

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE
MULTIVARIADA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA
ORIUNDOS DO CRUZAMENTO DE GENITORES TIPO GRÃO
X TIPO ALIMENTO**

Alyce Carla Rodrigues Moitinho

Bióloga

2021

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CÂMPUS DE JABOTICABAL

**ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE
MULTIVARIADA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA
ORIUNDOS DO CRUZAMENTO DE GENITORES TIPO GRÃO
X TIPO ALIMENTO**

Discente: Alyce Carla Rodrigues Moitinho

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)**

2021

M715e Moitinho, Alyce Carla Rodrigues
Estimativa de parâmetros genéticos e análise multivariada na
seleção de genótipos de soja oriundos do cruzamento de genitores tipo
grão x tipo alimento / Alyce Carla Rodrigues Moitinho. -- Jaboticabal,
2021
50 p.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista (Unesp),
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal
Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

1. Glycine max. 2. soja alimento. 3. modelo misto. 4. análise
multivariada. I. Título.

Sistema de geração automática de fichas catalográficas da Unesp. Biblioteca da Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal. Dados fornecidos pelo autor(a).

Essa ficha não pode ser modificada.

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE MULTIVARIADA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DO CRUZAMENTO DE GENITORES DE SOJA TIPO GRÃO X SOJA TIPO ALIMENTO

AUTORA: ALYCE CARLA RODRIGUES MOITINHO

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

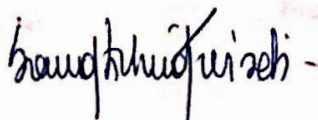
Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de Mestra em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI (Participação Virtual)
Departamento de Ciências da Produção Agrícola / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Prof. Dr. EDUARDO CUSTODIO GASPARINO (Participação Virtual)
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Profa.Dra. VIVIANE FORMICE VIANNA (Participação Virtual)
Faculdade de Tecnologia - FATEC / Jaboticabal/SP

Jaboticabal, 22 de fevereiro de 2021



DADOS CURRICULARES DA AUTORA

ALYCE CARLA RODRIGUES MOITINHO – nascida em 23 de abril de 1997, na cidade de Conceição da Barra, Espírito Santo. Em fevereiro de 2015 ingressou na Faculdade Pitágoras de Linhares – Linhares – ES, no curso de Ciências Biológicas – Bacharelado, graduando-se como Bióloga em janeiro de 2019. Durante a graduação, nos anos de 2015-2017 foi Bolsista do Edital FAPES Nº 014/2014 do Programa de Iniciação Científica Júnior (Pesquisador do Futuro), como monitora, na instituição: Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência técnica e Extensão Rural (INCAPER), do projeto “Avaliação do desenvolvimento inicial de fruteiras (Cultura da Manga ‘Ubá’; Mamão Formosa cv. Rubi)”. Nos anos de 2017-2018 foi bolsista ICT - Iniciação Científica e Tecnológica, EDITAL FAPES/SEAG Nº 06/2015 - PPE AGROPECUÁRIA no projeto de Avaliação do segundo ciclo de seleção recorrente do mamoeiro ‘RUBI INCAPER 511’ para melhor qualidade de frutos. Em março de 2019 iniciou o curso de mestrado Stricto Sensu em Agronomia com área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas), na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp/FCAV – Câmpus de Jaboticabal, SP, sob orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli. Durante o período de realização do curso foi bolsista CAPES.

***“Não existem métodos fáceis
para resolver problemas
difíceis.”***

– René Descartes

AGRADECIMENTOS

A Deus pelo dom da vida, por me iluminar, pela oportunidade de concluir mais esta nova etapa e por ter me conduzindo às escolhas certas.

A Maria Stela e Carlos Alberto (*In Memoriam*), meus pais, que sempre se esforçaram, me incentivaram nos estudos e nas minhas escolhas. Se hoje eu estou aqui é graças a vocês.

Ao meu irmão Carlos Eduardo, e que eu possa ser um bom exemplo para ele nos estudos.

A minha família (Rodrigues e Moitinho), por confiarem e acreditarem na minha capacidade.

As pessoas importantes que perdi durante esta etapa, meu avô Gabino Evaristo (*In Memoriam*) e minha tia Maria Antônia (*In Memoriam*) que infelizmente não puderam acompanhar esta conquista até o fim, mas que ficariam muito felizes em vê-la concluída.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias Câmpus de Jaboticabal, pelos professores e funcionários, pela estrutura disponibilizada, pelas oportunidades oferecidas e pelos anos de acolhimento.

À Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela oportunidade, dedicação, ensinamentos e tempo dedicado para a conclusão deste trabalho.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) da UNESP/FCAV, por compartilharem seus conhecimentos.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES) - Código de Financiamento 001.

Aos amigos do Programa de Melhoramento Genético de Soja da FCAV/UNESP que me ajudaram e fizeram parte deste trabalho: Alice, Antônio, Ana Paula,

Dardânia, Júlia, Gabriel Salgado, Hortência, Lúgia, Saulo, Thayná e aos estagiários que passaram pelo departamento pela ajuda.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal Osmar e Faro pela ajuda.

Aos funcionários da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão – FEPE, especialmente ao Marcelo, Sr. João e Colovati pelo auxílio na execução dos experimentos.

A República Santa Casa pela receptividade e pela amizade, sendo meu ponto de apoio e minha família aqui em Jaboticabal, muito obrigada meninas!

A todos os amigos que fiz durante o curso.

Aos membros da banca examinadora pela disponibilidade e contribuição neste trabalho.

Enfim a todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente para que este trabalho fosse realizado, expresso a minha gratidão.

O meu MUITO OBRIGADA, vocês são parte disso!

SUMÁRIO

RESUMO.....	VIII
ABSTRACT.....	IX
1. INTRODUÇÃO	10
2. REVISÃO DE LITERATURA	12
2.1 IMPORTÂNCIA ECONÔMICA	12
2.2. UTILIZAÇÃO DA SOJA COMO ALIMENTAÇÃO	13
2.3 CARACTERES AGRONÔMICOS DE INTERESSE PARA O MELHORAMENTO.....	14
2.4 RESISTÊNCIA AO NEMATOIDE DE CISTO DA SOJA (NCS).....	15
2.5 ESPECTROSCOPIA POR INFRAVERMELHO PRÓXIMO (NIR)	16
2.6 MODELOS MISTOS E SUA UTILIZAÇÃO NA SELEÇÃO DOS GENÓTIPOS.....	17
2.7 ABORDAGENS MULTIVARIADAS NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS	19
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	20
3.1 MATERIAL GENÉTICO	20
3.2 LOCAL E CONDUÇÃO EXPERIMENTAL	21
3.3 AVALIAÇÃO DOS GENÓTIPOS	22
3.4 CARACTERES AVALIADOS	22
3.5 AVALIAÇÃO TEOR DE ÓLEO E PROTEÍNA.....	23
3.6 ANÁLISE ESTATÍSTICA	23
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	24
5. CONCLUSÕES	40
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41

ESTIMATIVA DE PARÂMETROS GENÉTICOS E ANÁLISE MULTIVARIADA NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA ORIUNDOS DO CRUZAMENTO DE GENITORES TIPO GRÃO X TIPO ALIMENTO

RESUMO – O sucesso dos programas de melhoramento genético depende em grande parte dos procedimentos de seleção e dos métodos de melhoramento adotados para a condução e seleção das progênies segregantes. O objetivo deste trabalho consiste em comparar estratégias eficientes para a seleção de genótipos superiores, em populações de soja provenientes de cruzamentos entre genitores do tipo grão x tipo alimento, utilizando as abordagens estatísticas de modelos mistos e análise multivariada de componentes principais. Foram avaliados 128 genótipos, em geração F8, obtidos do cruzamento entre os genótipos tipo alimento ('BRSMG 790A' e 'BRSMG 800A') x tipo grão ('BRSMG 810C'). O delineamento experimental utilizado foi de látice retangular parcialmente balanceado, dispostos em oito blocos, com duas repetições. Foram avaliados 11 caracteres de interesse agrônomo sendo eles: número de dias para florescimento, número de dias para maturidade, altura de planta na maturidade, altura de planta no florescimento, altura de inserção da primeira vagem, acamamento, valor agrônomo, peso de cem sementes, produtividade de grãos, além da avaliação de teor de proteína e óleo. De acordo com os resultados obtidos, pôde-se identificar três processos agrônômicos promissores na seleção de genótipos superiores, permitindo a identificação de genótipos com propriedades específicas, com destaque para a seleção por ganho genético. Por meio das análises de modelos mistos, associada à análise de componentes principais, foi possível identificar e selecionar os genótipos superiores, pois ambas as análises permitiram a identificação de genótipos comuns, sendo estes: 76, 62, 26, 112, 47 e 109.

PALAVRAS-CHAVES: *Glycine max*, soja alimento, modelo misto, análise multivariada

**GENETIC PARAMETERS AND MULTIVARIATE ANALYSIS IN SOYBEAN
GENOTYPES SELECTION FROM CROSSING BETWEEN SOYBEAN PARENTS
GRAIN TYPE X FEED TYPE**

ABSTRACT – The success of breeding programs depends in large part on the selection procedures and breeding methods adopted for the conduct and selection of segregating progenies. The objective of this work is identify efficient strategies for the selection of superior genotypes, in soybean populations from crosses between grain x food type parents, using the mixed model statistical approaches and multivariate analysis of main components. Therefore, 128 genotypes were evaluated, in F8 generation, obtained from the crossing between food type genotypes ('BRSMG 790A' and 'BRSMG 800A') x grain type ('BRSMG 810C'). The experimental design used was a partially balanced rectangular lattice, with eight blocks and two replications. Were evaluated 11 agronomic traits : number of days to flowering (NDF), number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (APM), plant height at flowering (APF), the height of insertion of the first pod (AIV), lodging (AC), agronomic value (VA), the weight of one hundred seeds (PC), and grain yield (PG), besides evaluation of protein content (PROT) and oil (OIL). According to the results obtained, it was possible to identify three promising agronomic processes in the selection of superior genotypes, allowing the identification of genotypes with specific properties, with emphasis on the selection by genetic gain. Through the analysis of mixed models, associated with the main components analysis, it was possible to identify and select the superior genotypes, since both analyzes allowed the identification of common genotypes, being these: 76, 62, 26, 112, 47, and 109.

Keywords: *Glycine max*, soybean food, mixed models, multivariate analysis

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a cultura oleaginosa mais importante do sistema agrícola mundial. Sua relevância é, em grande parte, devido à forma de utilização dos seus produtos na alimentação animal e humana, por ser a principal fonte de proteína e óleo do mundo (CASTOLDI et al., 2011).

No ano agrícola 2019/2020, a área cultivada da oleaginosa cresceu 3% em relação à safra anterior, passando de 35.874 mil hectares para os atuais 36.949,8 mil hectares, fazendo com que o Brasil se destacasse como o maior produtor mundial, com uma produção recorde e histórica de 124,8 milhões de toneladas, representando um ganho de 4,3% em relação à safra 2018/19. Economicamente, o complexo da soja é de grande importância no cenário da economia brasileira, devido a arrecadação com exportações e por constituir uma das principais commodities mundiais (CONAB, 2020; CONAB, 2019).

Esse aumento na produtividade da soja é devido principalmente aos avanços ocorridos nos programas de melhoramento genético da cultura, onde genótipos cada vez mais produtivos são selecionados por meio de experimentos em ambientes diferentes (anos e locais), onde observa-se que a mesma cultivar pode apresentar diversos desempenhos de acordo com o ambiente de estudo. Essa variação ocorre principalmente devido a interação entre os fatores genéticos e ambientais (BORNHOFEN et al., 2017).

Cultivares de soja destinadas ao consumo humano, além das características agrônômicas tradicionais para a cultura, tais genótipos devem apresentar características específicas para o mercado consumidor. Contudo a maioria destes caracteres são de natureza quantitativa e sofrem muita influência ambiental, por isso é fundamental determinar o quanto da variabilidade fenotípica é herdável, ou seja, de natureza genética, para assim escolher a melhor estratégia de seleção e obter maiores ganhos (CASTOLDI et al., 2011; ZOLDAN et al., 2014; TEIXEIRA, 2016).

Caracterizada como um alimento calórico-proteico, portanto contém elevado teor de proteína, além de possuir todos os aminoácidos essenciais, o teor de óleo e fração lipídica rica em ácidos graxos poli-insaturados, carboidratos, sais minerais e

fibras, portanto, sua utilização na alimentação humana é devida principalmente a sua composição nutricional.

O desenvolvimento e recomendação de novas variedades exige que muitos genótipos sejam avaliados simultaneamente, para que a seleção seja realizada por meio da estimação dos valores genotípicos. Entretanto, o principal entrave é justamente a predição dos valores genotípicos, pois para realizar a predição é necessário conhecer os componentes da variância, bem como obter a sua estimação de forma precisa (PIEPHO et al., 2008; RESENDE, 2004).

Tendo em vista a necessidade de se obter ganhos genéticos a cada ciclo de seleção, uma das formas de se melhorar a eficácia das estimativas é por meio da utilização de metodologias estatísticas mais acuradas. A aplicação da metodologia de modelos mistos tem ganhado bastante importância nos estudos genéticos, como na estimação dos valores genotípicos, no estudo de parâmetros genéticos e na seleção de novos genótipos e progênes (DALLASTRA et al., 2014; VIANNA et al., 2013; LOPES et al., 2008; MAIA et al., 2009).

Com isto, a utilização do procedimento REML (máxima verossimilhança restrita) na estimação dos componentes de variância e parâmetros genéticos, e do procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada) responsável pela predição de valores genotípicos, vêm sendo amplamente utilizadas nos programas de melhoramento genético de plantas (RESENDE 2016, TORRES FILHO et al., 2017, SOUSA et al., 2019).

Atualmente, são empregadas diversas metodologias no processo de seleção de genótipos superiores. A análise multivariada é uma das mais indicadas devido a possibilidade de avaliar diversas características simultaneamente. Técnicas de análises multivariadas são muito úteis na análise experimental, com finalidades bem diversas entre si. Dentre os métodos multivariados existentes, a “análise de componentes principais” é uma ferramenta que ajuda a reduzir o número de variáveis que necessitam ser consideradas a um número menor, denominados de componentes principais os quais são combinações lineares das variáveis originais (VICINI, 2005; MANLY, 2008).

Neste sentido, o programa de melhoramento de soja da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, campus de Jaboticabal, vem atuando a vários anos

no melhoramento genético da soja. Em uma de suas linhas de pesquisa, foi realizado o cruzamento entre as cultivares BRSMG 810C x BRSMG790A (população A) e BRSMG810C x BRSMG 800A (população B). O estudo de tais populações consiste na continuidade dos trabalhos realizados por Teixeira (2016) e Azevedo et al., (2020), onde estes genitores foram previamente selecionados visando a obtenção de cultivares de soja com características agronômicas e comerciais de importância para a alimentação humana, associado com a resistência ao nematoide de cisto de soja (NCS) proveniente da cultivar BRSMG 810C.

Mediante o exposto e considerando-se os aspectos positivos dos modelos mistos e das análises multivariadas, o objetivo do presente trabalho consiste em identificar estratégias eficientes para a seleção de genótipos superiores, em populações de soja provenientes de cruzamentos entre genitores de soja tipo grão x tipo alimento, na busca de genótipos com características para alimentação humana e agronomicamente superiores e visando maior acurácia, no processo seletivo.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Importância econômica

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é a oleaginosa de maior importância mundial, pertencente à família Fabaceae. A espécie é autógama, anual, herbácea, ereta, crescimento morfológico diversificado, com número variado de ramificações e ciclo de 80 a 120 dias, dependendo da cultivar e das condições ambientais (SEDIYAMA, 2015).

Mundialmente é a cultura mais relevante por ser fonte sustentável de proteína e óleo, devido à grande forma de utilização dos seus produtos na alimentação humana, animal e ao seu valor econômico no mercado nacional e internacional (KANG et al., 2018; SINGH, 2017; TEIXEIRA 2016).

Originária de regiões temperadas, o fotoperíodo é o fator chave em sua adaptação. A introdução da característica de juvenildade longa foi um grande avanço na produção em regiões tropicais. Em função disso, o Brasil tornou-se um dos maiores produtores de soja, por ter ocorrido muitas quebras de fronteiras agrícolas (SINGH, 2017).

No ano agrícola 2018/2019, a oleaginosa apresentou crescimento na área cultivada de 1,9% em relação à safra anterior, correspondendo ao plantio de 35,8 milhões de hectares com uma produtividade de 3206 kg/ha. A produção nacional atual é de aproximadamente 115 milhões de toneladas, onde as regiões Centro-oeste e Sul representam mais de 79% dessa produção (CONAB, 2019).

No ano agrícola 2019/2020, a área plantada da oleaginosa cresceu 3% em relação à safra anterior, saindo de 35.874 mil hectares para os atuais 36.949,8 mil hectares, fazendo com que o Brasil se destacasse como o maior produtor mundial, com uma produção recorde e histórica, com a produção de 124,8 milhões de toneladas, ganho de 4,3% em relação à safra 2018/19 (CONAB, 2020).

Portanto, economicamente o complexo da soja, composto pela soja em grãos e seus derivados como óleo e farelo, é de grande importância no cenário da economia brasileira, devido a arrecadação com exportações e por constituir uma das principais commodities mundiais (CONAB, 2019).

2.2. Utilização da soja como alimentação

A soja é a principal fonte de proteína vegetal utilizada no mundo, devido ao seu valor nutricional e por conter todos os aminoácidos essenciais para o organismo (ERDAW et al., 2016; RIGO et al., 2015).

A soja é um alimento calórico-proteico, onde sua utilização na alimentação humana é devido a sua composição nutricional. A proteína presente em sua composição é uma excelente opção para substituir as proteínas animais por conter todos os aminoácidos essenciais, além de possuir uma fração lipídica rica em ácidos graxos poli-insaturados, carboidratos com atividade probiótica, sais minerais e fibras solúveis e insolúveis (HIRAKURI et al., 2018).

Sua composição consiste em um elevado teor de proteína (40%), óleo (20%) e carboidratos (27%), fazendo com que a mesma seja utilizada na alimentação humana e animal, tornando um produto destinado a agroindústrias e alimentação (TEIXEIRA, 2016; AZEVEDO et al., 2020; SILVA, 2015).

Cultivares de soja destinadas ao consumo humano, devem apresentar características diferenciadas devido a aceitação do público consumidor,

principalmente as que envolvem a qualidade e sabor dos grãos, como maior teor de amido, sacarose, frutose, ácido glutâmico, alanina e proteína; ausência de enzimas lipoxigenases (L1, L2 e L3), bem como características físicas ideais como coloração do tegumento e hilo, tamanho do grão, textura e tempo de cozimento (CASTOLDI et al., 2011; CHARNAI et al., 2014; ZOLDAN et al., 2014).

Sendo assim, no melhoramento da soja destinada a alimentação humana, além das características agronômicas, os aspectos de qualidade e valores nutricionais devem ser levados em consideração no melhoramento genético, pois as mesmas podem ser modificadas a fim de se obter cultivares de soja especiais para o consumo humano (TEIXEIRA, 2016).

2.3 Caracteres agronômicos de interesse para o melhoramento

O melhoramento convencional baseia-se na identificação e seleção de genótipos superiores realizadas pela análise do desempenho de várias características de importância econômica (CASTOLDI et al., 2011; SILVA et al., 2018).

Sabe-se que um dos principais objetivos dos programas de melhoramento da soja é a produtividade de grãos. Entretanto, assim como a produtividade, outras características são de extrema importância e a seleção simultânea de vários caracteres agronômicos de interesse econômico amplia a chance de êxito nos programas de melhoramento. Algumas características importantes são: o ciclo que consiste no número de dias de emergência até a maturidade, a altura de planta e a inserção da primeira vagem, além da resistência a doenças, onde o incremento dessas características consequentemente influenciam no aumento da produtividade (CASTOLDI et al., 2011; SILVA et al., 2018).

As características necessárias para o mercado consumidor principalmente dos genótipos destinados a alimentação humana, consistem em diversos atributos físicos - características físicas ideais como coloração do tegumento e hilo, tamanho do grão, textura e tempo de cozimento- e químicos -qualidade e sabor dos grãos, como maior teor de amido, sacarose, frutose, ácido glutâmico, alanina e proteína; ausência de enzimas lipoxigenases (L1, L2 e L3)-, além da cor do grão, consistindo em parâmetros importantes para determinar a qualidade do produto. Por isso, a importância dos

programas de melhoramento que visam a avaliação e a junção dos caracteres agrônômicos de interesse, aliado à resistência a pragas e doenças em genótipos superiores (CASTOLDI et al., 2011; SILVA et al., 2018).

2.4 Resistência ao nematoide de cisto da soja (NCS)

O nematoide de cisto de soja (NCS) causado por *Heterodora glycines* é um dos patógenos mais devastadores da soja em todo o mundo, por causarem perdas significativas na produção. As plantas infectadas apresentam sintomas de clorose foliar, necrose radicular, redução do crescimento radicular e severa redução de peso das sementes (ABDELMAJID, et al., 2014; LU, 2018).

A resistência ao NCS é complexa, poligênica específica para raças e cultivares, controlada por vários locos, por serem de natureza quantitativa. Como resultado desses fatores, o desenvolvimento de cultivares resistentes utilizando abordagens de seleção fenotípica são desafiadoras. Atualmente, mais de 95% das cultivares resistentes a NCS cultivadas na América do Norte, possuem os genes de resistência oriundos da PI88788 que não são resistentes a todos as raças de *Heterodora glycines* (ABDELMAJID, et al., 2014; LU, 2018).

A utilização de cultivares resistentes deve ser ponderada evitando-se pressão de seleção nas raças fisiológicas, por existir variabilidade patogênica, ocorrendo alteração na frequência alélica, quebra de resistência e aparecimento de novas raças fisiológicas, não contempladas pelos genes de resistência comumente utilizados, comprometendo a vida útil de cultivares, especialmente em condições de monocultivo de soja (BORÉM; MIRANDA, 2013; VITTI, 2009; RIGGS; SCHMITT, 1993; BALDWIN; MUNDO-OCAMPO, 1991).

No Brasil, Dias et al. (2009), citam a presença de 11 raças do NCS (1, 2, 3, 4, 4+, 5, 6, 9, 10, 14 e 14+), em 10 estados do Brasil (MS, MT, GO, SP, PR, RS, BA, BA, TO, MA), sendo as raças 3 e 14 as mais disseminadas e importantes do ponto de vista agrícola.

Devido a importância da cultura e a perda na produção de grãos nas lavouras causados pelo NCS, a base genética de resistência ao patógeno vem sendo bastante estudada nos últimos anos. Com os avanços da biotecnologia, tornou-se mais

facilitado o processo de seleção de linhagens resistentes, pois não é necessária a realização de laboriosas avaliações fenotípicas ligadas ao NCS.

2.5 Espectroscopia por infravermelho próximo (NIR)

Por ser um método não-destrutivo, a técnica consiste em mensurar o comprimento de ondas e a intensidade da absorção de luz infravermelha próxima da amostra (PASQUINI, 2003).

A técnica da espectroscopia NIR (*Near InfraRed Spectroscopy*) tem a finalidade principal de se obter informações qualitativas e quantitativas de uma amostra através da interação das ondas eletromagnéticas do infravermelho e os constituintes da amostra, proveniente das ocorrências espectrais na região do infravermelho próximo e das ligações que o hidrogênio participa, tornando a técnica útil para determinar os compostos orgânicos que contêm principalmente ligações C-H, O-H, N-H e S-H, sem que seja necessário o pré-tratamento da amostra. O infravermelho próximo corresponde a região posterior à do visível, o que corresponde aos comprimentos de onda de 750 a 2500 nm, com números de onda de 13300 a 4000 cm^{-1} , respectivos (PASQUINI, 2003; CORRÊA, 2014).

Quando comparada a outros métodos químicos, a espectroscopia (NIR) apresenta vantagens, pois não necessita de preparação das amostras, não tem geração de resíduos, é rápida e não destrutiva. Portanto não polui, possui baixo custo, rapidez e a possibilidade de fazer várias leituras de diferentes componentes simultaneamente em uma única análise (GONZAGA, 2006).

As principais vantagens oferecidas pela espectroscopia NIR são: possibilitar a determinação sem tratamento das amostras; possibilita a obtenção dos resultados de forma rápida; verificar a autenticidade das amostras independente das suas formas (líquida, pasta ou sólida) e teores; e principalmente por ser uma análise não-destrutiva permitindo a utilização das amostras em outras análises (NUNES, 2008).

Portanto, a utilização da espectrometria do infravermelho próximo (NIR) é uma técnica de fundamental importância possibilitando conhecer o teor de óleo, proteína entre outras características das amostras, pois permite a análise de forma rápida e

não destrutiva, podendo posteriormente essas sementes serem utilizadas para outros estudos (PASQUINI, 2003; CORRÊA, 2014).

2.6 Modelos mistos e sua utilização na seleção dos genótipos

O desenvolvimento de novas cultivares e a recomendação de novas variedades exigem um conjunto maior de genótipos candidatos para que a seleção seja realizada, portanto busca-se estimar os valores genotípicos (PIEPHO et al., 2008).

O principal problema do melhoramento genético é justamente a predição dos valores genotípicos dos vários genótipos candidatos, pois para a realização da predição é necessário o conhecimento dos componentes da variância ou a sua estimação precisa (RESENDE, 2004).

Anteriormente, utilizava-se o método dos quadrados mínimos, as covariâncias eram estimadas e interpretadas através da esperança matemática que resultava nos componentes de variância. Desse modo, algumas suposições eram realizadas como: modelo de atividade, distribuição normal dos dados, independência e homogeneidade dos erros. Recentemente, os componentes de variância e as variâncias dos efeitos aleatórios em modelos lineares mistos pode ser estimado diretamente no conjunto de dados, onde não é necessário atender as premissas utilizadas no método dos quadrados mínimos (CARVALHO; FRITSCH NETO; GERALDI, 2008).

Sempre que o modelo apresenta todos os efeitos fixos é denominado de modo linear fixo; quando o modelo linear apresentar além do erro experimental, outros efeitos aleatórios em conjunto com outros efeitos fixos, além da média, são denominados de modelo misto. No modelo linear misto, o êxito está ligado às estruturas de variância e covariância das variáveis aleatórias explicadas por fatores aleatórios, após a eliminação dos efeitos fixos e a caracterização dos efeitos residuais, onde os modelos lineares, nos parâmetros, possuem pelo menos um efeito aleatório designado por erro experimental (PEREIRA; GRAVINA; THIÉBAUT, 2012).

Os modelos mistos lineares atualmente constituem um importante segmento da análise estatística dos dados, o qual vem sendo um dos tópicos mais desenvolvidos em análises estatísticas de programas de melhoramento genético de plantas (LITTELL, 2002).

A seleção por modelos mistos foi apresentado por Henderson, em 1973, ao resolver um problema estatístico simples utilizando a melhor predição linear não viesada (BLUP), onde a média populacional é a mesma para todos os tratamentos genéticos, somente para termos de processo de estimação se trata de uma mesma população (GONÇALVES; FRITSCH NETO, 2012; RESENDE, 2004; RESENDE, 2007a).

O procedimento REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Petterson e Robin Thompson em 1971, constituindo uma metodologia padrão para análise estatística em uma gama de aplicações. O REML é uma generalização da análise de variância (ANOVA) para situações mais complexas (RESENDE, 2004; RESENDE, 2007a).

Sendo assim, o procedimento de BLUP é responsável pela predição de valores genéticos e o REML é responsável por estimar os componentes da variância. As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite a comparação de indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a correção dos efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com dados complexos (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais (RESENDE, 2004; STURION; RESENDE, 2010).

Os preditores BLUP e estimadores REML são utilizados nas várias situações e nos diferentes delineamentos experimentais. Vários protocolos de estudo e projetos de pesquisa experimentais produzem dados para quais os modelos mistos são apropriados, tais como: blocos ao acaso, látice, linha e coluna e blocos aumentados, também os delineamentos de cruzamentos associados a autofecundações podem ser analisados via REML/BLUP. Em espécies autógamas é comum a avaliação em várias gerações de autofecundação, de linhagens obtidas através do cruzamento entre genitores divergentes (RESENDE, 2004).

Nas análises de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não são testados via teste F, tal como se faz na ANOVA. Na análise de modelos mistos, para os efeitos aleatórios, o teste recomendado é o teste da razão de verossimilhança, para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser elaborado,

denominado análise de deviance, estabelecido segundo os seguintes passos (RESENDE, 2007b; STURION; RESENDE, 2010):

- a) Obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- b) Obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- c) Obtenção da diferença entre as deviances para os modelos sem e com o efeito a ser testado, alcançando a razão de verossimilhança (LR);
- d) Teste via LRT da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

2.7 Abordagens Multivariadas na seleção de genótipos

A análise multivariada é uma das mais indicadas para a seleção de genótipos devido a possibilidade de avaliar diversas características simultaneamente. Técnicas de análises multivariadas são muito úteis na análise experimental, com finalidades bem diversas entre si. Dentre os métodos multivariados existentes, a “análise de componentes principais” é uma ferramenta que ajuda a reduzir o número de variáveis que necessitam ser consideradas, denominados de componentes principais, os quais são combinações lineares das variáveis originais (VICINI, 2005; MANLY, 2008). Portanto, a complementaridade aos componentes principais na seleção de genótipos tem sido utilizada de forma eficiente à análise de agrupamento (PITTA et al., 2010). Esta possui a finalidade de separar um grupo original de observações em vários subgrupos com base nos caracteres que eles possuem, seguindo-se algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014; HAIR et al., 2009). Estes subgrupos são formados de modo que as distâncias entre os elementos de um subgrupo sejam mínimas e as distâncias entre os subgrupos sejam máximas.

A Análise de Componentes Principais (PCA) é executada com o objetivo de simplificar a descrição de um conjunto de variáveis relacionadas. A técnica busca reduzir o espaço de variáveis criando eixos ortogonais que são combinações lineares das variáveis originais denominados componentes principais. É medido o poder de cada variável no seu respectivo componente, o que permite diminuir a estrutura de

variáveis originais numa nova estrutura menor que a inicial. As unidades amostrais (ou objetos) são distribuídas em gráficos bidimensionais ou tridimensionais onde os eixos ortogonais são os componentes principais (FERRAUDO, 2010).

Os componentes principais são não correlacionados, fato que se torna interessante, pois um pesquisador estando com um problema envolvendo variáveis originais de complexo inter-relacionamento, pode analisar um conjunto menor de variáveis não correlacionadas que são os componentes principais. Num conjunto grande de variáveis, nem todas apresentam quantidade de informação relevante podendo através da ACP selecionar aquelas que mais possuem quantidade de informação relevante (FERRAUDO, 2010).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Material genético

Foram avaliadas populações provenientes do cruzamento entre as cultivares BRSMG 810C x BRSMG790A (população A) e BRSMG810C x BRSMG 800A (população B) (Figura1).

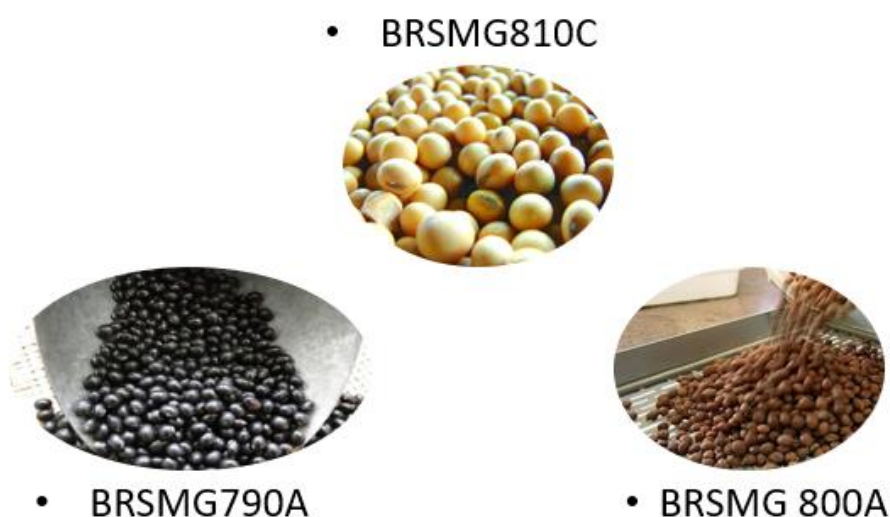


Figura 1: Cultivares utilizadas nos cruzamentos para obtenção das populações do experimento.

Sendo essas populações uma continuidade dos trabalhos realizados por Teixeira (2016) e Azevedo et al., (2020), onde estes genitores foram previamente selecionados visando a obtenção de cultivares de soja com características agrônômicas e comerciais de importância para a alimentação humana, associado com a resistência ao nematoide de cisto de soja (NCS) proveniente da cultivar BRSMG 810C.

A cultivar BRSMG 810C é um genótipo classificado como tipo grão, apresenta resistência ao nematoide de cisto de soja das raças 1 e 3, possuem alto teor de proteínas, morfologicamente seus grãos apresentam tegumento amarelo, hilo preto e presença de derramamento de hilo (TEIXEIRA, 2016; AZEVEDO et al., 2020).

A cultivar BRSMG 790A possui características físicas, químicas e nutricionais favoráveis ao consumo humano e a indústria de alimentos. Morfologicamente apresentam tegumento e hilo amarelo e ausência de derramamento de hilo, alta taxa de carboidratos e sabor suave. A cultivar BRSMG 800A apresenta característica física semelhante ao feijão do tipo “carioca” o que reforça a aceitabilidade do consumo na alimentação humana. Possui tegumento e hilo marrom e ausência de derramamento de hilo. Porém, ambas apresentam susceptibilidade à raça 3 do nematoide de cisto de soja (TEIXEIRA, 2016; AZEVEDO et al., 2020).

3.2 Local e condução experimental

O experimento foi conduzido na Fazenda de Ensino Pesquisa e Extensão (FEPE) da FCAV – UNESP, Campus de Jaboticabal. O município está localizado na região noroeste do estado de São Paulo, a uma latitude de 21° 14' 59" Sul, longitude 48° 17' 8" Oeste, com 575 metros de altitude. O solo do local é classificado como um latossolo vermelho-escuro eutrófico, textura muito argilosa e relevo suave ondulado. De acordo com Köppen (1948), o clima da região é do tipo Cwa, apresentando verão quente e úmido, inverno seco, temperatura média anual de 22,2°C e precipitação média de 1,451 mm (ANDRIOLI; CENTURION, 1999; VIANNA et al. 2013).

A condução do experimento ocorreu no ano agrícola 2019/2020, onde a semeadura foi realizada sob o sistema de plantio direto, sobre palhada de milho,

realizada dentro do período compreendido pelo zoneamento agroclimático de risco para a cultura e local. A adubação, manejo, tratos culturais e controle fitossanitário foram realizados de acordo com as recomendações da cultura (EMBRAPA, 2014).

3.3 Avaliação dos genótipos

Foram avaliados 128 genótipos em geração F8 de endogamia, onde 59 genótipos são provenientes do cruzamento entre as cultivares BRSMG 810C x BRSMG790A (população A) e 64 genótipos provenientes do cruzamento entre as cultivares BRSMG810C x BRSMG 800A (população B). O experimento foi realizado em delineamento experimental de látice retangular parcialmente balanceado, com duas repetições, sendo os tratamentos distribuídos em 8 blocos com 16 genótipos em cada bloco, totalizando 256 parcelas experimentais.

Foram utilizadas como testemunha os três genitores (BRSMG 810C, BRSMG 790A e BRSMG 800A) e as cultivares comerciais TMG 1182 e M6410 IPRO. A unidade experimental foi composta por quatro linhas de cinco metros de comprimento, espaçadas de 0,5 metro entre linhas, sendo a área útil formada pelos quatro metros das duas linhas centrais, com uma densidade de aproximadamente 16 plantas por metro.

3.4 Caracteres avaliados

Foram avaliados os caracteres: número de dias para o florescimento (NDF), contagem de número de dias da emergência à floração; número de dias para a maturidade (NDM) - contagem em dias a partir da germinação até a maturidade, no estágio R8 (FEHR; CAVINESS, 1977).

Foram selecionadas e avaliadas 5 plantas individuais dentro de cada parcela para os seguintes caracteres: altura de planta na maturidade (APM), em centímetros, da superfície do solo até o ápice da haste principal; altura de inserção da primeira vagem (AIV), em centímetros, da superfície do solo até a inserção da primeira vagem, acamamento (AC), escala de notas visuais, onde foram atribuídas notas de 1 a 5 de acordo com a seguinte escala: 1 - todas ou quase todas as plantas eretas; 2 – maioria das plantas levemente inclinadas ou até 25% das plantas acamadas; 3 - todas as plantas medianamente inclinadas ou de 25 a 50% das plantas acamadas; 4 - todas as

plantas fortemente inclinadas ou de 50 a 80% das plantas acamadas; 5 - mais de 80% das plantas acamadas; valor agrônomo (VA), escala de notas visuais, variando de 1 (planta ruim) a 5 (planta excelente).

As avaliações realizadas pós colheita, após a limpeza das sementes foram: determinação de umidade; Peso de 100 sementes (PCS) - mensurado em gramas; produção de grãos (PROD) mensurado em gramas com posterior correção da umidade das sementes para 13%, para obtenção do peso corrigido, sendo convertido em produtividade de grãos em kg/ha - calculada a partir da extrapolação da produção de grãos na área útil das parcelas, para kg/ha.

3.5 Avaliação teor de óleo e proteína

A qualidade industrial dos genótipos de soja foi expressa pelos teores de óleo e de proteína nos grãos, em percentagem. As amostras foram coletadas das duas repetições.

Os teores de porcentuais de proteína e óleo das amostras foram determinados no Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas pertencente ao Departamento de Ciências da Produção Agrícola, Setor de Produção Vegetal da FCAV – UNESP. A determinação foi realizada em grãos de soja íntegros pela técnica da Reflectância do Infravermelho Próximo (NIR).

Foram tomadas amostras dos grãos inteiros e limpos, sendo aproximadamente 80 gramas de cada amostra, os quais foram submetidos a leitura única devido não ter alteração nos valores, sendo as amostras analisadas pela reflectância difusa utilizando acessório de Rotação do próprio equipamento Espectrômetro Modelo FT-NIR TANGO da marca Bruker. Ressalta-se que a curva de calibração e a sua validação foi realizada por Leite (2015).

3.6 Análise Estatística

Os dois experimentos foram analisados via metodologia de modelos lineares mistos (procedimento REML/BLUP), sendo que o modelo estatístico utilizado foi o 17 (Modelo = Látice, teste de linhagens de autógamias ou híbridos, média por parcela)

sendo estas realizadas com auxílio do software estatístico SELEGEN (RESENDE, 2007).

O modelo estatístico a ser ajustado é o seguinte:

$$y = Xr + Zg + Wb + e$$

Onde: y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios), b é o vetor dos efeitos de blocos (assumidos como aleatórios), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Além desta análise, foi também adotada a técnica multivariada, procedendo o método de componentes principais. As análises foram processadas com o auxílio do software computacional STATISTICA versão 7 (STATSOFT, 2004).

Foram considerados somente autovalores acima de 1 ou muito próximos, pois geram componentes com quantidade relevante de informação das variáveis originais. Para aqueles abaixo de 1 a quantidade de informação retida no componente não é relevante (KAISER, 1958).

Os gráficos biplot foram gerados com o auxílio do software PAST versão 4.03 (HAMMER, 2017).

Em cada gráfico biplot, resultante da análise de componentes principais, foi gerada uma elipse com diâmetro, entre -2 e 2 ($\alpha \approx 49\%$), os genótipos localizados fora de cada elipse foram considerados genótipos com propriedades específicas para seleção.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela estimativa dos parâmetros genéticos e das médias genotípicas das características avaliadas, via REML/BLUP (Tabela 1), no ano agrícola de 2019/2020, o coeficiente de variação ambiental (CVe) teve uma variação de 2,81 (ÓLEO %) a 25,07 valor agrônomo (VA).

Tabela 1. Componentes de Variância (REML Individual) obtidos de 11 características agronômicas avaliadas em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

Parâmetros	NDF	APF	NDM	APM	AIV	AC	VA	PROD	PCS	PROT (%)	ÓLEO (%)
σ^2_g	14.30	52.03	26.10	76.15	4.27	0.040	0.050	441364.88	3.88	0.85	0.69
σ^2_b	0.052	0.47	4.53	1.66	1.42	0.013	0.009	68931.89	0.21	0.020	0.034
$\sigma^2_{e:}$	14.35	43.47	20.91	42.77	5.19	0.10	0.14	432718.92	0.59	1.12	0.32
σ^2_f	28.70	95.97	51.54	120.58	10.89	0.15	0.20	943015.69	4.68	1.98	1.05
h^2	0.49 ± 0.12	0.54 ± 0.13	0.51 ± 0.13	0.63 ± 0.14	0.39 ± 0.11	0.26 ± 0.09	0.25 ± 0.09	0.47 ± 0.12	0.83 ± 0.16	0.43 ± 0.12	0.66 ± 0.14
c^2_b	0.0018	0.0049	0.088	0.0138	0.131	0.082	0.049	0.073	0.045	0.010	0.032
h^2_{mlin}	0.67	0.71	0.71	0.78	0.62	0.44	0.41	0.67	0.93	0.60	0.81
Ac	0.82	0.84	0.84	0.88	0.79	0.66	0.64	0.82	0.96	0.78	0.90
CV_g	6.72	15.67	3.76	13.20	14.26	15.72	6.29	18.82	12.04	3.47	4.10
CV_e	6.73	14.32	3.36	9.89	15.73	25.07	10.55	18.64	4.70	3.98	2.81
CV_g/CV_e	1,00	1,09	1,12	1,33	0,91	0,63	0,60	1,01	2,56	0,87	1,46
PEV	4.78	15.33	7.46	16.70	1.62	0.022	0.029	145187.67	0.27	0.34	0.13
SEP	2.19	3.91	2.73	4.09	1.27	0.15	0.17	381.04	0.52	0.58	0.36
M	56.27	46.03	135.94	66.12	14.49	1.27	3.55	3529.95	16.37	26.52	20.31

σ^2_g : Variância genotípica; σ^2_b : Variância entre blocos; $\sigma^2_{e:}$: Variância residual (ambiental); σ^2_f : Variância fenotípica; h^2 : Herdabilidade no sentido amplo ao nível de parcela, ou seja dos efeitos genotípicos; c^2_b : coeficiente de determinação dos efeitos de bloco; h^2_{mlin} : herdabilidade da média de linhagem ou híbrido; **Ac**: acurácia da seleção de genótipos; **CV_g**: coeficiente de variação genético; **CV_e**: coeficiente de variação ambiental; **CV_g/CV_e**: Razão; **PEV**: variância do erro de predição dos valores genotípicos, assumindo ausência de perda de parcelas; **SEP**: desvio padrão do valor genotípico predito, assumindo ausência de perda de parcelas; μ : Média geral.

De acordo com Brasil (2012) só devem ser considerados os experimentos cujos coeficientes de variação experimental (CVe) sejam inferiores ou iguais a 20% para experimentos em VCU. Esse critério é utilizado para as culturas de soja, trigo, feijão, milho e sorgo. Entretanto, por se tratar da característica valor agrônomo, tal valor é esperado visto que VA é um caráter quantitativo significativamente influenciado pelas características edafoclimáticas de cada ambiente. De acordo com Costa et al. (2008) coeficientes altos podem ocorrer devido ao erro experimental causado por algumas condições climáticas desfavoráveis como à baixa precipitação nos meses de outubro e novembro, fato que ocorreu no ano agrícola de 2019/2020 (Figura 2).

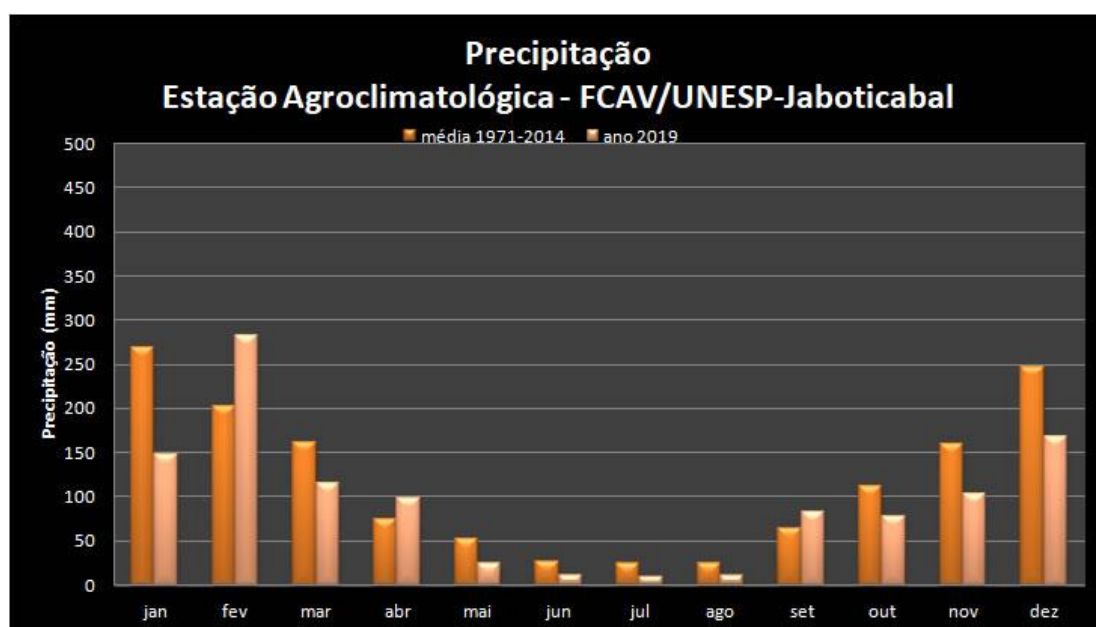


Figura 2. Balanço hídrico no ano agrícola de 2019, na estação agroclimatológica – FCAV/UNESP – Jaboticabal.

Leite et al. (2016), encontraram valores de coeficiente de variação ambiental (CVe) oscilando de 9,34 a 30,75 para altura de planta no florescimento e produtividade de grãos respectivamente.

O valor obtido no presente trabalho foi de 18,64% para a característica de produtividade (PROD), indicando boa condição para seleção na condição experimental avaliada. Costa et al. (2008) apresentam valores de 5,25 para valor

agronômico e 22,09 para produtividade de grãos. Para produtividade, coeficientes de variação acima de 30% são considerados elevados (COSTA et al., 2008).

Os valores obtidos para os coeficientes de variação genético (CVg) (Tabela 1) variaram de 3,47 teor de proteína (PROT %) a 18,82 para produtividade (PROD).

O CVg é um parâmetro importante que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade genética presente na população para um determinado caráter, quantificando a magnitude da variação genética disponível para seleção e, portanto, altos valores são desejáveis. (FERRÃO et al., 2008).

De acordo com Brogin et al. (2003), valores de herdabilidade no sentido amplo são considerados baixos quando inferiores à 0,30, intermediários entre 0,30 e 0,60 e altos quando superiores a 0,60.

O coeficiente de herdabilidade (h^2) reflete os valores de herança e do ambiente na expressão de caracteres. Assim quanto maior esse coeficiente, maior o sucesso da seleção para um dado caráter. Esse coeficiente pode variar de 0 a 1, sendo valores maiores que 0,5 (alta herdabilidade); valores entre 0,2 e 0,5 (herdabilidade média) e menores que 0,2 (herdabilidade baixa) (SILVEIRA et al., 2006).

Os coeficientes de herdabilidade (h^2) estimados foram de 0,83 (PCS) a 0,25 (VA) (Tabela 1). Com exceção dos caracteres AC e VA por ser uma análise subjetiva, as estimativas de herdabilidade observadas, foram consideradas elevadas ($>0,60$), indicando que a maior parte da variação observada é decorrente dos efeitos genéticos, o que propicia alta precisão na seleção.

Segundo Leite et. al, (2016) os valores estimados em relação aos coeficientes de herdabilidade indicam que a perspectiva de sucesso pela seleção fenotípica é grande, o que pode ser confirmado com os valores obtidos próximos ou maior que 1 no quociente CVg/CVe, para os caracteres (Tabela 1).

Os valores estimados para a razão de CVg/CVe foram de 2,56 (PCS) a 0,60 (VA). Com exceção dos caracteres AC e VA, as estimativas apresentam valores próximos e maiores que 1 (Tabela 1) em concordância com os valores obtidos no coeficiente de herdabilidade.

Portanto, isso indica que se pode obter, na seleção de genótipos superiores, ganhos genéticos mais expressivos. Quando o quociente estimado for próximo, maior ou igual a 1 a variação genética disponível é a maior responsável pela variação

estimada dos dados experimentais. A razão CV_g/CV_e pode ser empregada como um índice indicativo favorável de seleção dos genótipos para cada caráter (LEITE et al., 2016).

Esse é um parâmetro que demonstra o potencial para seleção dos genótipos superiores, bem como a situação adequada para que possa ocorrer um processo seletivo eficiente (LEITE et al., 2016).

A acurácia da seleção de progênies indica a qualidade das informações, bem como dos métodos utilizados na predição dos valores genéticos. De maneira geral, os valores observados de acurácia (A_c) foram de alta magnitude, variando entre 0,64 (VA) a 0,96 (PCS) (Tabela 1).

De acordo com Pimentel et al. (2014), esta medida está associada à precisão da seleção e refere-se à correlação entre os valores genéticos preditos e os valores genéticos verdadeiros.

Valores acima de 60% revelam boa qualidade experimental e, portanto, credibilidade e segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres avaliados (CARVALHO ET AL., 2016; GONÇALVES ET AL., 2020).

A partir da análise dos valores genotípicos previstos para a produção de grãos (Tabela 2), os ganhos preditos com a seleção de 20 tratamentos superiores e com maiores médias baseado no efeito aditivo, obteve ganho genético aditivo variando de 1032,5822 kg/ha a 489,2325 kg/ha somado a média geral obtida para a característica de produtividade, obtendo assim valor genético aditivo para o caráter produtividade de até 4562,5295 kg/ha.

Tabela 2. Estimativas dos valores genotípicos preditos para o caráter produção de grãos em kg/ha.

Ordem	Tratamento	<i>g</i>	<i>u + g</i>	GA	Nova Média
1	71	1032.5822	4562.5295	1032.5822	4562.5295
2	89	972.6268	4502.5741	1002.6045	4532.5518
3	79	918.2744	4448.2217	974.4945	4504.4418
4	62	883.2683	4413.2156	951.6879	4481.6352
5	96	874.3838	4404.3311	936.2271	4466.1744
6	112	765.3938	4295.3411	907.7549	4437.7022
7	108	721.3651	4251.3123	881.1278	4411.0751
8	26	688.7853	4218.7325	857.0850	4387.0322
9	76	647.9276	4177.8748	833.8453	4363.7925
10	91	644.8428	4174.7900	814.9450	4344.8923
11	88	639.6016	4169.5489	799.0047	4328.9520
12	81	619.4676	4149.4149	784.0433	4313.9906
13	110	612.0026	4141.9498	770.8094	4300.7567
14	10	578.5868	4108.5340	757.0792	4287.0265
15	109	546.7671	4076.7144	743.0584	4273.0057
16	119	522.6575	4052.6047	729.2833	4259.2306
17	33	513.1638	4043.1111	716.5704	4246.5177
18	45	507.8458	4037.7931	704.9746	4234.9219
19	52	503.0870	4033.0342	694.3489	4224.2962
20	47	489.2325	4019.1797	684.0931	4214.0404

g: Efeito genético aditivo; *u+g*: Valor genético aditivo; GA: Ganho genético acumulado; *u*: média geral da produtividade = 3529,95

Para o caráter teor de proteína (Tabela 3), o ganho genético aditivo obteve uma variação de 1,7353 a 0,7231 somado a média obtida para a característica de teor de proteína em porcentagem, de acordo com o valor genético aditivo a característica de teor de proteína obtendo genótipos com teor de proteína de até 28,2595%.

Tabela 3. Estimativas dos valores genotípicos preditos para o caráter de teor de proteína em porcentagem.

Ordem	Tratamento	G	<i>u + g</i>	GA	Nova Média
1	113	1.7353	28.2595	1.7353	28.2595
2	72	1.4812	28.0054	1.6082	28.1325
3	42	1.4172	27.9414	1.5445	28.0688
4	12	1.3916	27.9158	1.5063	28.0305
5	26	1.2636	27.7878	1.4578	27.9820
6	99	1.2444	27.7686	1.4222	27.9464
7	47	1.1728	27.6970	1.3866	27.9108
8	63	1.1103	27.6345	1.3520	27.8763
9	95	1.0521	27.5763	1.3187	27.8429
10	102	1.0412	27.5654	1.2910	27.8152
11	117	1.0242	27.5484	1.2667	27.7909
12	50	1.0131	27.5373	1.2456	27.7698
13	94	1.0008	27.5250	1.2267	27.7510
14	103	0.9913	27.5155	1.2099	27.7341
15	73	0.8429	27.3671	1.1855	27.7097
16	78	0.7441	27.2683	1.1579	27.6821
17	109	0.7412	27.2654	1.1334	27.6576
18	76	0.7409	27.2651	1.1116	27.6358
19	44	0.7381	27.2624	1.0919	27.6161
20	36	0.7231	27.2473	1.0735	27.5977

g: Efeito genético aditivo; *u+g*: Valor genético aditivo; GA: Ganho genético acumulado; *u*: média geral do teor de proteína= 26,52

Por sua vez, a característica de teor de óleo obteve ganho de 2,3202 a 0.6679 somado à média obtida para a característica de teor de óleo (Tabela 4), de acordo com o valor genético aditivo apresentando para a característica de teor de óleo genótipos com teores de 22,6321%.

Para Albrecht et al. (2008) determinar os teores de óleo, proteína e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura, é importante pois permite a predição do ganho na próxima geração, assim podendo ser observados quais caracteres com maiores ganhos podem auxiliar a seleção antecipada dos genótipos de acordo com a característica desejável.

Tabela 4. Estimativas dos valores genotípicos preditos para o caráter de teor de óleo em porcentagem.

Ordem	Tratamento	G	$u + g$	GA	Nova Média
1	76	2.3202	22.6321	2.3202	22.6321
2	128	2.2693	22.5812	2.2947	22.6067
3	124	2.2234	22.5354	2.2709	22.5829
4	122	1.9507	22.2626	2.1909	22.5028
5	105	1.7754	22.0874	2.1078	22.4197
6	125	1.3363	21.6482	1.9792	22.2912
7	83	1.3172	21.6292	1.8846	22.1966
8	53	1.1638	21.4758	1.7945	22.1065
9	112	1.1368	21.4488	1.7214	22.0334
10	49	1.1165	21.4285	1.6610	21.9729
11	8	1.1159	21.4278	1.6114	21.9233
12	40	1.0746	21.3865	1.5667	21.8786
13	107	0.9963	21.3083	1.5228	21.8347
14	51	0.9770	21.2890	1.4838	21.7958
15	126	0.8652	21.1772	1.4426	21.7545
16	116	0.7858	21.0977	1.4015	21.7135
17	85	0.7777	21.0897	1.3648	21.6768
18	111	0.7452	21.0572	1.3304	21.6424
19	114	0.6710	20.9829	1.2957	21.6076
20	62	0.6679	20.9799	1.2643	21.5763

g : Efeito genético aditivo; $u+g$: Valor genético aditivo; GA: Ganho genético acumulado; u : média geral do teor de óleo= 20,31.

No melhoramento genético de soja, é dada especial atenção ao desenvolvimento de cultivares com altos teores de proteína e óleo e além de alta produtividade (TASK-AJDUKOVIC et al., 2010). Portanto, visto a necessidade de selecionar genótipos com características para alimentação humana (Teor de óleo e proteína) e agronomicamente superiores (Produtividade), o genótipo que apresentou maior ganho genético para as três características foi o tratamento 76. Entretanto, outros tratamentos também resultaram em elevado ganho genético, como para produtividade e teor óleo sendo os tratamentos 62 e 112, e os tratamentos 26 e 109 com as características de teor de proteína e produtividade de grãos (Tabelas 2, 3 e 4).

Segundo Faria et al. (2007), os métodos que estimam o ganho genético podem ser utilizados para analisar a eficácia do programa de melhoramento. Desta forma, as estratégias podem ser ajustadas para esta obtenção.

De forma a otimizar e confirmar a seleção promissora e simultânea de vários caracteres agronômicos de importância, procedeu-se então a análise pela técnica multivariada, com a utilização dos componentes principais.

Esta análise gerou um total de onze autovalores, onde observou-se que os quatro primeiros componentes obtiveram autovalores superiores e próximos a 1, sendo esses CP1 (27,27%), CP2 (24,88%), CP3 (12,90%) e CP4 (8,19%) responsáveis por explicar 73,24% da variância total contida nas onze variáveis analisadas (Tabela 5).

Tabela 5. Estimativas de autovalores por meio de componentes avaliadas em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

Número do Autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	2,999959	27,27235	2,99996	27,2724
2	2,736691	24,87901	5,73665	52,1514
3	1,418521	12,89565	7,15517	65,0470
4	0,901198	8,19271	8,05637	73,2397
5	0,776833	7,06212	8,83320	80,3018
6	0,711404	6,46731	9,54461	86,7692
7	0,426183	3,87439	9,97079	90,6435
8	0,342960	3,11782	10,31375	93,7614
9	0,269214	2,44740	10,58296	96,2088
10	0,237973	2,16339	10,82094	98,3721
11	0,179064	1,62785	11,00000	100,0000

Na Tabela 6, estão apresentados os resultados da análise de componentes principais, sendo caracterizado onze processos agronômicos com padrões distintos na seleção de genótipos, sendo consideradas variáveis importantes aquelas que apresentaram valores de correlações acima de 0,6, independentes do sinal (FERRAUDO, 2014).

O primeiro componente principal (CP1), foi responsável por 27,27% da variabilidade original, onde os caracteres que apresentaram correlações acima de 0,6 independentes do sinal para discriminar os genótipos foram: APM (0,86), VA (0,79), PROD (0,74), AIV (0,66). Sendo assim, o caráter de altura de planta na maturidade foi

o de maior correlação, e o caráter de menor foi altura de inserção da primeira vagem (Tabelas 5 e 6).

No segundo componente principal (CP2), responsável por 24,88% da variabilidade original, os caracteres que apresentaram maior correlação para discriminar os genótipos foram: NDF (0,81), NDM (0,75), APF (0,73) e PROT (0,65), onde o caráter de número de dias para florescimento foi o de maior correlação, e o caráter de menor correlação foi teor de proteína (Tabelas 5 e 6).

No terceiro componente principal (CP3), responsável por 12,90% da variabilidade original, os caracteres apresentaram maior correlação independentes do sinal para discriminar os genótipos foram: AC (-0,73) com maior e PCS (0,71) (Tabelas 5 e 6).

No quarto componente principal (CP4), responsável por 8,19% da variabilidade original (Tabelas 5 e 6).

Além disso, as correlações de sinais iguais significam que as variáveis são relacionadas positivamente, e as com sinais opostos negativamente (HAIR et al., 2009), ou seja, todos os caracteres considerados importantes no CP1, CP2 e CP4 se relacionam de forma positiva, apenas o CP3 relacionou de forma negativa com a característica de AC (-0,76) (Tabelas 6).

Vale ressaltar que a análise de componentes principais vem se destacando nestes estudos, pois além de identificar os caracteres mais importantes na contribuição de variação total disponível entre os indivíduos analisados, fornece indicação para eliminar os que pouco contribuem (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

Tabela 6. Correlação entre as 11 características agrônômicas e os componentes principais avaliados em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

Variável	CP1	CP2	CP3	CP4
NDF	-0,140899	0,819829	0,032121	-0,218876
APF	0,500717	0,731492	-0,021773	0,014939
NDM	-0,202835	0,757457	-0,183847	0,074613
APM	0,864995	0,240980	-0,215978	-0,223861
AIV	0,661077	0,139235	0,456739	0,325134
AC	0,302563	-0,159799	-0,736168	-0,132581
VA	0,791984	-0,218824	0,146487	0,085184
PROD	0,738563	0,282498	0,111567	0,175080
PCS	-0,043672	-0,152163	0,715977	0,594182
PROT	-0,282204	0,658309	0,009555	0,470580
ÓLEO	0,396489	-0,518211	-0,198482	0,248376

CP1: componente principal 1; CP2: componente principal 2; CP3: componente principal3; CP4: componente principal 4; NDF: Número De dias para o florescimento; APF: altura de plantas no florescimento; NDM: número de dias para maturação; APM: altura de planta na maturação; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PROD: produtividade; PCS: peso de 100 sementes; PROT: teor de proteína; ÓLEO: teor de óleo.

O plano bidimensional formado pelos dois componentes principais CP1 (27,27%) e CP2 (24,88%) que reteve 52,15% da variância total encontra-se ilustrado na Figura 3.

Os tratamentos são distribuídos em um plano de fator coordenado considerando a relação entre as variáveis apresentando os tratamentos e a sua distribuição nos componentes 1 e 2. A ordenação dos pontos indicam que a maioria dos genótipos estão no componente principal 1 e 2 associados ao maior valor sendo elas: PROT, NDM, NDF, APF, PROD, APM, AIV, VA e AC (Figura 3). Portanto sendo estas características de fundamental importância para o melhoramento indicando quais os genótipos podem ser selecionados para essas características por estarem com maior peso.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (27,27%) e CP2 (24,88%), no total reteve 52,15% da variância original (Figura 3). E os genótipos 11, 102, 59, 76, 89, 28, 95, 44, 108, 96, 71 e 79 foram discriminadas pelos caracteres de teor de proteína (PROT), número de dias para maturidade (NDM), número de dias para florescimento (NDF) e altura de florescimento (APF). Ressalta-se que o caráter

teor de proteína consiste em uma das características mais importantes para o presente trabalho.

Os genótipos 111, 52, 65, 97, 70, 53, 49, 116, 107 e 112 foram discriminadas pelos caracteres de produtividade, altura de planta na maturidade, altura de inserção de vagem, valor agrônômico, teor de óleo e acamamento.

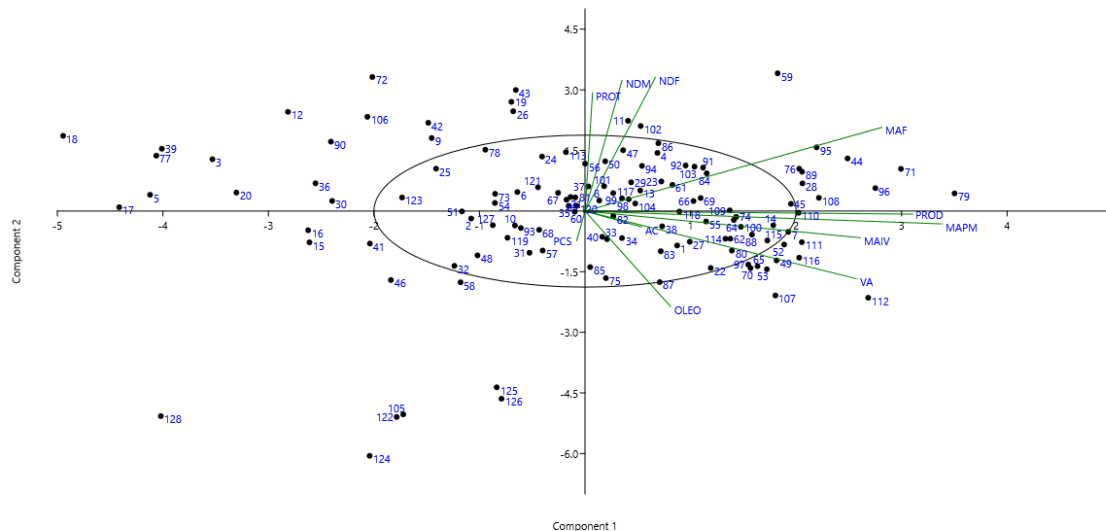


Figura 3. Biplot da dispersão para os componentes principais CP1 × CP2 para as 11 características agrônômicas avaliadas em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (27,27%) e CP3 (12,90%), no total reteve 40,17% da variância original (Figura 4). Os genótipos 11, 56, 75, 101, 50, 4, 23, 92, 69, 59, 53, 17, 76, 110, 28, 44, 96, 71 e 79 foram discriminados pelos caracteres acamamento e altura de planta na maturidade. Os genótipos 82, 99, 27, 55, 109, 97, 111, 116, 95, 115, 89, 7, 52, 45, 108, 112 e 70 foram discriminadas pelo caráter altura de inserção de vagem.

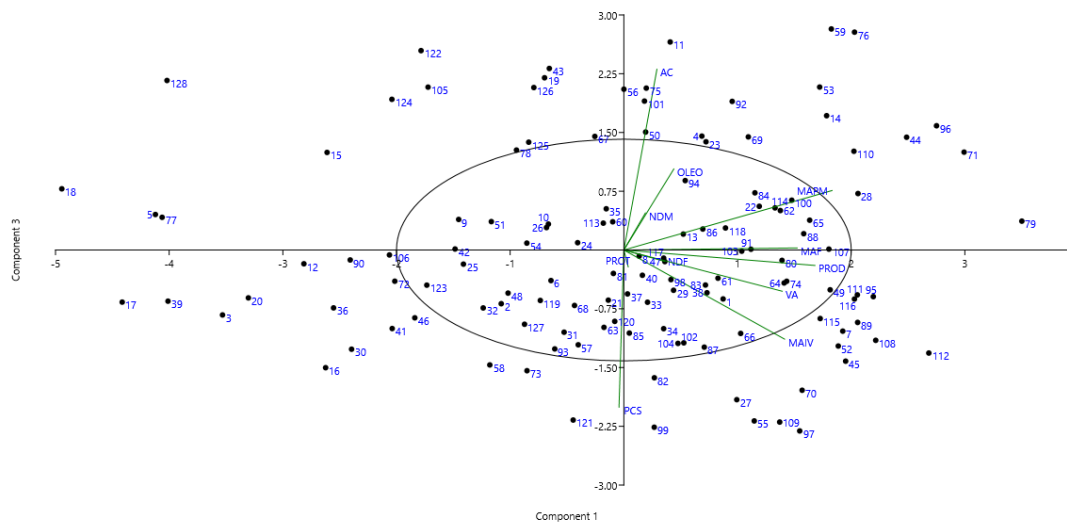


Figura 4. Biplot da dispersão para os componentes principais CP1 × CP3 para as 11 características agrônômicas avaliadas em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (27,27%) e CP4 (8,19%), no total reteve 35,46% da variância original (Figura 5), onde os genótipos 99, 94, 23, 114, 109, 62, 97, 107, 110, 76, 89, 28, 95, 108, 112, 71 e 79 foram discriminadas pelo caráter teor de proteína, sendo esta uma das características mais importantes para o presente trabalho.

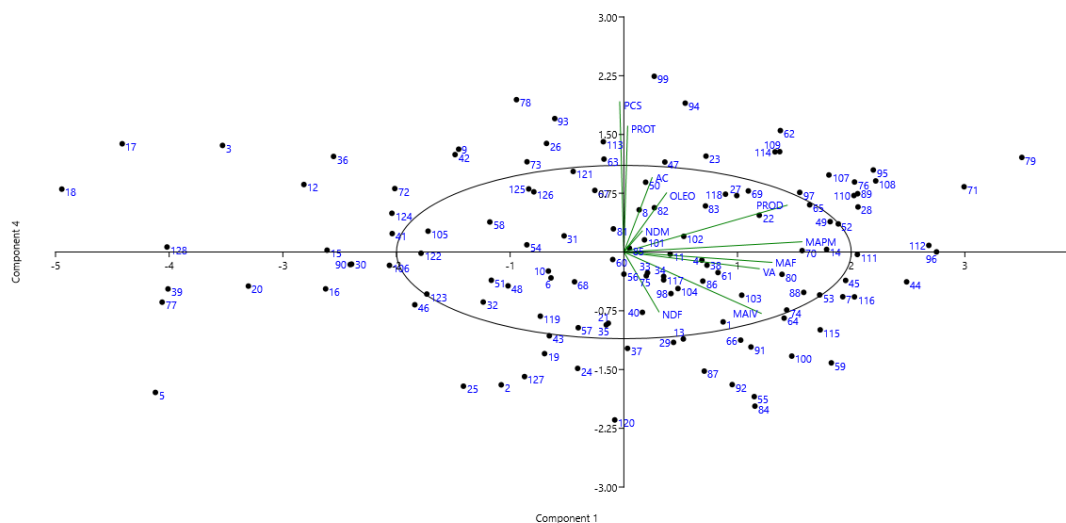


Figura 5. Biplot da dispersão para os componentes principais CP1 × CP4 para as 11 características agrônômicas avaliadas em progênies de soja, Jaboticabal – SP, ano agrícola 2019/2020.

Desta maneira, foram selecionadas aquelas progênies que se destacaram no plano bidimensional e que apresentaram valores desejados para caracteres específicos favoráveis, sendo elas: PROT, NDM, NDF, APF, PROD, APM, AIV, VA e AC.

Vale ressaltar que no melhoramento genético de soja alguns caracteres buscados possuem sentido inverso de seleção, ou seja, não partem do princípio de que maiores valores são considerados superiores e vice-versa. Podendo ocorrer de uma progênie ser discriminada por um caráter na análise de componentes principais e não ser de fato favorável para seleção. Nestes casos, no processo seletivo deve-se levar em consideração as progênies localizadas na direção oposta ao vetor e seus valores genotípicos para estes caracteres.

De acordo com os resultados da análise de componentes principais, bem como as médias fenotípicas, os genótipos selecionados por apresentarem alta produção de grãos, alto teor de proteína e óleo combinadas foram: 76, 112, 102, 95, 44, 89, 116, 107, 53, 71, 89, 79, 96, 11, 59, 28 e 108 (Tabela 7).

Tabela 7. Médias dos tratamentos discriminadas pela análise de componentes principais.

TRAT	NDF	NDM	APF	APM	AIV	AC	VA	PROD	PCS	PROT	OLEO
11	64	144	55	70	12	2	3	4053	13	27	21
44	61	138	54	81	18	2	4	4242	13	28	20
53	57	138	49	81	15	2	4	3865	15	24	22
59	63	144	81	78	15	2	3	3059	11	27	20
71	60	144	59	79	16	2	4	5148	16	27	21
76	62	144	55	72	13	2	4	4611	13	28	23
79	56	144	61	81	20	2	4	4873	18	27	21
89	56	139	57	72	16	1	4	5045	17	28	20
95	72	131	53	78	17	2	4	4087	20	28	20
96	58	138	53	88	16	2	4	4794	14	27	20
102	69	138	50	64	14	1	4	3705	18	28	20
107	53	125	50	79	18	2	4	3936	19	26	21
108	55	139	56	82	16	1	4	4581	19	27	20
111	55	131	59	76	16	1	4	4474	17	26	21
112	55	131	49	78	21	1	4	4857	19	25	22
116	55	131	50	77	19	1	4	4373	16	26	21

Portanto, o que se observou no presente estudo foi que as duas metodologias utilizadas para seleção dos genótipos são complementares. A utilização da análise de componentes principais foi adequada, sendo possível detectar os caracteres de maior influência no processo seletivo, onde podemos destacar os principais componentes como APM, VA e PROD, no primeiro componente, e PROT no terceiro componente, sendo os de maior importância. Os métodos que estimam os parâmetros genéticos e o ganho genético apresentam eficácia como estratégias de seleção em programas de melhoramento genético, podendo ser ajustadas para a obtenção de maior eficácia, e para destacar a alta precisão na seleção, demonstrando alto potencial para seleção dentro das condições experimentais.

Sendo assim, pode-se considerar que foram identificados três processos agrônômicos promissores na seleção de genótipos nas duas análises estatísticas, permitindo a identificação de genótipos com propriedades específicas, com destaque para a seleção por ganho genético, por meio das análises de modelos mistos, associada à análise de componentes principais, pois ambas as análises permitiram selecionar e discriminar genótipos congruentes, sendo estes: 76, 62, 26, 112, 47 e 109.

Destaca-se ainda a facilidade de visualização observada na análise de componentes principais por meio da dispersão gráfica bidimensional.

5. CONCLUSÕES

1. A acurácia da seleção de progênies indica a qualidade das informações e os métodos utilizados na predição dos valores genéticos revelaram boa qualidade experimental e, portanto, segurança na seleção de genótipos superiores quanto aos caracteres avaliados.
2. A utilização das análises multivariadas é adequada para selecionar genótipos de soja, com base em múltiplos caracteres de importância agronômica, relacionados aos componentes de produção de grãos e teor de proteína e óleo.
3. A análise de modelos mistos, associada à análise de componentes principais permitiu a seleção de genótipos congruentes para os caracteres de maior importância no presente estudo.

6. Referências bibliográficas

ABDELMAJID, K. M. et al. Quantitative Trait Loci (QTL) that Underlie SCN Resistance in Soybean (*Glycine max* (L.) Merr) PI438489B by 'Hamilton' Re-combinant Inbred Line (RIL) Population. **Agronomy & Horticulture -- Faculty Publications**, v. 1, n. 3, p. 29–38, 2014. Disponível em: <https://digitalcommons.unl.edu/cgi/viewcontent.cgi?article=1810&context=agronomy_facpub> Acesso em: 08 Dez 2020

ALBRECHT, LP ET AL. Teores de óleo, proteínas e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura na região oeste do Paraná. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 4, p. 865-873, Dec. 2008.

ANDRIOLI, I.; CENTURION, J. F. Levantamento detalhado dos solos da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIA DO SOLO, 27, Brasília, 1999. **Anais... Brasília: Sociedade Brasileira de Ciência do Solo**, 1999. 32p. (TO25-3 CD-ROM).

AZEVEDO, C. V. G., VAL, B. H. P., ARAÚJO, L. C. A. DE, JUHÁSZ, A. C. P., DI MAURO, A. O., & UNEDA-TREVISOLI, S. H. (2020). Genetic parameters of soybean populations obtained from crosses between grain and food genotypes. **Acta Scientiarum. Agronomy**, 43(1), e46968.

BALDWIN, J.G.; MUNDO-OCAMPO, M. Heteroderinae, cyst and non-cyst-forming nematodes. In: NICKLE, W.R. (Ed.). **Manual of agricultural nematology**. New York: Marcel Dekker, 1991, p. 275-362.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2013. 523 p.

BORNHOFEN E., BENIN G., STORCK L., WOYANN L.G., DUARTE T., STOCO M. G. E., MARCHIORO S. V. (2017) **Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade em trigo**. *Bragantia* 76 : 1-10.

BRASIL. Ministério da Agricultura e do Abastecimento. **Requisitos mínimos para determinação do valor de cultivo e uso de feijão para inscrição no registro nacional de cultivares – RNC**. 2012. Disponível em: < http://www.cisoja.com.br/downloads/legislacao/> anexo_PT_294_4.pdf. Acesso em: 04 jan. 2020.

BROGIN, R. L.; ALBERTO, C.; ARIAS, A.; FRANCISCO, J.; TOLEDO, F. De. Genetic control of soybean resistance to brown spot (*Septoria glycines*): first studies. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 1, p. 35–44, 2003.

CARVALHO LCB, DAMASCENO-SILVA KJ, ROCHA MM E OLIVEIRA GCX (2016) Evolução da metodologia para o estudo da adaptabilidade e estabilidade em espécies cultivadas. **Jornal Africano de Pesquisa Agrícola** 11 :990-1000.

CARVALHO, A. D. F.; FRITSCH NETO, R.; GERALDI, I. O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 219-224, 2008.

CASTOLDI, R.; VARGAS, P. F.; BRAZ, L. T. Agronomic characteristics, isoflavone content and Kunitz trypsin inhibitor of vegetable soybean genotypes. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 2, p. 222–227, 2011. Disponível em: < http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0102-05362011000200015 > Acesso em: 08 Dez 2020

CHARNAI, K.; MAURO, A. O. Di; SANTIAGO, S. de; VIANNA, V. F.; REVOLTI, L. T. M.; COSTA, M. M. Estimates of genetic parameters in F4 – F5 soybean populations resistant to Asian soybean rust. **African Journal of Agricultural Research**, v. 9, n. 15, p. 1200–1206, 2014.

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, Safra 2018/19**. Brasília, p. 1-69. Maio 2019. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>> Acesso em: 30 dez 2021

CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos, Safra 2019/2020**. Brasília, p. 1-68, Setembro 2020. Disponível em: < <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos> > Acesso: 30 Dez 2020

COSTA, M.M., MAURO, A.O., UNÊDA-TREVISOLI, S.H., ARRIEL, N.H.C., BÁRBARO, I.M., SILVEIRA, G.D., MUNIZ, F.R.S. 2008. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia** 67: 101- 108.

CORRÊA, A. A. **ABORDAGEM MULTIVARIADA, PERFIL COMPOSICIONAL E CONSTRUÇÃO DE CURVA DE CALIBRAÇÃO PARA PREDIÇÃO DO TEOR DE ÓLEO EM *JATROPHA CURCAS* L.** 2014. 57 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2014.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Ed. da UFV, 2003. 579p.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. D. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014.

DIAS, W. P. et al. Nematóide de Cisto da Soja: Biologia e Manejo Pelo Uso da Resistência Genética. **Nematologia Brasileira**, v. 33, n. 1, p. 1–16, 2009.

Disponível em: < <http://www.statsoft.com/> >.

EMBRAPA. **Indicações Técnicas para a cultura da soja no Rio Grande do Sul e Santa Catarina**. 2014.

ERDAW, M. M.; BHUIYAN, M. M.; IJI, P. A. Enhancing the nutritional value of soybeans for poultry through supplementation with new-generation feed enzymes. **World's Poultry Science Journal**, v. 72, n. 2, p. 307–322, 2016.

FARIA, AP; FONSECA JÚNIOR, NS; DESTRO, D; FARIA RT. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 28, n. 1, p. 71-78, jan./mar. 2007

FEHR, WR; CAVINESS, CE. Stages of soybean development. **Ames: Iowa State University of Science and Technology**, 1977. 11 p.

FERRÃO, R.G., CRUZ, C.D., FERREIRA, A., CECOM, P.R., FERRÃO, M.A.G., FONSECA, A.F.A. CARNEIRO, P.C.S., SILVA, M.F. 2008. Parâmetros genéticos em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 43: 61- 69.

FERRAUDO, A. S. **Técnicas de Análise Multivariada – uma introdução**. Treinamento. Jaboticabal, SP, 2014.

FERRAUDO, A.S. **Técnicas de Análise Multivariada – uma introdução**. Treinamento. StatSoft South América, São Caetano, SP, 2010.

GONÇALVES, G. M. C. ET AL. Adaptability and yield stability of soybean genotypes by REML/BLUP and GGE Biplot. **Crop Breed. Appl. Biotechnol.**, Viçosa , v. 20, n. 2, e282920217, 2020 <https://doi.org/10.1590/1984-70332020v20n2a33>.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCH NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. 1ª Ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2012. 282 p.

GONZAGA, F. B. **DESENVOLVIMENTO DE UM ESPECTRÔMETRO DE EMISSÃO PARA A REGIÃO NO INFRAVERMELHO PRÓXIMO**. 2006. 117f. Tese (Doutorado em Química) - Instituto de Química, Universidade Estadual de Campinas, Campinas, 2006.

HAIR, J. F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed., 2009. 688 p.

HAMMER, Ø. **PAleontological STatistics Version 3.15**. Reference manual. Natural History Museum. University of Oslo; 253 p. 2017.

HIRAKURI, M. H et al. **Análise de aspectos econômicos sobre a qualidade de grãos de soja no Brasil**. Londrina: Embrapa Soja. p. 9. 2018.

KAISER, H.F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, Williamsburg, v. 23, p. 187-200, 1958.

KANG et al. Transcriptomic and metabolomic analyses reveal that bacteria promote plant defense during infection of soybean cyst nematode in soybean. **BMC Plant Biol** **ed 18:** 1–14. 2018. Disponível em: <
<https://bmcplantbiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12870-018-1302-9>> Acesso em: 21 Dez 2020

KÖPPEN, W. **Climatologia**. México: Fondo de Cultura Económica, 1948. p. 478.

LEITE, D. C. **MAPEAMENTO DE QTL E ANÁLISES DE ESPECTROSCOPIA PARA TEOR DE ÓLEO VISANDO APLICAÇÃO EM PROGRAMAS DE MELHORAMENTO DE SOJA**. 2015. 85 f. Tese (Doutorado em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2015.

LEITE, W. DE S., B. E. PAVAN, C. H. A. MATOS FILHO, F. DE A. NETO, C. B. DE OLIVEIRA, AND F. S. FEITOSA. "Genetic Parameters Estimation, Correlations and

Selection Indexes for Six Agronomic Traits in Soybean Lines F8". **Comunicata Scientiae**, vol. 7, no. 3, Dec. 2016, pp. 302-10.

LITTELL, R. C. Analysis of unbalanced mixed model data: A case study comparison of ANOVA versus REML/GLS. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 7, n. 4, p. 472-490, 2002.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P.; ZAMBON, J. L. C.; DAROS, E. Genetic divergence and parent selection of sugarcane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 225- 231, 2008.

LU, Xin. **Identification and Evaluation of Quantitative Trait Loci (QTL) Associated with Soybean Cyst Nematode HG Type 2.5.7**. 2018. Disponível em: < <https://atrium.lib.uoguelph.ca/xmlui/handle/10214/14358> > Acesso em: 08 Dez 2020

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; BARROS, L. De M. Estimac o genot picas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecu ria Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MANLY, BFJ. **M todos estat sticos multivariados: uma introdu o**. 3  ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229 p.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Caracteres qualitativos. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento Gen tico da Soja**. Londrina: Mecenass, 2015, p. 33-56

NUNES, P. G. A. **UMA NOVA T CNICA PARA SELEC O DE VARI VEIS EM CALIBRA O MULTIVARIADA APLICADA  S ESPECTROMETRIAS UV-VIS E NIR**. 2008. 121 f. Tese (Doutorado em Qu mica) - Universidade Federal da Para ba, Jo o Pessoa, 2008.

PASQUINI, C. Near Infrared Spectroscopy: Fundamentals, Practical Aspects and Analytical Applications. Campinas-SP: **Journal of the Brazilian Chemical Society**, v. 14,p.198-219, 2003.

PEREIRA, É. M.; GRAVINA, G. A.; THIÉBAUT, J. T. L. Aplicações dos modelos lineares mistos na pesquisa agropecuária. **Natureza on line**, v. 10, n. 2, p. 52-58, 2012.

PIEPHO, H.; et al., BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

PIMENTEL, A. J. B., GUIMARÃES, J. F. R., SOUZA, M. A., RESENDE, M. D. V., MOURA, L. M., & RIBEIRO, G. (2014). Estimação de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 49(11), 882-890. DOI: 10.1590/S0100-204X2014001100007

PITTA, R. M.; BOIÇA JR, A. L.; DE JESUS, F. G.; TAGLIARI, S. R. Seleção de genótipos resistentes de amendoimzeiro a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com base em análises multivariadas. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, p. 260-265, 2010.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. 1º ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 362 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. 1ª Ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007.

RESENDE, M.D.V., (2016) Software SELEGEN-REML / BLUP: uma ferramenta útil para melhoramento de plantas. **Melhoramento de safras e biotecnologia aplicada** **16** :330-339.

RIGGS, R.D.; SCHMITT, D.P. Soybean cyst nematode. In: SINCLAIR, J.G.; BACKMAN, P.A. (Eds.). **Compendium of soybean disease**. St. Paul: The American Phytopathological Society, 1993, p.65-67.

RIGO, A. A.; DAHMER, A. M.; STEFFENS, C.; STEFFENS, J.; CARRÃO-PANIZZI, M. C. Characterization of Soybean Cultivars Genetically Improved for Human Consumption. **ETP International Journal of Food Engineering**, v. 1, n. 1, p. 1–7, 2015.

SILVA, F. M. **ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR E SELEÇÃO POR MEIO DE ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA**. 2015. Universidade Estadual Paulista - UNESP, 2015.

SILVA, R.M.P. et al. Caracterização da cor em grãos de soja de diferentes regiões do Centro-oeste. In: **VIII Congresso Brasileiro de Soja: inovação, tecnologias digitais e sustentabilidade da soja**. p. 9. Goiânia, GO – 2018

SILVEIRA, G. D.; MAURO, A. O. D.; CENTURION, M. A. P. C. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal –SP, Ano agrícola 2003-2004. **Científica**, Jaboticabal, v. 34, n.1, p. 92-98, 2006.

SINGH, R. J. Botany and Cytogenetics of Soybean. In: Nguyen H., Bhattacharyya M. (eds) The Soybean Genome. **Compendium of Plant Genomes**. Springer, Cham.

2017. Disponível em: <https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-64198-0_2> Acesso em: 01 Dez 2020

SOUZA, T. J. F., ROCHA, M. M., DAMASCENO-SILVA, K. J., BERTINI, C. H. C. M., SILVEIRA, L. M., SOUSA, R. R., SOUSA, J. L. M. (2019) Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípica em feijão-caupi imaturo usando REML /BLUP. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** 54: 1-9.

STATSOFT, I. **STATISTICA (data analysis software system)**, version 7. 2004.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157-160, 2010.

TASKI-AJDUKOVIC, Ksenija et al . Subunit composition of seed storage proteins in high-protein soybean genotypes. **Pesq. agropec. bras.**, Brasília , v. 45, n. 7, p. 721-729, July 2010.

TEIXEIRA, L. C. A. **ESTUDO GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE SOJA COM FONTE DE RESISTÊNCIA À *Heterodera glycines* (RAÇA 3) ORIUNDAS DE TOPOCRUZAMENTOS TIPO ALIMENTO X TIPO GRÃO**. 2016. Universidade Estadual Paulista - UNESP, 2016.

TORRES FILHO, J., OLIVEIRA, C. N. G. S., SILVEIRA, L. M., NUNES, G. H. S., SILVA, A. J. R., SILVA, M. F. N. (2017) Interação genótipo por ambiente em feijão-caupi verde analisado por meio de modelos mistos . **Revista Caatinga** 30 : 687-697.

VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DESIDÉRIO, J. A.; SANTIAGO, S.; CHARNAL, K.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **Afr. J. Agric. Res**, v. 8, p. 4162-4169, 2013.

VICINI, L.; SOUZA, AM. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005. p.

VITTI, A.J. **Tratamento de sementes de soja (*Glycine max* (L.) Merrill) com abamectina, tiabendazol e acibenzolar-S-metil no manejo de nematoides**. 2009. 120 p. Tese (Doutorado em Agronomia: Produção Vegetal) – Escola de Agronomia e Engenharia de Alimentos, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2009.

ZOLDAN, S. M.; BRAGA, G. de S.; FONSECA, F. J.; CARRÃO-PANIZZI, M. C. Electronic tongue system to evaluate flavor of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) genotypes. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 57, n. 5, p. 797–802, 2014.