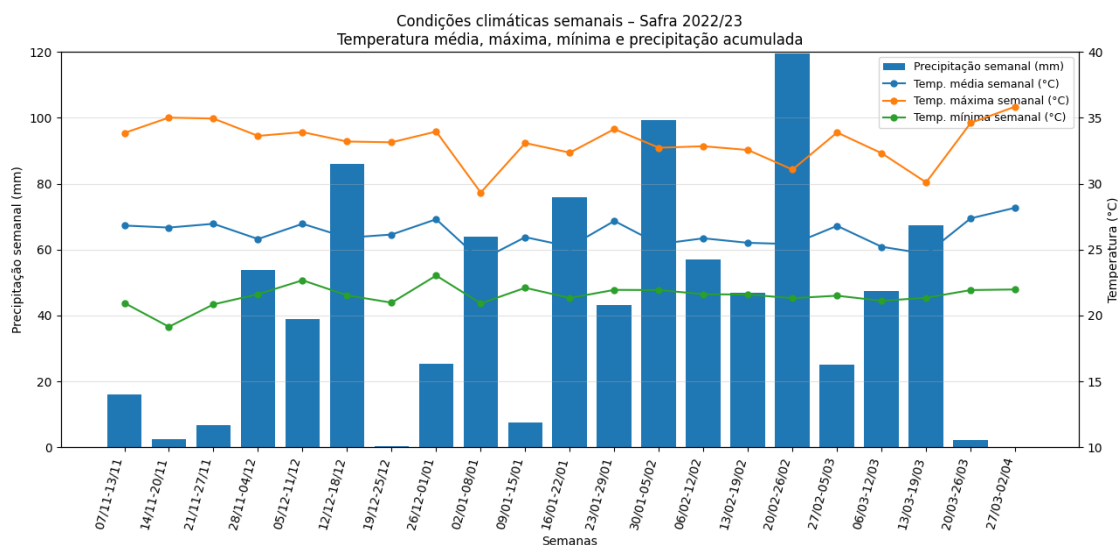
3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local

O ensaio foi conduzido em área experimental da Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão (FEPE) da FEIS/UNESP campus de Ilha Solteira, em Selvíria-MS, em sequeiro e sistema de cultivo direto, situado nas coordenadas 51° 24' W e 20° 20' S em 335m de altitude. O clima da região foi classificado como Aw, segundo o sistema de classificação de Köppen contemplado por chuvas no verão e seca no inverno, com precipitação média de 1261mm, temperaturas entre 21,4 e 26,9 °C e umidade relativa de 62,4% (Portugal et al., 2015). O solo da gleba utilizada para condução do ensaio foi classificado como Latossolo Vermelho Distroférrico de textura argilosa, segundo classificação da Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - EMBRAPA (2013). Com o desenvolver do ensaio foram realizadas capinas de limpeza e controle de plantas invasoras, pragas e doenças de acordo com a necessidade. A semeadura do ensaio na safra 2022/23 foi realizado no dia 10/11/2022 e na safra 2023/24 no dia 15/11/2023 e em ambas foi realizada de forma manual.

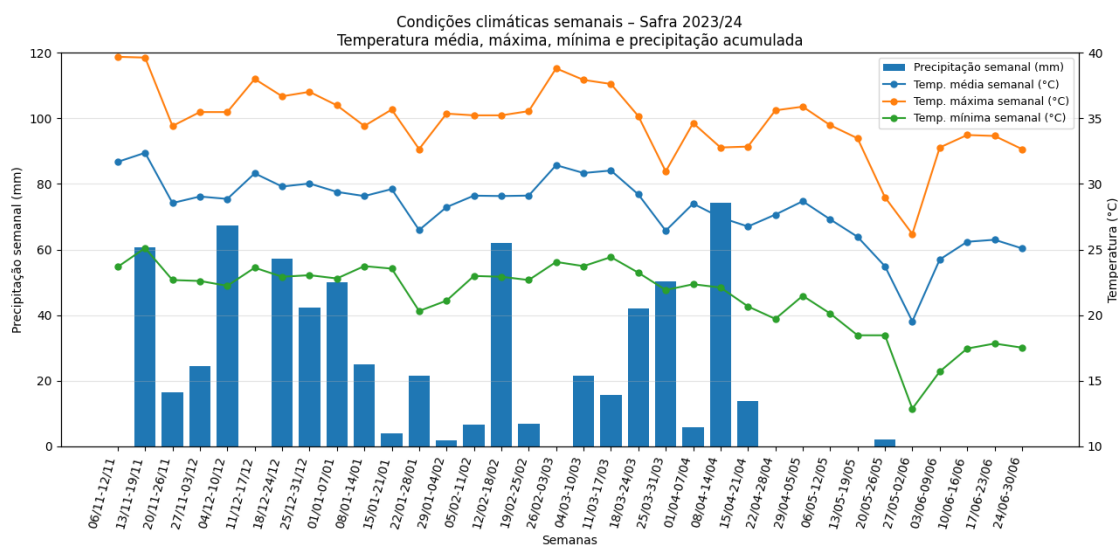
Como o desempenho de genótipos em ensaios multigenotípicos pode ser influenciado pela variação climática entre as safras, os dados semanais de temperatura do ar e precipitação acumulada foram organizados para contextualizar as condições ambientais observadas durante o período experimental (Figuras 1 e 2).

Figura 1 – Variação semanal da temperatura média, máxima e mínima do ar e da precipitação acumulada durante o período experimental de soja na safra 2022/23



Fonte: Canal CLIMA da UNESP Ilha Solteira.

Figura 2 – Variação semanal da temperatura média, máxima e mínima do ar e da precipitação acumulada durante o período experimental de soja na safra 2023/24



Fonte: Canal CLIMA da UNESP Ilha Solteira.

3.2 Genótipos e delineamento experimental

Os 19 genótipos avaliados neste trabalho foram fornecidos pelo Programa de Melhoramento Genético da UNESP, Câmpus de Jaboticabal. Esses materiais fazem parte de um conjunto de linhagens experimentais que estão em endogamia completa em gerações filiais entre F8 e F10 que possuem resistência a nematoides, que vêm sendo estudadas em diferentes etapas de caracterização agrônômica, com o objetivo de identificar genótipos com desempenho superior e potencial de avanço dentro do programa. Dessa forma, os ensaios analisados neste estudo não representam uma avaliação isolada, mas sim uma parte de um processo mais amplo de seleção e validação desses materiais. Nesse contexto, as avaliações conduzidas apresentam caráter de ensaios de Valor de Cultivo e Uso (VCU), pois permitem observar o comportamento das linhagens em condições de campo, considerando caracteres produtivos, agrônômicos e adaptativos importantes para a recomendação e continuidade dos genótipos nas próximas fases do melhoramento.

O ensaio foi instalado obedecendo o delineamento em blocos casualizados (DBC) em três repetições e 19 tratamentos (Tabela 1). Foi adotado espaçamento de plantio de 0,45 m entre linhas e densidade de semeadura de 15 sementes por metros resultando numa população de 12 plantas metro linear, a parcela continha quatro linhas com 5 metros de comprimento, sendo considerada parcela útil as duas linhas centrais descontada 0,5 m das extremidades, assim a parcela útil possuiu uma área de 3,6 m².

Tabela 1 – Sequencial dos genótipos com nomenclatura de cada respectivo genótipo

Tratamento	Linhagens
1	G-182
2	JAB 1
3	JAB 30
4	JAB 31
5	JAB 32
6	JAB 41
7	JAB 44
8	JAB.00-01-21/2A4D
9	JAB.00-02-1/8C1A
10	JAB.00-02-3/11L3D
11	JAB.00-03-10/8H1D
12	JAB.00-03-11/1H1C
13	JAB.00-05-6/7G3D
14	JAB.00-05-8/3D3A
15	JAB.00-06-2/2C1D
16	JAB.00-06-2/2Ca4A
17	JAB.09-09/7
18	JAB.09-18/3
19	JAB-09-13/1

Fonte: Elaborado pela autora.

3.2.1 Características analisadas e análises estatísticas

Para realizar a caracterização dos 19 genótipos foram mensurados caracteres em R1: DPF e em R8: REND, ALT, A1V, NVP, DPM e ACAM, descritos a seguir:

- O REND foi obtido pela colheita das duas linhas centrais de cada parcela após a maturidade fisiológica (R8). A massa de grãos foi corrigida para 13% de umidade e convertida em t ha⁻¹.
- A ALT foi obtida medindo o comprimento do nível do solo até o ápice da haste principal na fase de colheita.
- A A1V foi tomada medindo do nível do solo até a primeira vagem da haste principal.
- A contagem de NVP foi realizada contando todas as vagens de 5 plantas das linhas centrais colhidas.
- O DPF foi contabilizado da emergência até o momento em que 50% das plantas da parcela apresentavam pelo menos uma flor aberta. O DPM foi contabilizado

da semeadura até o momento em que 95% das plantas da parcela apresentavam coloração amarelada ou amarronzada.

- O ACAM foi avaliado antes da colheita, juntamente com DPM, utilizando escala de 1 a 5, em que 1 corresponde a plantas perfeitas (eretas) e 5 a plantas totalmente acamadas (BERNARD; CHAMBERLAIN; LAWRENCE, 1965).

Inicialmente os dados foram submetidos às análises de variância individuais, considerando o delineamento de blocos casualizados para 19 tratamentos (genótipos) por ano safra com três repetições. Após identificar a homogeneidade das variâncias e a relação entre o maior e menor quadrado médio residual, foi realizada uma análise de variância conjunta usando fatorial de 19 x 2, sendo 19 genótipos e dois ambientes (safra 2022/23 e safra 2023/24). Usando o modelo estatístico para delineamento em blocos casualizados (DBC)

$$Y_{ijk} = \mu + B_{j(k)} + G_i + A_k + GA_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

Y_{ijk} : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco do k-ésimo ambiente;

μ : média geral;

B_{jk} : efeito do j-ésimo bloco dentro do k-ésimo ambiente;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo, considerado fixo;

A_k : efeito do k-ésimo ambiente, considerado aleatório;

GA_{ik} : efeito da interação entre o i-ésimo genótipo e o k-ésimo ambiente;

ε_{ijk} : erro experimental associado à observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco do k-ésimo ambiente.

A partir da análise conjunta foram estimados os componentes de variância genotípica, da interação genótipo $\times$ ambiente e residual, o coeficiente de determinação genotípico com base na média dos ambientes (H_g^2), a correlação intraclasse, os coeficientes de variação genético e experimental (CV_g e CV_e , respectivamente) e a razão $\frac{CV_g}{CV_e}$. Esses parâmetros foram utilizados na avaliação da precisão experimental e da eficiência da seleção para cada caráter.

Para seleção simultânea dos genótipos superiores foi usado o índice de seleção baseado na soma de ranks proposta por Mulamba e Mock (1978). Os genótipos foram classificados individualmente por caractere atribuindo ranks menores conforme o sentido de seleção estabelecido: aumento para REND, ALT, A1V e NVP e redução para DPF, DPM e ACAM. O índice de cada genótipo foi obtido pela soma ponderada dos ranks segundo a expressão

$$I_i = \sum_{j=1}^n p_j r_{ij}$$

em que:

I_i : índice de seleção do i-ésimo genótipo;

p_j : peso econômico atribuído ao j-ésimo caráter;

r_{ij} : rank (posto) do i-ésimo genótipo para o j-ésimo caráter;

n : número total de caracteres considerados no índice.

Foram utilizados pesos econômicos de 2 para REND e de 1 para os demais caracteres, conferindo maior peso a REND.

Ao final foram selecionados cinco genótipos com menores valores de índice uma vez que representam o melhor desempenho simultâneo do conjunto caracteres avaliados. Além disso foram calculadas as médias das populações originais e dos genótipos selecionados, o diferencial de seleção e os ganhos esperados com a seleção. As análises estatísticas e genético-estatísticas foram realizadas no programa GENES (Cruz, 2013).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análise de variância e parâmetros genéticos

A análise de variância conjunta indicou efeito significativo de genótipos para REND, a 5% de probabilidade, e para DPF, a 1%, evidenciando variabilidade genética útil para esses caracteres. Para ALT, A1V, NVP, DPM e ACAM, o efeito de genótipos não foi significativo (Tabela 2). O efeito de ambientes foi significativo para REND, ALT, A1V, DPF, DPM e ACAM, enquanto NVP não apresentou efeito significativo. A interação G×E foi significativa para ALT, DPF, DPM e ACAM e não significativa para REND, A1V e NVP, indicando comportamento mais consistente dos genótipos entre as safras para estes três caracteres.

Resultado semelhante foi relatado por Torres et al. (2018), que não observaram interação significativa para A1V e NVP, embora tenham identificado interação para rendimento. Em ambientes mais contrastantes, Silva et al. (2022) verificaram interação significativa para todos os caracteres avaliados, evidenciando que a magnitude da G×E depende do conjunto de genótipos e da amplitude ambiental dos ensaios.

A ALT tem influência direta no ACAM em plantas mais altas, enquanto plantas muito baixas apresentam a primeira vagem mais próxima ao solo, o que pode prejudicar a mecanização. Em ensaios de VCU, a ALT pode variar entre os ambientes em razão da interação G×E (Yang, 2021).

O ACAM dificulta a colheita e pode reduzir o REND; quando ocorre precocemente, a redução pode chegar a 21% (Bai et al., 2022). A ausência de interação G×E para A1V e NVP indica maior consistência relativa entre as safras, mas não elimina a influência ambiental sobre esses caracteres.

A Tabela 2 apresenta os resultados da análise conjunta, o quadrado médio do erro e os parâmetros H_g^2 , r , CV_g , CV_e e $\frac{CV_g}{CV_e}$.

Tabela 2 – Análise de variância conjunta e parâmetros genéticos de sete caracteres agrônômicos em 19 genótipos de soja, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24

FV/Parâmetro	GL	REND	ALT	A1V	NVP	DPF	DPM	ACAM
Genótipos (G)	18	2,47*	1,79ns	2,07ns	1,46ns	7,75**	1,84ns	1,12ns
Ambientes (A)	1	97,30**	46,40**	20,26*	0,09ns	280,90**	97,49**	78,55**
G×A	18	1,48ns	1,82*	0,72ns	1,07ns	1,76*	2,24**	2,70**
Erro	72	0,57	168,60	6,21	713,38	7,46	206,64	0,45
Média	–	1,93	65,06	8,24	74,42	36,67	122,34	1,37
CV _e (%)	–	39,04	19,96	30,25	35,89	7,45	11,75	48,98
H _g ² (%)	–	59,43	44,04	51,58	31,46	87,10	45,63	10,87
r	–	23,88	15,94	12,35	7,43	61,47	18,38	3,45
CV _g (%)	–	23,46	9,75	10,85	10,28	10,47	6,58	11,48
CV _g /CV _e	–	0,60	0,49	0,36	0,29	1,41	0,56	0,23

Fonte: Elaborado pela autora.

Nota: Os valores apresentados para G, A e G×A correspondem ao teste F; a linha Erro apresenta o quadrado médio do erro. REND = rendimento de grãos; ALT = altura de planta; A1V = altura de inserção da primeira vagem; NVP = número de vagens por planta; DPF = dias para florescimento; DPM = dias para maturidade fisiológica; ACAM = acamamento; CV_e = coeficiente de variação experimental; H_g² = coeficiente de

determinação genotípico com base na média dos ambientes; r = correlação intraclasse; CV_g = coeficiente de

variação genético; $\frac{CV_g}{CV_e}$ = razão entre os coeficientes de variação genético e experimental; ns = não significativo;

* = significativo a 5%; ** = significativo a 1% de probabilidade pelo teste F.

DPF apresentou os maiores valores de H_g² (87,10%), r (61,47%) e $\frac{CV_g}{CV_e}$ (1,41), indicando maior participação genética e melhor condição para seleção de materiais precoces. Para REND, foram estimados H_g² de 59,43%, CV_g de 23,46%, CV_e de 39,04% e $\frac{CV_g}{CV_e}$ de 0,60, evidenciando variabilidade genética moderada e influência experimental.

ALT e DPM apresentaram H_g² de 44,04% e 45,63% e razões $\frac{CV_g}{CV_e}$ de 0,49 e 0,56, respectivamente. A1V e NVP apresentaram H_g² de 51,58% e 31,46% e razões de 0,36 e 0,29. Embora A1V e NVP não tenham apresentado interação G×E significativa, as razões inferiores a 1 indicam menor previsibilidade da seleção direta. A herdabilidade de A1V pode variar amplamente em soja (Kuzbakova et al., 2022).

ACAM apresentou os menores valores de H_g² (10,87%), r (3,45%) e $\frac{CV_g}{CV_e}$ (0,23), além do maior CV_e (48,98%), indicando baixa eficiência da seleção direta nas condições avaliadas. Em conjunto, os resultados mostram que DPF apresentou a condição mais favorável à seleção e que os caracteres com interação G×E significativa devem ser avaliados em novas safras e ambientes.

4.2 Ganhos com a seleção e genótipos selecionados

O índice de Mulamba e Mock selecionou simultaneamente os genótipos 18, 5, 13, 7 e 2, atribuindo maior peso a REND. A Tabela 3 apresenta as médias da população original e do grupo selecionado e os ganhos esperados.

O REND é um caráter complexo, influenciado por componentes morfológicos, fisiológicos e ambientais. A associação positiva entre REND e NVP permite considerar NVP como critério auxiliar de seleção (Xavier; Rainey, 2020; Maranna et al., 2021).

Tabela 3 – Médias da população original e dos genótipos selecionados, coeficiente de determinação genotípico e ganhos de seleção para sete caracteres agrônômicos, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24

Caractere	X_o	X_s	H_g^2 (%)	GS	GS (%)
REND	1,93	2,41	59,43	0,28	14,74
ALT	65,06	65,83	44,04	0,34	0,53
A1V	8,24	7,50	51,58	-0,38	-4,61
NVP	74,42	86,03	31,46	3,65	4,91
DPF	36,67	36,37	87,10	-0,26	-0,71
DPM	122,34	113,27	45,63	-4,14	-3,38
ACAM	1,37	1,60	10,87	0,03	1,84

Fonte: Elaborado pela autora.

Nota: X_o = média da população original; X_s = média do grupo selecionado; H_g^2 = coeficiente de determinação genotípico; GS = ganho de seleção. Valores positivos indicam aumento e valores negativos indicam redução da média após a seleção.

A média de REND aumentou de 1,93 para 2,41 t ha⁻¹, correspondendo a ganho esperado de 14,74%. Para NVP, a média passou de 74,42 para 86,03 vagens por planta, com ganho de 4,91%. ALT apresentou ganho de 0,53%.

A média de A1V foi reduzida de 8,24 para 7,50 cm, com ganho de -4,61%, resultado contrário ao objetivo de aumentar esse caráter. A ampla variação observada para a determinação genética de A1V também foi relatada por Kuzbakova et al. (2022).

DPF e DPM são importantes para classificar os genótipos quanto ao ciclo e à precocidade. A seleção reduziu DPF de 36,67 para 36,37 dias e DPM de 122,34 para 113,27 dias, correspondendo a ganhos de -0,71% e -3,38%, respectivamente. Esses resultados foram favoráveis ao sentido de seleção estabelecido. Para ACAM, a média aumentou de 1,37 para 1,60, com ganho de 1,84%, resposta desfavorável.

Os ganhos indicam que o índice foi eficiente para aumentar REND e NVP e reduzir DPF e DPM. Entretanto, as respostas para A1V e ACAM mostram que a seleção simultânea não melhorou todos os caracteres, que devem permanecer como critérios prioritários nas próximas etapas.

O desempenho médio dos cinco genótipos selecionados é apresentado na Tabela 4.

Tabela 4 – Médias de sete caracteres agrônômicos nos cinco genótipos selecionados, Selvíria, MS, safras 2022/23 e 2023/24

Gen.	REND	ALT	A1V	NVP	DPF	DPM	ACAM
18	3,05	73,42	6,95	102,27	38,33	112,83	1,33
5	2,59	64,13	9,11	77,87	35,83	126,67	1,50
13	1,61	79,46	4,92	72,83	28,00	95,33	2,83
7	2,27	55,01	7,26	91,07	37,67	111,17	1,00
2	2,51	57,15	9,27	86,13	42,00	120,33	1,33

Fonte: Elaborado pela autora.

Nota: REND expresso em $t\ ha^{-1}$; ALT e A1V em cm; NVP em número de vagens por planta; DPF e DPM em dias; ACAM em escala de 1 a 5.

O genótipo 18 (JAB.09-18/3) apresentou o maior REND ($3,05\ t\ ha^{-1}$) e o maior NVP (102,27), sendo o principal destaque produtivo. O genótipo 5 (JAB 32) apresentou REND de $2,59\ t\ ha^{-1}$, A1V de 9,11 cm e ACAM de 1,50, embora tenha apresentado o maior DPM entre os selecionados (126,67 dias).

O genótipo 13 (JAB.00-05-6/7G3D) foi o mais precoce, com DPF de 28,00 dias e DPM de 95,33 dias, mas apresentou o menor REND do grupo ($1,61\ t\ ha^{-1}$). O genótipo 7 (JAB 44) reuniu REND de $2,27\ t\ ha^{-1}$, NVP de 91,07 e ACAM igual a 1,00. O genótipo 2 (JAB 1) apresentou REND de $2,51\ t\ ha^{-1}$, NVP de 86,13 e a maior A1V entre os selecionados (9,27 cm).

Em síntese, REND, A1V e NVP não apresentaram interação $G \times E$ significativa, enquanto ALT, DPF, DPM e ACAM responderam de forma distinta às safras. A seleção favoreceu REND, NVP, DPF e DPM, mas os resultados de A1V e ACAM indicam a necessidade de manter esses caracteres nas próximas etapas de seleção.

5 CONCLUSÕES

Os objetivos do trabalho foram atendidos, pois foi possível avaliar o desempenho dos 19 genótipos, analisar os caracteres agronômicos e produtivos e verificar a influência das safras e da interação $G \times E$. REND, A1V e NVP não apresentaram interação $G \times E$ significativa, condição desejável por indicar maior consistência entre as safras; já ALT, DPF, DPM e ACAM apresentaram interação significativa, exigindo novas avaliações.

Pelo índice de Mulamba e Mock, os genótipos 18, 5, 13, 7 e 2 foram os mais promissores para avanço em ensaios VCU, com destaque para ganhos em REND, NVP e redução do ciclo. A1V e ACAM devem permanecer como critérios prioritários nas próximas etapas de seleção.

REFERÊNCIAS

- ABEBE, A. T. et al. Genotype $\times$ environment interaction and yield stability of soybean (*Glycine max*) genotypes in multi-environment trials (METs) in Nigeria. *Heliyon*, v. 10, n. 19, e38097, 2024. DOI: 10.1016/j.heliyon.2024.e38097.
- BAI, Dong et al. Estimation of soybean yield parameters under lodging conditions using RGB information from unmanned aerial vehicles. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, art. 1012293, 2022. DOI: 10.3389/fpls.2022.1012293.
- BERNARD, R. L.; CHAMBERLAIN, D. W.; LAWRENCE, R. D. Results of the cooperative uniform soybean tests. Washington, DC: United States Department of Agriculture, 1965.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria MAPA nº 502, de 19 de outubro de 2022. Estabelece as normas para a inscrição de cultivares e de espécies no Registro Nacional de Cultivares – RNC. Diário Oficial da União: seção 1, Brasília, DF, ed. 200, p. 3, 20 out. 2022.
- CENTRO DE ESTUDOS AVANÇADOS EM ECONOMIA APLICADA; ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE ÓLEOS VEGETAIS. Cadeia da soja e do biodiesel: PIB, empregos e comércio exterior: 4º trimestre de 2024. Piracicaba: Cepea/Esalq/USP; São Paulo: Abiove, 2025.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2022/23, v. 10, n. 12 – décimo segundo levantamento. Brasília, DF: Conab, 2023.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2023/24, v. 11, n. 12 – décimo segundo levantamento. Brasília, DF: Conab, 2024.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2025/26, v. 13, n. 5 – quinto levantamento. Brasília, DF: Conab, 2026.
- CRUZ, Cosme Damião. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum. Agronomy*, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271–276, 2013. DOI: 10.4025/actasciagron.v35i3.21251.
- DIAS, W. P.; GARCIA, A.; SILVA, J. F. V.; CARNEIRO, G. E. de S. Nematoides em soja: identificação e controle. Londrina: Embrapa Soja, 2010. 7 p. (Embrapa Soja. Circular Técnica, 76).
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. Sistema brasileiro de classificação de solos. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa, 2013.
- FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS. Tropical soybean: improvement and production. Rome: FAO, [1995]. (FAO Plant Production and Protection Series, n. 27).
- FREGONEZI, Bruno F. et al. Envirotyping-driven strategies to enhance soybean adaptation across Southern Africa. *Scientific Reports*, 2026. DOI: 10.1038/s41598-026-48028-x.

- HUNGRIA, M.; FRANCHINI, J. C.; CAMPO, R. J.; GRAHAM, P. H. The importance of nitrogen fixation to soybean cropping in South America. In: WERNER, D.; NEWTON, W. E. (ed.). Nitrogen fixation in agriculture, forestry, ecology, and the environment. Dordrecht: Springer, 2006. p. 25–42.
- KALISKA, B. et al. Assessment of soybean cultivars' responses to diverse climatic conditions in Northern Poland in terms of yield and seed composition. *Scientific Reports*, 2025. DOI: 10.1038/s41598-025-31124-9.
- KASTER, Milton; FARIAS, José Renato Bouças. Regionalização dos testes de valor de cultivo e uso e da indicação de cultivares de soja: terceira aproximação. Londrina: Embrapa Soja, 2012. 69 p. (Documentos, n. 330).
- KUZBAKOVA, Marzhan et al. Height to first pod: a review of genetic and breeding approaches in soybean. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, art. 948099, 2022. DOI: 10.3389/fpls.2022.948099.
- MARANNA, Shivakumar et al. Breeding for higher yield, early maturity, wider adaptability and waterlogging tolerance in soybean (*Glycine max* L.): a case study. *Scientific Reports*, v. 11, art. 22853, 2021. DOI: 10.1038/s41598-021-02064-x.
- MENDONÇA, Henrique C. et al. Genetic diversity and selection footprints in the genome of Brazilian soybean cultivars. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, art. 842571, 2022. DOI: 10.3389/fpls.2022.842571.
- MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the ETO Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, v. 7, n. 1, p. 40–51, 1978.
- PORTUGAL, J. R.; PERES, A. R.; RODRIGUES, R. A. F. Aspectos climáticos no município de Selvíria, MS. Ilha Solteira: UNESP, 2015.
- RODRIGUES, Osmar. Fisiologia da soja: base para o aumento da produção de soja no Brasil. *Plantio Direto e Tecnologia Agrícola*, 28 fev. 2020.
- ROZA, Luciano Antunes da. Modificações ocorridas em cultivares de soja do tipo de crescimento determinado e indeterminado nos últimos 50 anos no Brasil. 2017. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal do Paraná, Curitiba, 2017.
- SEDIYAMA, Tuneo. Produtividade da soja. Londrina: Mecenaz, 2016.
- SILVA, Welder José dos Santos et al. Yield of soybean genotypes identified through GGE biplot and path analysis. *PLOS ONE*, v. 17, n. 10, e0274726, 2022. DOI: 10.1371/journal.pone.0274726.
- SINGH, Asheesh; SINGH, Arti. Breeding methods. In: Crop improvement: interactive e-learning courseware. Ames: Iowa State University, 2016.
- SOCIEDADE NACIONAL DE AGRICULTURA. Brasil terá mais soja não transgênica em 2022/23 com demanda da União Europeia e prêmio em alta. Rio de Janeiro: SNA, 2022. Disponível em: <https://sna.agr.br/brasil-tera-mais-soja-nao-transgenica-em-2022-23-com-demanda-da-uniao-europeia-e-premio-em-alta/>. Acesso em: 11 jul. 2026.

TORRES, Francisco Eduardo et al. Selection of soybean genotypes for the Cerrado/Pantanal ecotone via REML/BLUP. *Bioscience Journal*, v. 34, n. 2, p. 333–340, 2018. DOI: 10.14393/BJ-v34n2a2018-39490.

VOORA, Vivek; LARREA, Cristina; BERMUDEZ, Steffany. Global market report: soybeans. Sustainable commodities marketplace series 2019. Winnipeg: International Institute for Sustainable Development, 2020.

WYSMIERSKI, Philip Traldi; VELLO, Natal Antonio. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. *Genetics and Molecular Biology*, v. 36, n. 4, p. 547–555, 2013.

XAVIER, Alencar; RAINEY, Katy M. Quantitative genomic dissection of soybean yield components. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, v. 10, n. 2, p. 665–675, 2020. DOI: 10.1534/g3.119.400896.

YANG, Qing et al. Environmental and genetic regulation of plant height in soybean. *BMC Plant Biology*, v. 21, art. 63, 2021. DOI: 10.1186/s12870-021-02836-7.

ZILLI, Jerri Édson et al. Inoculação de *Bradyrhizobium* em soja por pulverização em cobertura. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, DF, v. 43, n. 4, p. 541–544, 2008. DOI: 10.1590/S0100-204X2008000400014.