

RESSALVA

Atendendo solicitação do(a)
autor(a), o texto completo desta
dissertação será
disponibilizado somente a
partir de 30/07/2028

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**Seleção de progênies segregantes de soja superiores por
meio de índices multivariados e valores genéticos preditos**

Laura Pinto Rodrigues
Engenheira Agrônoma

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CÂMPUS DE JABOTICABAL**

**Seleção de progênies segregantes de soja superiores por
meio de índices multivariados e valores genéticos preditos**

Discente: Laura Pinto Rodrigues

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

**Dissertação apresentada à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp,
Câmpus de Jaboticabal, como parte das
exigências para a obtenção do título de
Mestre em Agronomia (Genética e
Melhoramento de Plantas).**

R696s	Rodrigues, Laura Pinto Seleção de progênies segregantes de soja superiores por meio de índices multivariados e valores genéticos preditos / Laura Pinto Rodrigues. -- Jaboticabal, 2026 39 f. : il., tabs. Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (UNESP), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal Orientadora: Sandra Helena Unêda Trevisoli 1. Glycine max. 2. Herdabilidade. 3. Melhoramento genético de plantas. 4. Modelos mistos. I. Título.
-------	--

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: SELEÇÃO DE PROGÊNIES SEGREGANTES DE SOJA SUPERIORES POR MEIO DE ÍNDICES MULTIVARIADOS E VALORES GENÉTICOS PREDITOS

AUTORA: LAURA PINTO RODRIGUES

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **SANDRA HELENA UNEDA TREVISOLI**
Data: 31/07/2026 11:12:00-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Presencial)
Departamento de Produção Vegetal / UNESP / Câmpus de Jaboticabal - FCAV

Documento assinado digitalmente
 **SAULO FABRÍCIO DA SILVA CHAVES**
Data: 30/07/2026 18:17:16-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. SAULO FABRÍCIO DA SILVA CHAVES (Participação Virtual)
Departamento de Genética / ESALQ USP Piracicaba/SP

Documento assinado digitalmente
 **ALAN RODRIGO PANOSSO**
Data: 31/07/2026 09:06:24-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Dr. ALAN RODRIGO PANOSSO (Participação Presencial)
Departamento de Ciências Exatas / UNESP / Câmpus de Jaboticabal - FCAV

Jaboticabal, 30 de julho de 2026.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

LAURA PINTO RODRIGUES – nascida em 08 de março de 2000, na cidade de Rosário do Sul, Rio Grande do Sul. Coursou Técnico em Agropecuária integrado ao ensino médio no Instituto Federal de Educação Ciência e Tecnologia Farroupilha (IFFAR) – Campus de São Vicente do Sul - RS. Em 2019 ingressou no curso de Agronomia da mesma instituição, graduando-se como Engenheira Agrônoma em 15 de março de 2024. Durante a graduação foi bolsista de Iniciação Científica nas modalidades de PAIC-ES e FAPERGS, quando trabalhou com ensaios de competição de cultivares de soja. Em agosto de 2024 iniciou o mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp/FCAV – Câmpus de Jaboticabal, SP, sob a orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, como bolsista CAPES.

Dedico àqueles que sempre sonharam este sonho
junto comigo, meus pais, Cecimar Pinto Rodrigues
e Rogério Nunes Rodrigues.

AGRADECIMENTOS

Aos meus pais, Rogério Nunes Rodrigues e Cecimar Pinto Rodrigues, por sempre acreditarem no meu potencial e me incentivarem para seguir meus sonhos.

À minha irmã, Leticia Pinto Rodrigues, pelo apoio incondicional durante todo o processo do mestrado.

Aos meus avós, Adão de Souza Pinto e Nerina Duarte Pinto, pelo amor, incentivo, conselhos e sabedoria passados a mim.

Aos meus tios, Lucimar, Romário, Éder e Daiane, por todo o apoio, incentivo e torcida dedicados a mim.

Aos meus amigos, Sabrina, Daniela, Beatriz Antônia, Ana Paula e Pedro, por todos os momentos de descontração, escuta e conselhos, vocês foram essenciais nesta caminhada e tornaram tudo mais leve.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, por fornecer a estrutura que viabilizou a condução dos experimentos de campo e a minha formação teórica.

Aos professores das disciplinas cursadas durante o mestrado, Prof. Alan, Profa. Sandra, Prof. Gustavo, Prof. Rinaldo, Prof. Glauco e Profa. Janete, que foram fundamentais para ampliar os meus conhecimentos.

A todos os professores que já contribuíram para a minha formação, estendo também meus agradecimentos.

À Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela oportunidade, confiança e orientação dedicados a mim durante este período.

Aos meus colegas do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas, Alyce, Dardânia, Ery, Davi, Thainá, Márcio, Julia e Penélope, pelos momentos de trabalho, descontração e companheirismo.

Aos estagiários do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas, por toda ajuda na condução e avaliação dos experimentos.

Aos membros da banca do exame geral de qualificação Dr. Rinaldo Cesar de Paula e Dr. Glauco de Souza Rolim, pela correção e considerações sobre o trabalho desenvolvido.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal e da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP/FCAV, pela ajuda durante a condução dos experimentos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES – Código de Financiamento 001.

Meus sinceros agradecimentos a todos!

SUMÁRIO

	Página
RESUMO.....	ii
ABSTRACT.....	iii
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 Impactos da cultura na agricultura e na economia brasileira.....	2
2.2 Melhoramento genético da cultura.....	3
2.3 Métodos de Melhoramento.....	4
2.4 Modelos mistos (REML/BLUP).....	5
3 MATERIAL E MÉTODOS	6
3.1 Material genético.....	6
3.2 Condução experimental.....	7
3.3 Caracterização agrônômica e seleção dos genótipos superiores.....	8
3.4 Estatísticas descritivas.....	8
3.5 Modelo Matemático.....	9
3.6 Índice de seleção Pesek & Baker.....	11
3.7 Índice de seleção FAI-BLUP.....	12
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
4.1 Caracterização fenotípica das populações.....	13
4.2 Parâmetros genéticos.....	18
4.3 Pressupostos do método REML/BLUP.....	21
4.4 Seleção de genótipos.....	22
5 CONCLUSÃO	25
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	25
APÊNDICE	1
Apêndice A.....	2

Seleção de progênies segregantes de soja superiores por meio de índices multivariados e valores genéticos preditos

RESUMO - A cultura da soja é a mais importante oleaginosa cultivada no cenário agrícola mundial. Nos programas de melhoramento genético conduzidos com esta cultura, a eficiência dos métodos de seleção em gerações iniciais de populações segregantes é fundamental para acelerar o ganho genético obtido nos genótipos superiores desenvolvidos. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar seis populações segregantes de soja e comparar o desempenho de diferentes índices de seleção na identificação de genótipos superiores em populações segregantes de gerações iniciais de endogamia. Para tanto, foram avaliadas 357 progênies em geração $F_{2:3}$ e 1.393 progênies em geração $F_{3:4}$, oriundas de seis populações provenientes de cruzamentos biparentais, conduzidas em delineamento de blocos aumentados de Federer, nas safras 2024/2025 e 2025/2026, respectivamente. Foram avaliados os caracteres agrônômicos: altura de planta no florescimento e na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de dias para florescimento e maturidade, acamamento, valor agrônômico e produção de grãos por planta. Os parâmetros genéticos foram estimados por meio de modelos lineares mistos via REML/BLUP, sendo os valores genotípicos preditos utilizados para a seleção dos indivíduos superiores. As seis populações apresentaram variabilidade fenotípica significativa para todos os caracteres avaliados, com herdabilidades no sentido amplo de genótipo elevadas na safra 2024/2025, notadamente para número de dias para a maturidade (0,86), número de dias para o florescimento (0,85), valor agrônômico (0,75) e acamamento (0,70), com acurácia seletiva superior a 0,70 para todos os caracteres. Foram comparados os índices de seleção de Pesek & Baker e FAI-BLUP, os quais capturaram diferentes estruturas de informação genética e geraram respostas seletivas distintas: o índice FAI-BLUP promoveu ganhos com a seleção mais expressivos e na direção desejada para produção de grãos (5,35 e 6,41, nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$, respectivamente) e altura de planta na maturidade, além de distribuir a seleção de forma mais equilibrada entre as populações, em comparação ao índice de Pesek & Baker. Dessa forma, a utilização de abordagens multivariadas associadas a modelos mistos aumentou a eficiência da seleção em programas de melhoramento de soja em gerações iniciais de endogamia.

Palavras-chave: *Glycine max*, Herdabilidade, Melhoramento genético de plantas, Modelos mistos, REML/BLUP

Selection of superior segregating soybean progenies using multivariate indices and predicted genetic values

ABSTRACT - Soybean is the most important oilseed crop grown worldwide. In breeding programs conducted with this crop, the efficiency of selection methods in early generations of segregating populations is essential for accelerating the genetic gain obtained in the superior genotypes developed. Given this, the objective of this study was to characterize six soybean segregating populations and compare the performance of different selection indices in identifying superior genotypes in segregating populations of early inbred generations. To this end, 357 progenies in the $F_{2:3}$ generation and 1,393 progenies in the $F_{3:4}$ generation were evaluated, derived from six populations resulting from biparental crosses, conducted in a Federer augmented block design during the 2024/2025 and 2025/2026 growing seasons, respectively. The following agronomic traits were evaluated: plant height at flowering and at maturity, height of the first pod insertion, number of days to flowering and maturity, lodging, agronomic value, and grain yield per plant. Genetic parameters were estimated using mixed linear models via REML/BLUP, and the predicted genotypic values were used to select the best individuals. The six populations showed significant phenotypic variability for all evaluated traits, with high broad-sense heritability at the genotype level in the 2024/2025 season, notably for number of days to maturity (0.86), number of days to flowering (0.85), agronomic value (0.75), and lodging (0.70), with selective accuracy above 0.70 for all traits. The selection indices of Pesek & Baker and FAI-BLUP were compared, and they captured different structures of genetic information and generated distinct selective responses: the FAI-BLUP index promoted more expressive selection gains, in the desired direction, for grain yield (5.35 and 6.41, in the $F_{2:3}$ and $F_{3:4}$ generations, respectively) and plant height at maturity, in addition to distributing selection more evenly among populations, compared to the Pesek & Baker index. Thus, the use of multivariate approaches combined with mixed models increased selection efficiency in soybean breeding programs during early generations of inbreeding.

Keywords: *Glycine max*, Heritability, Plant breeding, Mixed models, REML/BLUP

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a cultura oleaginosa mais importante cultivada no Brasil e no mundo. Ao longo do seu estabelecimento, os principais incrementos de produtividade foram viabilizados por melhorias no manejo e pelo lançamento de novas cultivares com maior tolerância a estresses bióticos e abióticos, por programas de melhoramento genético de plantas. A eficiência de tais programas de melhoramento da cultura está vinculada, em grande parte, ao processo seletivo que ocorre nas gerações iniciais, que envolvem a seleção de genótipos superiores nas populações mais promissoras e o descarte dos indivíduos inferiores (Schuster et al., 2024).

A condução experimental nas gerações segregantes, que geralmente consiste na avaliação de elevado número de plantas individuais, na maioria das vezes, sem repetições das progênies, constituem, portanto, experimentos desbalanceados. Sendo assim, Resende (2000) propôs o uso de modelos lineares mistos com o método de REML (*Restricted Maximum Likelihood*), permitindo a obtenção de BLUPs (*Best Linear Unbiased Prediction*), inicialmente para culturas perenes. Posteriormente, Resende et al. (2015) desenvolveram o Índice de seleção multigeracional, utilizando dados de geração $F_{2:6}$ de feijão; o qual foi ampliado por Resende et al. (2016), para o Índice de seleção com pais, populações, progênies e gerações (SIPPPG).

A adição de dados de plantas individuais em gerações F_2 e F_3 confere maior acurácia e ganho de seleção para os programas de melhoramento. Porém, no Índice de seleção multigeracional e no SIPPPG, ainda é necessário o avanço de gerações até a homozigose, tarefa demorada e trabalhosa (Schuster et al., 2024). Logo, o desenvolvimento de índices de seleção baseados apenas em dados de gerações iniciais e que considerem os efeitos de população podem reduzir o número de plantas avaliadas, o tempo necessário para a seleção e os custos do programa. Neste contexto, Bezerra et al. (2023) utilizaram apenas dados da geração F_2 e de seus genitores para seleção de progênies. Da mesma forma, Schuster et al. (2024), utilizando BLUPs individuais simulados para seleção de plantas nas gerações iniciais, observaram ganhos genéticos para caracteres agrônômicos.

Diversos autores têm utilizado BLUPs em estratégias de seleção multicares, dentre estes, Rocha et al. (2018) formularam o índice FAI-BLUP, o qual utiliza análise fatorial e o delineamento de ideótipos para realizar a seleção simultânea de múltiplos caracteres. De maneira complementar, Volpato et al. (2021) adicionaram efeitos populacionais ao modelo estatístico para a predição de valores genéticos em progênies. Os autores observaram que, omitir o efeito de populações pode comprometer a estimativa de componentes de variância e a predição de valores genéticos, provocando vieses no processo seletivo. O emprego do índice FAI-BLUP sob essa perspectiva integrada, viabilizou a seleção de genótipos com ganhos genéticos proporcionais para todos os caracteres ao mesmo tempo. Essa metodologia garantiu maior acurácia e eficiência ao melhoramento quando o objetivo envolveu a seleção de plantas eretas, precoces e produtivas.

Mediante o exposto, os objetivos do presente trabalho consistem em: a) realizar a caracterização fenotípica de progênies em gerações iniciais de endogamia; b) comparar o desempenho dos índices de seleção Pesek & Baker e FAI-BLUP na seleção de genótipos superiores em progênies, nessas mesmas gerações iniciais de endogamia.

5 CONCLUSÃO

A caracterização fenotípica das seis populações segregantes demonstra variabilidade genética entre e dentro das populações para os caracteres agrônômicos avaliados, confirmando a existência de potencial genético a ser explorado pela seleção nas gerações iniciais de endogamia.

Quando comparados os dois índices de seleção, o índice FAI-BLUP demonstrou maior eficiência na identificação de genótipos superiores em relação ao índice de Pesek & Baker, com ganhos maiores com a seleção nas gerações $F_{2:3}$ e $F_{3:4}$ avaliadas.

Os resultados deste trabalho contribuem, ainda, para os Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da Agenda 2030: ao ODS 2 (Fome Zero e Agricultura Sustentável), por subsidiar o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e eficientes; ao ODS 12 (Consumo e Produção Responsáveis), ao aumentar a eficiência dos programas de melhoramento genético, reduzindo o tempo e os recursos necessários no processo de seleção; e ao ODS 15 (Vida Terrestre), na medida em que a obtenção de cultivares superiores pode contribuir para maior produtividade sem a necessidade de expansão de novas áreas agrícolas.

REFERÊNCIAS

Araujo GR, da Silva FP, Adegas FS, Velini ED, Cruz RAD (2026) Brazil as a Global Leader in Soybean Production: Historical Trends, Current Status, and Future Perspectives. **International Journal of Plant Production** 20(2):56.

Bates D, Mächler M, Bolker B, Walker S (2015) Fitting Linear Mixed-Effects Models Using lme4. **Journal of Statistical Software**, 67(1), 1–48. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>.

Bezerra ARG, Resende MDV, Sediya T, Cruz CD, Silva FCS, Silva AF (2023) Combined BLUP selection indexes with parents and F2 populations in soybean (Glycine max) breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** 23:45412346.

Borém A, Miranda GV, Fritsche-Neto R (2021) **Melhoramento de plantas**. São Paulo: Oficina de Textos, 456p.

Campanharo A, Gonçalves Júnior DH, Daros M, da Cruz LM, Marques I, Oliveira RRD, Partelli FL (2026) Modeling temporal genetic variability using mixed models improves yield stability and selection efficiency in *Coffea canephora*. **Frontiers in Plant Science** (17):1840043.

Capistrano MC, Andrade Neto RC, Santos VB, Lessa LS, Resende MDV, Mesquita AGG, Gurgel FL (2021) Use of the REML/BLUP methodology for the selection of sweet orange genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 56: e02032.

Carrijo EVC, da Fonseca NV, Caixeta ICS, Martins FP, Ferreira RB, Lima, PAF (2025) Avanços da biotecnologia e do melhoramento genético da soja no Cerrado: ênfase na tolerância ao déficit hídrico. **Revista Caribeña de Ciencias Sociales** 14(12):4.

Coelho LCL, Viana AP, Cavalcante NR, Catarina RS, da Silva FA, de Oliveira, JAVS (2025) Genotype selection from a segregating BC3 population of *Passiflora* spp. for fruit production and quality using REML/BLUP methodology. **Euphytica** 221(11):175.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos: safra 2025/26 – 9º levantamento**. Brasília, DF: Conab, 2026b. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/9o-levantamento-safra-2025-26/9o-levantamento-safra-2025-26>. Acesso em: 17 jun. 2026.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. **Séries históricas: soja**. Brasília, DF: Conab, 2026a. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/series-historicas/graos/soja/sojaseriehist.xls/view>. Acesso em: 17 jun. 2026.

De Miranda RA (2020) **Breve História da Agropecuária Brasileira**. In.: Landau EC, da Silva GA, Moura L, Hirsch A, Guimarães DP (Eds.) Dinâmica da produção agropecuária e da paisagem natural no Brasil nas últimas décadas. Brasília: EMBRAPA p. 31-59.

Dos Reis EF, Reis MS, Sedyama T, Cruz CD (2002) Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill).

Federer WT (1956) Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planter's Record** 55:191–208.

Fehr WR, Caviness CE (1977) **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 11 p.

Furlani AMC, Furlani PR, Tanaka RT, Mascarenhas HAA, Delgado MDDP (2002) Variability of soybean germplasm in relation to phosphorus uptake and use efficiency. **Scientia Agricola** 59(3):529–536.

Gonçalves SL, Lynch JP (2014) **Pelos radiculares: seleção de genótipos em soja, girassol e trigo**. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA).

Junior AAB, Debiassi H, Franchini JC, Oliveira MA, Coelho AE, Moraes MT (2024) Soybean yield, seed protein and oil concentration, and soil fertility affected by off-season crops. **European Journal of Agronomy** 153:127039.

Kebede AZ, Woldemariam T, Reid LM, Harris LJ (2016) Quantitative trait loci mapping for Gibberella ear rot resistance and associated agronomic traits using genotyping-by-sequencing in maize. **Theoretical and Applied Genetics** 129(1):17-29.

Loiola ÂT, Pinheiro ES, Souza, ARS, da Silva, PHM, de Holanda, AC, Araujo, PCD (2025) Influence of environmental factors on the survival and growth of *Eucalyptus tereticornis* provenances in the Brazilian semi-arid. **Forest Ecology and Management** 593:122925.

Madella LA (2022) **Progresso genético da soja no Brasil em um programa de melhoramento comercial**. 71 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – UTFPR, Pato Branco.

Martin TN, Rugeri PA, Beutler AN, Conceição GM, Fipke GM, Pires JLF, Cunha VS (2022) **Indicações técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e em Santa Catarina, safras 2022/2023 e 2023/2024**. Santa Maria: Editora GR. ISBN 978-65-89469-72-8.

Pimentel AJB, Guimarães JFR, Souza MAD, Resende MDV, Moura LM, Rocha JR, Ribeiro G (2014) Estimation of genetic parameters and prediction of additive genetic value for wheat by mixed models. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 49:882-890.

R Core Team (2024) **R: A language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing. Disponível em: <https://www.Rproject.org/>.

Resende MDV (2000) **Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes**. Colombo: Embrapa Florestas.

Resende MDV, Ramalho MAP, Guilherme SR, Abreu AFB (2015) Multigeneration index in the within-progenies bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Science** 55:1202-1211.

Resende MDV, Ramalho MAP, Carneiro PCS, Carneiro JES, Batista LG, Gois IB (2016) Selection index with parents, populations, progenies, and generations effects in autogamous plant breeding. **Crop Science** 56:530-546.

Rocha DC, Machado JC, Carneiro PCS (2018) Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: Proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy** 10:52-60.

Schuster A, Silva FL, Netto JAFV, Nascimento EF, Teodoro PE, Bhering LL (2024) Strategy for early selection for grain yield in soybean using BLUPIS. **Plant Methods** 20:176.

Silva EAD, Gama ABND, Andrade Junior VCD, Brito OG, Costa ALD, Freire AI (2025) Combination of mixed linear model approach with selection indices in kale breeding programs. **Acta Scientiarum. Agronomy** 47:e69619.

USDA - United States Department of Agriculture (2026) **Production: United States**. Disponível em: <https://www.fas.usda.gov/data/production/us>. Acesso em: 05 jul. 2026.

Volpato L, Rocha DC, Alves RS, Ludke WH, Borém A, Silva FLD (2021) Inference of population effect and progeny selection via a multi-trait index in soybean breeding. **Acta Scientiarum Agronomy** 43:e44623.