

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**FENOTIPAGEM E DESEMPENHO AGRONÔMICO NA AVALIAÇÃO DE ENSAIO
PRELIMINAR NA CULTURA DA SOJA**

LUCAS CARUZO ANGELO

JABOTICABAL - SP

2023

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

**FENOTIPAGEM E DESEMPENHO AGRONÔMICO NA AVALIAÇÃO DE ENSAIO
PRELIMINAR NA CULTURA DA SOJA**

LUCAS CARUZO ANGELO

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadora: Msc. Dardânia Soares Cristeli

Trabalho apresentado à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para conclusão do bacharelado em ENGENHARIA AGRONÔMICA.

Jaboticabal - SP

1º Semestre/2023

A584f

Angelo, Lucas Caruzo

Fenotipagem e desempenho agrônomo na avaliação de ensaio preliminar na cultura da soja / Lucas Caruzo Angelo. -- Jaboticabal, 2023

38 p. : tabs.

Trabalho de conclusão de curso (Bacharelado - Engenharia Agrônoma) - Universidade Estadual Paulista (Unesp), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal

Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadora: Dardânia Soares Cristeli

1. Glycine max. 2. Critérios de seleção. 3. Melhoramento genético. 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.

DEPARTAMENTO: Departamento de Ciências da Produção Agrícola

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO
TRABALHO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA

TÍTULO: FENOTIPAGEM E DESEMPENHO AGRONÔMICO NA AVALIAÇÃO DE
ENSAIO PRELIMINAR NA CULTURA DA SOJA

ACADÊMICO: Lucas Caruzo Angelo

CURSO: Engenharia Agrônômica

ORIENTADORA: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

COORIENTADORA: Dardânia Soares Cristeli

Aprovado e corrigido de acordo com as sugestões da Banca Examinadora

BANCA EXAMINADORA:

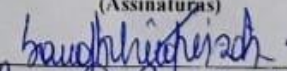
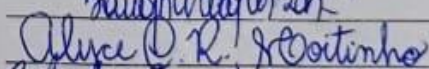
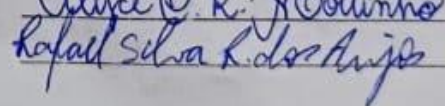
(Nomes)

Presidente Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Membro Alyce Carla Rodrigues Moitinho

Membro Rafael Silva Ramos dos Anjos

(Assinaturas)

Jaboticabal 04 / 07 / 2023

Aprovado em reunião do Conselho do Departamento em: 31 / 07 / 2023


Chefe do Departamento
Prof. Dr. Leonardo Bianco de Carvalho
Chefe do Depto. de Ciências da Produção Agrícola

OFEREÇO

À minha mãe, Shirley Caruzo Angelo, ao meu pai, Cássio Luis Angelo e ao meu irmão, Cássio Luis Angelo Junior, que não tiveram a oportunidade de estar aqui, mas sempre me deram todo apoio.

Aos meus avós, Aparecido Caruzo, Edilamar Botacin Caruzo, Nerino Angelo e Iride Aparecida Marques Angelo (in memoriam). E a todos da minha família que contribuíram para minha formação.

A todos colegas que nesse período da graduação estiveram comigo.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente aos meus pais, Cassio Luis Angelo e Shirley Caruzo Angelo, pelos ensinamentos, por acreditarem e por me apoiarem nas minhas decisões, e também ao meu irmão, Cássio Luis Angelo Junior, pelos incentivos e companheirismo.

A minha orientadora Prof.^a Dr.^a Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pelos ensinamentos, por confiar no meu trabalho e por se dedicar ao programa de melhoramento na Unesp de Jaboticabal.

A minha coorientadora Dardânia Soares Cristeli, por me acompanhar durante todo o período de iniciação científica.

E por fim, os meus Colegas, Flávio Henrique de Barros Biliu, Julio Cesar Mocellin Paim, Roger Meirelles Pereira e Eduarda Gonçalves da Silva Ramos, pela companhia nos momentos felizes e nas adversidades.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. REVISÃO DE LITERATURA	13
2.1. Cultura da soja	13
2.2. Melhoramento genético na cultura da soja	15
2.3. Correlações genéticas e fenotípicas	17
2.4. Índices de seleção	18
3. MATERIAL E MÉTODOS	20
3.1 Condução experimental e material genético	20
3.2 Caracteres avaliados	21
3.3 Análise estatística dos dados	21
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	22
4.1 Análise de variância e teste de médias	22
4.2 Correlações entre caracteres	26
4.2 Índices de seleção	26
5. CONCLUSÕES	31
6. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	32
7. ANEXOS	37
ANEXO A	37

LISTA DE SIGLAS

AC – Acamamento

APM – Altura da planta na maturidade

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento

CV – Coeficiente de variação

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

GS – Ganho de seleção

IBSR – Índice baseado na soma de ranks

ILPP – Índice livre de pesos e parâmetros

NDM – Número de dias para maturidade

OL – Teor de óleo

PG – Produtividade de grãos

PROT – Teor de proteína

VA – Valor agronômico

LISTA DE TABELA

Tabela 1. Quadrados médios e parâmetros genéticos estimados em ensaio preliminar de linhagens de soja. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022	19
Tabela 2. Valores médios observados na avaliação dos caracteres agronômicos, para os genótipos de soja em ensaios preliminar de rendimento. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022	21
Tabela 3. Correlações fenotípicas entre os caracteres avaliados. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.....	23
Tabela 4. Correlações genotípicas entre os caracteres avaliados. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.....	23
Tabela 5. Estimativa de ganho com a seleção utilizando os índices de seleção baseado na soma de ranks (IBSR) e o índice livre de peso e parâmetros (ILPP). Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.....	26

FENOTIPAGEM E DESEMPENHO AGRONÔMICO NA AVALIAÇÃO DE ENSAIO PRELIMINAR NA CULTURA DA SOJA

RESUMO: A soja é considerada uma das principais *commodities* agrícolas da economia brasileira, sendo o Brasil o maior produtor e exportador do grão no mundo. O sucesso dessa cultura no país se deve ao desenvolvimento de cultivares adaptadas a cada região. Nas fases finais de um programa de melhoramento genético, é feita a seleção de genótipos superiores com características agronômicas desejáveis. O objetivo deste trabalho consistiu em caracterizar 50 genótipos de soja e selecionar os genótipos mais promissores para a região edafoclimática de Jaboticabal, no estado de São Paulo. Para identificar os genótipos superiores foi utilizado o índice livre de pesos e parâmetros (ILPP) e o índice baseado em soma de ranks (IBSR). De acordo com os resultados obtidos, observou-se variabilidade genética entre os genótipos avaliados. Foram encontradas altas correlações genéticas e fenotípicas entre NDM x OL, o que indica que a seleção indireta para NDM pode resultar em aumento do teor de óleo nas sementes. As maiores herdabilidades foram obtidas para os caracteres NDM (91,05%), PROT (83,55%) e APM (82,16%), enquanto que para PG, o valor obtido foi de 63,58%. Os índices de seleção IBSR e ILPP recomendaram a seleção dos genótipos 18, 22 e 37, os quais se destacaram dos demais genótipos avaliados.

Palavras-chave: *Glycine max*, Critérios de seleção, Melhoramento genético.

ABSTRACT – Soybean is considered one of the main agricultural commodities in the Brazilian economy, with Brazil being the largest producer and exporter of the grain in the world. The success of the crop in the country is due to the development of cultivars adapted to each region. In the final stages of a genetic improvement program, the selection of superior genotypes with desirable agronomic traits is performed. The objective of this study was to characterize 50 soybean genotypes and select the most promising genotypes for the edaphoclimatic region of Jaboticabal, in the São Paulo state. Two selection indices were used to identify superior genotypes. According the results, genetic variability was observed among the evaluated genotypes. High genetic and phenotypic correlations were found between NDM and OL, indicating indirect selection for NDM may result in an increase in oil content in the seeds. The highest heritabilities were obtained for the traits NDM, PROT, and APM, while for PG it was 63.58%. The selection indices IBSR and ILPP recommended the selection of genotypes 18, 22, and 37, which showed superior characteristics.

Palavras chave: *Glycine max*, Selection criteria, Genetic improvement.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja ocupa uma posição de destaque, sendo a oleaginosa mais cultivada em todo o mundo. No ano agrícola 2022/2023, estima-se uma produção total do grão de cerca de 375,1 milhões de toneladas (USDA, 2023). No cenário agrícola mundial, a partir de 2020, o Brasil superou os Estados Unidos e atualmente figura como o maior produtor mundial deste grão, com uma produção recorde estimada de 155,7 milhões de toneladas, ocupando uma área cultivada de 44 milhões de hectares, no ano agrícola 2022/2023 (CONAB, 2023).

Essa elevada produção está diretamente relacionada aos investimentos em pesquisas e novas tecnologias que contribuem para o aumento da eficiência no manejo da cultura e ao melhoramento genético (MEDINA; RIBEIRO, 2016). Originária de regiões de clima temperado, a introdução da cultura no Brasil tornou-se viável mediante a adaptação ao fotoperíodo, que é fator chave para seu cultivo. A expansão da soja para regiões de menores latitude no Brasil só foi possível por meio da introdução da característica de período juvenil longo nas cultivares, o que possibilitou a produção em regiões tropicais (PASSOS et al., 2019). Nesse sentido, destaca-se a importância do melhoramento genético no desenvolvimento de cultivares com elevado potencial produtivo e adaptadas às variadas condições climáticas do país.

O melhoramento genético da cultura da soja tem sido fundamental para os aumentos de produtividade e para a sua expansão no território brasileiro, contribuindo significativamente desde a sua introdução, na década de 1960, até as safras atuais (VOLPATO, 2016). Além da alta produtividade de grão, as pesquisas buscam a seleção de genótipos com: resistência às doenças,

resistência a insetos pragas e aos nematoides associados à cultura, boa resistência ao acamamento e a deiscência precoce de vagens, boa qualidade fisiológica da semente, adaptação a condições locais de ambiente e ideótipo de planta adequada ao sistema agrícola utilizado na região produtora. Alguns programas de melhoramento de soja buscam também obter genótipos com satisfatórios teores de óleo e proteína, com o intuito de alcançar maior valor na comercialização deste produto (FARIAS et al., 2011).

A obtenção de variabilidade genética ocorre geralmente por meio de hibridações, as quais podem envolver dois genitores ou múltiplos parentais, de modo que as recombinações gênicas formam populações base para o processo seletivo. A seleção é um fator de grande importância no progresso genético, pois esta objetiva o acúmulo de alelos favoráveis à característica de interesse em determinada população e, trata-se de um processo constante e de permanente renovação (REIS et al., 2004).

Ante o exposto, o presente trabalho tem como objetivo realizar a seleção e a caracterização agronômica de genótipos superiores de soja, em ensaio preliminar de rendimento, pertencentes ao programa de melhoramento genético de soja da UNESP/FCAV Jaboticabal.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), é uma das principais culturas agrícolas do mundo, sendo utilizada principalmente como fonte de proteína e óleo vegetal. O grão de soja possui teores que variam de 30% a 53% para óleo e de 13% a 28% para proteína (SILVA et al., 2022). Essas características fazem com que a soja seja uma das principais matérias-primas para composição de biodiesel e, principalmente, produtos para alimentação animal, além da sua utilização como adubo verde, e na alimentação humana (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Devido seu alto teor de proteína, a soja é a principal fonte de farelo proteico no mundo, responsável pela produção de 240 milhões de toneladas desse produto, representando cerca de 70% do total de farelo proteico ofertado no mundo. De 2003 a 2016, no Brasil, houve um aumento de 40% na produção de farelo de soja, no mesmo período, a produção de aves e suínos aumentou 30% e 70% respectivamente, evidenciando a importância dessa cultura no cenário da produção de proteína animal (SILVA et al., 2022).

A soja, que cultivamos nos dias atuais, teve origem de plantas rasteiras que cresciam na costa leste da Ásia, principalmente ao longo do rio Yangtzé, na China (EMBRAPA, 2017). Por meio de cruzamentos naturais entre duas espécies selvagens, chineses iniciaram o processo de seleção de plantas, sendo os primeiros registros do grão surgindo entre 2883 e 2838 a.C. No fim do século XV foi introduzida em jardins botânicos da Alemanha, França e Inglaterra, todavia, sem fins comerciais (EMBRAPA, 2017). No início do século XX, devido

ao elevado teor de óleo e proteína do grão, a soja ganhou importância nos Estados Unidos, por meio da seleção de cultivares adaptadas ao ambiente de produção norte-americano, composto, até o momento, por trigo e milho (BONETTI, 1981).

No Brasil, existem relatos do uso da soja como forrageira no ano de 1880, na Bahia (ZANON, 2015). Em 1914 houve, no estado do Rio Grande do Sul (RS), o registro do primeiro plantio comercial da cultura em solo brasileiro, devido às semelhanças ambientais de latitude e temperatura, o cultivar semeado foi importado do sul dos Estados Unidos (BONATO; VARIANI, 2002).

Inicialmente, o cultivo da soja no Brasil era restrito à região sul, por ser a região brasileira que mais se assemelha às condições do seu centro de origem, a China (30 a 45° de L Norte). O fotoperíodo, até os anos 1970, foi a principal barreira para a expansão da cultura para regiões de menores latitudes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

Por se tratar de uma planta de dias curtos, floresce em condições de fotoperíodos menores que um máximo crítico, sendo assim, quando cultivada em regiões tropicais, com fotoperíodo mais curto e, conseqüentemente maior período de escuro, a soja é estimulada a florescer de maneira precoce, de modo a não alcançar o crescimento vegetativo adequado para altas produtividades (ALMEIDA et al., 1999).

A solução encontrada pelos melhoristas para retardar o florescimento precoce, foi a introdução da característica de período juvenil longo (HARTWIG; KIIHL, 1979). Durante o período juvenil, não há indução ao florescimento, mesmo quando a soja é submetida a fotoperíodos menores que o máximo crítico, o que

faz com que uma cultivar com período juvenil longo ser menos suscetível ao florescimento precoce. Essa tecnologia possibilitou o desenvolvimento da soja em regiões de baixas latitudes. As primeiras cultivares desenvolvidas e indicadas para essas áreas foram Tropical, Timbira, BR-10 (Teresina) e BR-11 (Carajás) (ALMEIDA et al., 1999).

Para aumentar a eficiência na escolha da cultivar mais adequada para um determinado local, foi definido o sistema de classificação da maturidade relativa. Anteriormente, o sistema de classificação era baseado em cinco subcategorias de plantas de soja, que eram classificadas como super-precoce, precoce, médio, semi-tardio e tardio (ALLIPRANDINI et al., 2009). No entanto, atualmente, é utilizado o sistema de classificação americano, que estabelece os grupos de maturidade relativa (GMR). Esse sistema leva em consideração a resposta da planta ao fotoperíodo, manejo e adaptabilidade à região de cultivo, resultando em uma maior precisão na determinação da duração do ciclo de desenvolvimento da cultura (POEHLMAN, 1987).

2.2 Melhoramento genético na cultura da soja

O objetivo básico de um programa de melhoramento é obter cultivares com alta produtividade, maior resistência às doenças, pragas, precocidade, resistência ao acamamento e adaptabilidade, além de estabilidade produtiva (BORÉM; MIRANDA, 2013).

O objetivo da hibridação é promover a recombinações entre genes de diferentes genótipos e, com isso, aumentar a variabilidade genética, além de

introduzir características de importância encontrada em acessos da mesma espécie ou de espécie diferente (BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA, 2007).

A variância genética (V_G) e a variância fenotípica (V_P) são medidas fundamentais na genética e no melhoramento genético. A variância genética, segundo Falconer e Mackay (1996), é uma medida da variabilidade herdável de uma característica dentro de uma população, enquanto a variância fenotípica é uma medida da variabilidade total da característica ($V_P = V_G + V_A$), incluindo variações herdáveis (V_G), que são de natureza genética, e as não herdáveis (V_A), que são as de natureza ambiental. A razão entre a variância genética e a variância fenotípica pode ser medida pela herdabilidade ($h^2 = \frac{V_G}{V_P}$). A herdabilidade é uma medida importante na seleção de indivíduos no melhoramento genético, pois quanto maior a herdabilidade, maior é a proporção de variação genética na variação fenotípica total, portanto, a herdabilidade é inversamente proporcional à contribuição ambiental na variância fenotípica (FALCONER; MACKAY, 1996).

O aumento da variabilidade é feito por meio de cruzamentos, podendo ser: cruzamentos convergentes (pequena distância genética entre os progenitores, gerando populações segregantes de moderada a baixa variabilidade genética) ou cruzamento divergentes (há grande distância genética entre os progenitores, gerando grande variabilidade genética) (BORÉM; MIRANDA, 2013).

O desenvolvimento de cultivares da soja por hibridação, na maioria dos programas de melhoramento genético, começa pela escolha de genitores complementares e contrastantes ou que possuam características específicas de interesse. Uma vez escolhidos, são feitas hibridações entre os progenitores e se

obtem a população segregante. A condução da população segregante é feita por diferentes métodos de acordo com os objetivos dos programas, por fim, são realizados testes de desempenho agrônomico e, então, a seleção das melhores linhagens (BORÉM; MIRANDA, 2009).

2.3 Correlações genotípicas

A correlação é uma medida que indica o grau de relação entre duas variáveis, medindo a intensidade da associação e a variação conjunta entre elas. Essa medida pode ser positiva, indicando que o aumento em uma das variáveis está associado ao aumento na outra, ou negativa, indicando que o aumento em uma das variáveis está associado à diminuição da outra (STEEL; TORRIE, 1980).

As correlações genética e fenotípica estimadas entre os caracteres agrônomicos são ferramentas essenciais em programas de melhoramento genético, em especial quando caracteres apresentam baixa herdabilidade, e ou, caracteres de difícil avaliação pois, por meio da seleção indireta de um caráter de alta herdabilidade e de fácil avaliação, torna-se mais simples o processo de seleção (CRUZ; REGAZZI, 1994).

A correlação fenotípica pode ser medida diretamente a partir de dois caracteres observados em um número de indivíduos da população. Essa correlação é influenciada tanto por fatores genéticos quanto ambientais, mas apenas os fatores genéticos são herdáveis e, portanto, podem ser utilizados em programas de melhoramento. As correlações genéticas e ambientais entre dois caracteres são frequentemente muito distintas em magnitude e até mesmo em

sinal. Isso indica que as causas da variação genética e ambiental afetam os caracteres por meio de mecanismos fisiológicos diferentes devido aos fatores ambientais (FALCONER; MACKAY, 1996).

Se houver uma correlação genética favorável entre dois caracteres, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro caráter associado. Em determinadas situações, a seleção indireta com base na resposta correlacionada pode resultar em progressos mais rápidos do que a seleção direta do caráter desejado. No entanto, se um caráter estiver negativamente correlacionado com alguns e positivamente correlacionado com outros, deve-se ter cuidado ao selecioná-lo para evitar mudanças indesejáveis em outros caracteres. Portanto, a seleção indireta pode ser uma estratégia eficaz para melhorar características relacionadas, mas é preciso avaliar as correlações genéticas cuidadosamente para evitar efeitos indesejados em outros caracteres (FALCONER; MACKAY, 1996).

2.4 Índices de seleção

Uma forma eficiente de selecionar genótipos superiores é pela adoção de índices de seleção, que consiste em equações que combinam de maneira ótima um conjunto de caracteres de interesse, permitindo a seleção simultânea para um conjunto de caracteres (ALMEIDA et al., 1999). Existem vários índices utilizados, como por exemplo o de Elston (1963), o de Mulamba e Mock (1978), entre outros.

O índice baseado em soma de "ranks" foi proposto por Mulamba e Mock (1978), como uma medida para classificar genótipos em relação a cada um dos

caracteres em ordem favorável ao melhoramento. Esse índice é calculado somando-se as ordens de cada material em cada característica, resultando no valor do índice de seleção.

A fórmula para calcular o índice é dada por

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n,$$

onde I é o valor do índice para um indivíduo ou família, r_j é a classificação de um indivíduo em relação ao j -ésimo caráter e n é o número total de caracteres considerados no índice.

O índice livre de pesos e livre de parâmetros, também conhecido como índice multiplicativo, foi desenvolvido por Elston (1963). Uma das características marcantes deste índice é que ele não exige o estabelecimento de pesos econômicos relativos aos vários caracteres, nem a estimação das variâncias e covariâncias fenotípicas e genotípicas. Como os demais índices, ele classifica os genótipos para todos os caracteres ao mesmo tempo, permitindo a seleção com base em um único valor. Isso proporciona a vantagem de prescindir de estimativas e pesos nem sempre disponíveis.

De acordo com Santos (2005), o índice desenvolvido por Elston (1963) pode ser aplicado em programas de seleção recorrente e nas etapas finais dos programas de melhoramento. Isso ocorre porque o índice permite a fixação de valores críticos, abaixo dos quais os genótipos são descartados.

De maneira geral, a expressão matemática para o índice multiplicativo é a seguinte:

$$I_E = \log \pi \prod_{j=1}^m (x_{ij} - k_j) = \log[(x_{i1} - k_1)(x_{i2} - k_2) \dots (x_{in} - k_n)]$$

A expressão matemática do índice multiplicativo é representada por I_E , onde X_{ij} representa a média do caráter j mensurado no genótipo i e k_j é o menor valor selecionável.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Condução experimental e material genético

O experimento foi conduzido em condições de campo no ano agrícola 2021/2022 em sistema de plantio direto, na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias da Unesp em Jaboticabal, latitude de 21°15' S e longitude 48°18' O, clima tropical (Aw) com temperatura média anual de 22,2°C e precipitação média de 1.400 mm (GAZOTTO et al., 2020). A altitude local é de 575 m, tendo o solo classificação de Latossolo Vermelho-Escuro eutroférico muito argiloso (ANDRIOLI; CENTURION, 1999;).

O delineamento utilizado foi o de blocos ao acaso com três repetições, sendo as parcelas constituídas por quatro linhas de plantio com 5m de comprimento e espaçamento de 0,5m. A área útil da parcela foi constituída pelas duas linhas centrais, excluindo 0,5 m de cada extremidade, no momento da colheita, totalizando 2m².

Foram avaliadas 47 linhagens avançadas de soja pertencentes ao programa de melhoramento genético da UNESP/FCAV Jaboticabal, além de três cultivares comerciais utilizadas como testemunhas, totalizando 50 genótipos (ANEXO A).

3.2 Caracteres avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos: Número de dias para maturidade (NDM) - referente ao número de dias entre a emergência e a maturidade fisiológica da planta; altura da planta na maturidade (APM) - altura mensurada do colo da planta até o ápice da haste principal, medida em centímetros, no estágio R8; acamamento (AC) - avaliado em estágio R8 através de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas); valor agronômico (VA) - avaliado em estágio R8 por meio de uma escala de notas visuais, que varia de 1 (plantas com características agronômicas indesejáveis) a 5 (plantas com ótimas características agronômicas); produtividade de grãos (PG) - obtido por meio da pesagem dos grãos produzidos pelas plantas da área útil da parcela corrigido para 13% de umidade, convertido em $\text{kg} \cdot \text{ha}^{-1}$; teor de óleo (OL) e teor de proteína (PROT), medida em porcentagem A determinação foi realizada em grãos de soja íntegros pela técnica da Reflectância do Infravermelho Próximo (NIR), no equipamento Espectrômetro Modelo FT-NIR TANGO da marca Bruker .

3.3 Análise estatística dos dados

Foi realizada a análise de variância para todos os caracteres avaliados. Para os caracteres significativos pelo teste F (1 e 5%), foi realizado o teste de médias de Scott-Knott, visando a discriminação e seleção dos genótipos superiores. Na sequência, foram realizadas análises de correlações fenotípicas e genotípicas, com fins de determinação da relação entre os caracteres avaliados, com fins de seleção indireta. Para a seleção de genótipos superiores, foram utilizados índices de seleção não paramétricos: o índice livre de pesos e

parâmetros (ILPP), proposto por Elston (1963), e o índice baseado em soma de ranks (IBSR), proposto por Mulamba e Mock (1978). As análises estatísticas foram realizadas utilizando o software Genes (CRUZ, 2013).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1. Análise de variância e teste de médias

De acordo com os resultados obtidos na análise de variância individual, para a fonte de variação “Genótipos”, observou-se significância ao nível de 1% para todos os caracteres avaliados, indicando a existência de variabilidade genética entre os genótipos avaliados no ensaio preliminar de rendimento, permitindo um processo efetivo de seleção dos genótipos superiores, conforme observado na Tabela 1.

Tabela 1. Quadrados médios e parâmetros genéticos estimados em ensaio preliminar de linhagens de soja. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.

FV	G L	APM	NDM	PG	PROT	OL	AC	VA
Blocos	2	567,19	19,76	4214270	2,34	1,35	2,17	0,28
Genótipos	49	476,43**	70,9**	998155**	2,76**	2,6**	1,55**	0,32**
Erro	98	84,99	6,34	363491	0,45	0,73	0,36	0,10
CV _(%)		10,09	2,05	23,67	3,16	3,31	33,66	13,28
Média		91,35	122,7	2547,03	21,33	25,95	1,78	2,49
CV _g /CV _e		1,23	1,84	0,76	1,30	0,91	1,04	0,81
h ²		82,16	91,05	63,58	83,55	71,64	76,77	66,70

** significativo a 1% de probabilidade, pelo teste F.

CV(%) = coeficiente de variação; APM = altura da planta na maturidade; NDM = Número de dias para maturação; PG = produtividade de grãos; PROT = teor de proteína; OL = teor de óleo; AC = acamamento; VA = valor agrônomo.

O coeficiente de variação (CV_(%)) é uma razão entre o quadrado médio do resíduo e a média, multiplicado por 100, sendo assim, quanto menor os valores de CV%, menor é a diferença entre o quadrado médio do resíduo e a média obtida, indicando desse modo, a precisão e consistência dos dados coletados (PIEPHO, 2009).

O $CV_{(\%)}$ variou de 2,05 a 33,66 para os caracteres NDM e AC, respectivamente. O segundo maior valor de $CV_{(\%)}$ foi observado para o caráter PG 23,67. Segundo LOPES et al. (2002), os maiores valores de $CV_{(\%)}$ para PG são observados devido a sua natureza complexa e por sofrer maior interferência do ambiente. Para a característica PG, estudos com melhoramento genético de soja realizados no Brasil indicam que valores de $CV_{(\%)}$ entre 10% e 20% são considerados adequados (MORAES et al., 2016; MAIA et al., 2017). Por sua vez, para outras características, como APM e OL, valores de $CV_{(\%)}$ entre 5% e 15% são aceitáveis (PEREIRA et al., 2016). Ademais, os coeficientes de variação obtidos foram classificados de baixos a médio (PIMENTEL, 1985), o que indica a qualidade dos dados obtidos.

A razão de CV_g/CV_e indica que é possível 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. Os valores obtidos para CV_g/CV_e variou de 0,76 (PG) a 1,84 (NDM). Para o caráter VA o valor obtido foi de 0,81, assim como Moitinho (2021), o valor obtido para VA na relação CV_g/CV_e , foi inferior a 1. O menor valor da relação CV_g/CV_e foi para PG, evidenciando a forte influência do ambiente para esse caráter cada caráter.

As maiores herdabilidades foram obtidas para os caracteres NDM (91,05%), PROT (83,55%) e APM (82,16%). Por sua vez, os menores valores observados foram de 63,58% e 66,70% respectivamente para PG e VA. Os valores obtidos no presente trabalho se assemelham àqueles obtidos por Reis et al. (2002), sendo 97,62% (NDM) e 85,65% (APM) e aos obtidos por Moraes et

al. (2016) e Silva et al. (2017), os quais obtiveram valores de 70% (PG) e 72% (VA), em trabalhos realizados no Brasil com o melhoramento genético de soja. Para PROT os valores de herdabilidade obtidos no presente trabalho se assemelham aos obtidos por Silva et al. (2014) que, em suas pesquisas com soja no Brasil, obteve o valor de 88% para herdabilidade nesse caráter.

O fato da produtividade de grãos (PG) e valor agrônômico (VA) serem características complexas, governadas por muitos genes e sofrerem grande influência do ambiente, fazem com que essas características apresentem menores valores de herdabilidade (REIS et al., 2002). Por outro lado, os caracteres NDM, PROT e APM que, sofrem pouca influência ambiental, apresentando valores elevados de herdabilidade (ROSSMANN, 2001).

O teste de médias de Scott-Knott realizado (Tabela 2), apresenta os valores obtidos, de todos os genótipos, para todos os caracteres avaliados. Os genótipos 48, 49 e 50 são as testemunhas comerciais, utilizadas para comparação. Os genótipos 33, 34, 37 e 45 foram os mais produtivos, ressaltando que superaram em produtividade de grãos as médias das testemunhas.

Considerando a característica NDM, o programa de melhoramento de soja da UNESP/FCAV prioriza em suas seleções aqueles genótipos com ciclos reduzidos (precoces), para que estas linhagens possam ser recomendadas para o cultivo intercalar com a cultura da cana-de-açúcar, para a qual o Estado de São Paulo é o maior produtor brasileiro (CONAB, 2022). Na Tabela 2, pode-se identificar que o NDM variou entre 113 e 132 dias de ciclo, com destaque para os genótipos 16 e 17, que apresentaram em média 113 dias.

Visando uma ampla variabilidade genética no germoplasma do programa de melhoramento da UNESP/FCAV, as análises de PROT e OL na soja é um diferencial na qualidade de grãos, visando atender o mercado de produção dos derivados desta oleaginosa. Observando os valores médios, podemos destacar genótipos com teores de óleo acima de 27% e diversos genótipos com teores de proteína acima de 22%.

Tabela 2. Valores médios observados na avaliação dos caracteres agrônômicos, para os genótipos de soja em ensaios preliminar de rendimento. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.

Gen	APM	NDM	Ac	VA	PG	PROT	OL
1	62,06 ^d	120,33 ^c	1,00 ^c	2,16 ^b	2316,86 ^c	21,42 ^b	26,03 ^b
2	84,06 ^d	121,66 ^c	1,00 ^c	2,66 ^a	2882,70 ^b	21,31 ^b	25,88 ^b
3	125,80 ^a	125,66 ^b	2,83 ^b	2,00 ^b	3085,85 ^b	20,48 ^c	26,64 ^a
4	80,86 ^d	113,66 ^d	1,00 ^c	3,00 ^a	1721,23 ^c	22,66 ^a	24,29 ^b
5	91,53 ^c	123,33 ^b	1,66 ^c	2,66 ^a	2006,44 ^c	21,29 ^b	26,74 ^a
6	78,60 ^d	126,00 ^b	1,33 ^c	2,33 ^b	2939,81 ^b	21,53 ^b	25,80 ^b
7	80,00 ^d	126,33 ^b	2,00 ^c	2,33 ^b	2691,78 ^b	21,25 ^b	26,09 ^b
8	100,26 ^c	123,66 ^b	1,66 ^c	2,33 ^b	2129,94 ^c	19,89 ^c	26,90 ^a
9	93,93 ^c	123,00 ^c	2,00 ^c	2,16 ^b	2859,38 ^b	17,93 ^d	27,60 ^a
10	107,93 ^b	121,33 ^c	2,66 ^b	2,16 ^b	1685,68 ^c	21,15 ^b	26,36 ^a
11	104,13 ^b	125,66 ^b	3,00 ^b	1,83 ^b	2449,55 ^c	20,87 ^c	27,13 ^a
12	94,00 ^c	126,66 ^b	1,50 ^c	2,83 ^a	2929,08 ^b	21,22 ^b	25,66 ^b
13	82,06 ^d	125,66 ^b	1,66 ^c	2,50 ^b	1599,91 ^c	21,29 ^b	25,24 ^b
14	93,46 ^c	122,66 ^c	1,66 ^c	2,66 ^a	3245,20 ^b	21,15 ^b	27,08 ^a
15	92,93 ^c	121,66 ^c	1,66 ^c	2,33 ^b	2735,20 ^b	20,94 ^c	24,72 ^b
16	75,26 ^d	113,00 ^d	1,33 ^c	2,83 ^a	2879,36 ^b	21,47 ^b	25,40 ^b
17	77,46 ^d	113,33 ^d	1,00 ^c	3,00 ^a	2352,89 ^c	21,41 ^b	25,91 ^b
18	92,00 ^c	128,33 ^b	1,33 ^c	3,00 ^a	3038,14 ^b	21,73 ^b	27,01 ^a
19	78,00 ^d	117,33 ^d	1,83 ^c	2,16 ^b	1622,79 ^c	21,04 ^c	24,49 ^b
20	105,86 ^b	132,00 ^a	2,50 ^b	2,66 ^a	2773,15 ^b	20,90 ^c	27,38 ^a
21	80,80 ^d	127,00 ^b	1,33 ^c	2,33 ^b	1973,35 ^c	20,40 ^c	26,67 ^a
22	83,80 ^d	127,00 ^b	1,00 ^c	3,00 ^a	2767,54 ^b	22,02 ^a	26,39 ^a
23	101,13 ^c	128,00 ^b	1,83 ^c	3,16 ^a	3069,23 ^b	20,04 ^c	26,88 ^a
24	86,66 ^d	122,00 ^c	1,00 ^c	2,83 ^a	2202,53 ^c	21,20 ^b	25,72 ^b
25	84,20 ^d	127,33 ^b	1,16 ^c	2,83 ^a	2473,36 ^c	21,82 ^b	25,09 ^b
26	84,73 ^d	119,33 ^c	2,00 ^c	2,16 ^b	2152,19 ^c	20,91 ^c	25,15 ^b
27	84,66 ^d	120,66 ^c	1,83 ^c	2,33 ^b	2486,83 ^c	20,91 ^c	27,14 ^a
28	87,13 ^d	127,66 ^b	2,33 ^b	2,50 ^b	2515,78 ^c	22,05 ^a	25,57 ^b
29	112,86 ^b	122,00 ^c	3,33 ^a	2,16 ^b	1721,74 ^c	20,51 ^c	25,58 ^b
30	105,26 ^b	123,00 ^c	2,66 ^b	2,16 ^b	2404,36 ^c	22,55 ^a	25,60 ^b
31	93,80 ^c	119,33 ^c	1,50 ^c	2,83 ^a	2544,00 ^c	20,59 ^c	24,79 ^b
32	86,06 ^d	121,00 ^c	1,67 ^c	2,50 ^b	2810,41 ^b	21,64 ^b	25,87 ^b
33	121,20 ^a	132,00 ^a	4,16 ^a	1,66 ^b	4575,52 ^a	21,31 ^b	26,42 ^a
34	93,80 ^c	122,00 ^c	1,66 ^c	2,66 ^a	3406,37 ^a	22,36 ^a	25,13 ^b
35	96,13 ^d	123,33 ^b	2,50 ^b	2,50 ^b	2529,79 ^c	22,72 ^a	25,40 ^b

36	82,53 ^d	121,66 ^c	1,83 ^c	2,16 ^b	1943,91 ^c	21,70 ^b	25,38 ^b
37	85,00 ^d	127,00 ^b	1,33 ^c	2,66 ^a	3719,80 ^a	21,75 ^b	27,26 ^a
38	92,93 ^c	115,66 ^d	1,00 ^c	2,33 ^b	2061,61 ^c	20,43 ^c	26,21 ^a
39	92,2 ^c	116,66 ^d	1,16 ^c	2,33 ^b	2196,54 ^c	19,98 ^c	27,37 ^a
40	105,26 ^b	122,66 ^c	2,33 ^b	2,16 ^b	2456,52 ^c	19,87 ^c	27,07 ^a
41	97,06 ^c	120,66 ^c	2,66 ^b	2,16 ^b	2207,58 ^c	20,15 ^c	26,09 ^b
42	71,33 ^d	124,33 ^b	1,16 ^c	2,50 ^b	1808,25 ^c	23,10 ^a	24,84 ^b
43	96,66 ^c	128,66 ^b	1,66 ^c	2,66 ^a	2372,40 ^c	21,99 ^a	25,27 ^b
44	85,40 ^d	114,33 ^d	1,00 ^c	2,83 ^a	2402,60 ^c	22,23 ^a	25,21 ^b
45	85,06 ^d	122,33 ^c	1,16 ^c	2,66 ^a	3663,06 ^a	21,51 ^b	25,42 ^b
46	100,20 ^c	130,66 ^a	2,66 ^b	2,66 ^a	2401,89 ^c	22,58 ^a	26,05 ^b
47	113,73 ^b	127,66 ^b	2,83 ^b	2,33 ^b	2726,82 ^b	21,49 ^b	27,75 ^a
M5947IPRO	74,33 ^d	120,33 ^c	1,16 ^c	2,33 ^b	2313,34 ^c	22,14 ^a	25,55 ^b
AS3680IPRO	87,13 ^d	114,33 ^d	1,33 ^c	2,50 ^b	2773,82 ^b	22,42 ^a	24,22 ^b
HO IGUAÇU	96,40 ^c	115,00 ^d	1,16 ^c	3,00 ^a	2725,39 ^b	23,30 ^a	24,26 ^b

Médias seguidas da mesma letra minúscula na coluna não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. APM = altura da planta na maturidade; NDM = Número de dias para maturidade; PG = produtividade de grãos; PROT = teor de proteína; OL = teor de óleo; AC = acamamento; VA = valor agronômico.

4.2. Correlações entre caracteres

Nas Tabelas 3 e 4 estão estimados os valores dos coeficientes de correlação fenotípicas e genotípicas, respectivamente, ambos estimados para todos os caracteres avaliados.

Tabela 3. Correlações fenotípicas (acima da diagonal) e correlações genotípicas (abaixo da diagonal) entre os caracteres avaliados. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.

	APM	NDM	AC	VA	PG	PROT	OL
APM	1,00	0,38	0,77	-0,32	0,27	-0,26	0,37
NDM	0,45	1,00	0,46	-0,13	0,34	-0,07	0,46
AC	0,94	0,51	1,00	-0,63	0,16	-0,19	0,30
VA	-0,48	-0,17	-0,78	1,00	0,06	0,35	-0,23
PG	0,20	0,44	0,29	0,04	1,00	0,02	0,24
PROT	-0,26	-0,11	-0,27	0,48	0,08	1,00	-0,57
OL	0,49	0,58	0,44	-0,36	0,35	-0,67	1,00

APM = altura da planta na maturidade; NDM = Número de dias para maturidade; PG = produtividade de grãos; PROT = teor de proteína; OL = teor de óleo; AC = acamamento; VA = valor agronômico.

As maiores correlações obtidas foram observadas para AC x APM, sendo 0,77 para correlação fenotípica e 0,94 para correlação genotípica (Tabelas 3 e 4). Esses valores confirmam que quanto maior a altura da planta, maior é o

acamamento. Sendo o acamamento uma característica indesejada, pois eleva as perdas na colheita mecanizada e, por consequência, eleva também as perdas na produtividade de grãos. Seixas (2016), em trabalhos onde foi testado a resistência ao acamamento da cultura da soja no sul do Brasil, obteve resultados semelhantes entre AC x APM, com correlações positivas de 0,72.

O segundo maior coeficiente de correlação foi observado para os caracteres OL x NDM, sendo 0,46 para correlação fenotípica e 0,58 para correlação genotípica, indicando que a seleção indireta para NDM pode resultar em aumento do teor de óleo nas sementes (Tabelas 3 e 4). Em um estudo realizado por Bollero et al. (2017), foi observada uma correlação de 0,44 entre o teor de óleo e o número de dias para maturação em 60 cultivares de soja.

Contudo, a seleção de variedades de soja com alto teor de óleo deve levar em consideração não apenas o número de dias para maturação, mas também outras características desejáveis, como o rendimento de grãos, a resistência a doenças e pragas, adaptabilidade a diferentes condições ambientais e a qualidade nutricional, pois essas características também estão relacionadas ao teor de óleo (ECHARTE et al., 2010).

As correlações fenotípicas e genotípicas entre OL x PROT foram de -0,57 e -0,67 respectivamente, indicando que esses caracteres são inversamente relacionados, fato já esperado para a cultura da soja, conforme resultados relatados por Pinheiro (2013) em trabalhos com soja no Brasil. Em vista disso, uma seleção de genótipos que apresentam elevadas concentrações de óleo e proteína simultaneamente, deve apresentar baixa eficiência pois são inversamente correlacionadas.

4.3 Índices de seleção

Em virtude das dificuldades de selecionar genótipos baseando em um único grupo de caracteres de interesse agrônômico, no melhoramento genético foi proposto a utilização dos índices de seleção para incrementar os ganhos de seleção.

Pelo método IBSR, proposto por Mulamba e Mock (1978) os genótipos selecionados foram: 2, 14, 17, 18, 22, 34, 37, 44, 45 e 50. Por sua vez, pelo método ILPP proposto por Elston (1963) foram selecionados os genótipos 18, 22 e 37. Pode-se observar que, os genótipos 18, 22 e 37 foram recomendados em ambos os índices, indicando que essas linhagens tiveram desempenho superior em relação aos caracteres VA, PG, NDM, AC, PROT e OL.

Para o caráter NDM, o método ILPP alcançou um GS% de 3.52%, indicando que a seleção dos genótipos por esse índice irá aumentar o número total de dias do ciclo, o que não é objetivo do programa de melhoramento genético da UNESP/FCAV. Utilizando o método IBSR, o GS% foi de -0.99%, indicando uma redução de aproximadamente 1% no número de dias total do ciclo, valor próximo aos -1,89 encontrado por Bárbaro et al. (2007), utilizando o mesmo índice, em trabalhos com geração F5 de soja no Brasil. A redução do ciclo é algo desejável para os programas de melhoramento de soja, visto que há uma preferência dos produtores atualmente por genótipos cada vez mais precoces, preferencialmente até 120 dias para a colheita (SILVA et al., 2014) (Tabela 5).

O GS% de 3,52% para NDM e de 2,58 para OL, pelo índice de ILPP, corrobora com a correlação positiva de 0,58, encontrada no presente trabalho, entre NDM e OL, uma vez que, com o GS% para NDM, obteve também GS% para OL. Por sua vez, pelo índice IBSR, houve diminuição do NDM com GS% de -0,99% e, nesse caso, não houve GS% a ser considerado para OL.

Para PG, o índice ILPP obteve GS% de 15,68%, contra 11,82% pelo índice IBSR. Leite et al. (2016), utilizando o IBSR na seleção de linhagens de soja e, geração F8, obteve GS% para PG de 1,44%, sendo assim, pode-se considerar elevados os valores obtidos no presente trabalho.

Tabela 5. Estimativa de ganho com a seleção utilizando os índices de seleção baseado na soma de ranks (IBSR) e o índice livre de peso e parâmetros (ILPP). Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.

	APM	NDM	AC	VA	PG	PROT	OL
$\bar{X}_o$	91,36	122,70	1,78	2,49	2547,03	21,34	25,96
h^2	82,16	91,05	76,77	66,7	63,58	83,55	71,64
GS% _{IBSR}	-3,34	-0,99	23,68	8,65	11,82	2,14	0,01
$\bar{X}_s$	87,65	121,37	1,23	2,82	3020,37	21,88	25,96
GS% _{ILPP}	-3,98	3,52	24,16	10,58	15,68	1,97	2,58
$\bar{X}_s$	86,93	127,44	1,22	2,88	3175,16	21,84	26,89

$\bar{X}_o$ - Média observada; $\bar{X}_s$ - Média dos selecionados; h^2 =- Herdabilidade; GS%_{IBSR} - Ganho de seleção em porcentagem estimado pelo índice de seleção baseado na soma de Ranks; GS%_{ILPP} - Ganho de seleção em porcentagem estimado pelo índice de seleção baseado no índice livre de pesos e parâmetros. APM = altura da planta na maturidade; NDM = Número de dias para maturidade; PG = produtividade de grãos; PROT = teor de proteína; OL = teor de óleo; AC = acamamento; VA = valor agrônomo.

O GS% para PROT e OL pelo método IBSR foi de 2,14 para PROT e não houve GS% a ser considerado para OL. Isso confirma a dificuldade em selecionar genótipos com elevado teor de óleo e proteína simultaneamente, uma vez que, como relatado neste trabalho, existe uma correlação negativa e próxima a -0,7, o que indica que esses caracteres estão relacionados de maneira inversa.

Assim como encontrado por Candido (2016), em trabalhos com alface no Estado de São Paulo, utilizando o ILPP e IBSR, os ganhos totais de seleção

foram superiores utilizando o ILPP em relação ao IBSR. Contudo, o IBSR apresentou maior eficiência para o caráter NDM, com redução no número de dias do ciclo, resultado contrastante com os obtidos pelo método ILPP, que aumentou o número de dias do ciclo.

Com exceção da característica NDM, houve pouca variação entre os GS% obtidos pelos índices IBSR e ILPP, corroborando com os dados verificados por Lessa et al. (2010), trabalhando com seleção de híbridos diploides de bananeira, utilizando índices não paramétricos. Sendo assim, pode ser vantajoso a utilização do IBSR uma vez que este índice apresentou ganhos satisfatórios e buscados pelos programas de melhoramento em relação ao NDM, além da facilidade de sua utilização.

5.CONCLUSÕES

Foi possível selecionar e indicar os genótipos 18, 22 e 37, superiores para vários caracteres, por meio da utilização dos índices de seleção, conduzidos no ensaio preliminar de rendimento. Tais genótipos poderão compor futuros ensaios de valor de cultivo e uso (VCU) do programa de melhoramento genético da UNESP/FCAV Jaboticabal.

A análise de correlação assim como a utilização de índices de seleção, consistem em ferramentas úteis para o processo seletivo de genótipos de soja superiores, permitindo a discriminação dos mesmos, permitindo a seleção simultânea para diversas características.

6. Referências bibliográficas

ALLIPRANDINI, L. F., PAVAN, W., DE SOUZA, F. H. D., VELHO, R. V., OLIVEIRA, M. F., GOMIDE, R. L., VELINI, E. D. Understanding soybean maturity groups in brazil: environment, cultivar classification and stability. **Crop Science**, Madison, v.49, p.801-808, 2009.

ALMEIDA, L. A., FARIA, L. C., RAVA, C. A., SEDIYAMA, T. Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro. **Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes**, 1999.

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).

BÁRBARO, I. M., PEREIRA, M. G., DEUNER, C., SEDIYAMA, T., OLIVEIRA, A. B., FARIA, L. C. Comparação de estratégias de seleção no melhoramento de populações F5 de soja. **Revista Ceres**, v. 54, n. 313, p. 251-262, 2007.

BESPALHOK, J. C., GUERRA, E. P., OLIVEIRA, R. Introdução ao Melhoramento de Plantas. Disponível em: www.bespa.agrarias.ufpr.br, p.1-9, 2007. Acesso em: 18 de abril de 2023.

BOLLERO, G., ROTZ, C. A., ZIMMERMAN, T. W., NAFZIGER, E. D., SULLIVAN, D. G., SIKORA, F. J., COX, W. J. Relationships among Soybean Seed Composition, Maturation, and Days to Flowering and Maturity. **Crop Science**, v. 57, n. 2, p. 872-882, 2017.

BONATO, E. R., VARIANI A. L. Cultivares que fizeram a história da soja no Rio Grande do Sul. Passo Fundo: **Embrapa Trigo**, 2002.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo. **A soja no Brasil**, p. 1-16, 1981.

BORÉM, A., MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 5ª edição, Viçosa: **Editora Viçosa**, 529 p, 2009.

BORÉM, A., MIRANDA, G. V. Melhoramento de plantas. 6ª edição, Viçosa: **Editora UFV**, p. 167, 2013.

CANDIDO, W. S. Índices de seleção e estabilidade e adaptabilidade em linhagens de alface-crespa via REML/BLUP. **Repositório Institucional Unesp**, 2016.

CONAB. Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar. Safra 2020/2021 - **Primeiro Levantamento**. 2022. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/cana-de-acucar>. Acesso em 28 de abr de 2023.

CONAB. **Boletim da safra de grãos**. 2023. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-da-safra-de-graos>. Acesso em: 28 de junho de 2023.

CRUZ, C.D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**. v.35, n.3, p.271-276, 2013.

CRUZ, C.D., REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, **Imprensa Universitária**. Cap.3, p.73-101: Correlações genotípica, fenotípica e de ambiente. 1994.

ECHARTE, L. M. ROSELLÓ, M., AMARANTE, L. D., SÁNCHEZ, R. A. Relationship between seed filling and seed composition in soybean. **Field Crops Research**, v. 119, n. 1, p. 68-74, 2010.

ELSTON, R. C. The analysis of segregation and linkage in multilocus systems. II. Generalizations on multiple alleles. **Annals of human genetics**, 27(1), 57-61, 1963.

EMBRAPA. História da Soja. 2017. Disponível em: <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/historia>. Acesso em: 17 abr 2023.

EMBRAPA. Soja em números - Safra 2020/21. 2021 Disponível em: <https://www.embrapa.br/soja/cultivos/soja1/dados-economicos> Acesso em: 30 abr 2023.

FALCONER, D. S., MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics, Ed 4. **Longmans Green**, Harlow, Essex, UK, 1996.

FARIAS, F. J. C., FARIAS NETO, A. L., CARVALHO, M. de O., SOUZA, T. L., RAMOS, M. L. G., PEREIRA, H. S., NEVES, M. L. V., Teores de proteína e óleo em grãos de soja e sua relação com outras características agronômicas. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 902-908, 2011.

GAZOTTO, L. A. C., MORAES, L. A. C., CARVALHO, F. I. F., FARIA, L. C., NASCIMENTO JUNIOR, A., SILVA, A. L. C. Correlation between grain yield in maize plant densities. **Científica** 48(3), p. 226–231, 2020.

HARTWIG, E.E., KIIHL, R.A.S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crops Res.** 2: p. 145-151, 1979.

LEITE, W. S., FARIA, L. C., NASCIMENTO JUNIOR, A., CARVALHO, F. I. F., SILVA, A. L. C., RODRIGUES, J. A. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Com. Sci.** 7(3), 302–310, 2016.

LESSA, L. S., AMORIM, E. P., PEREIRA, M. S., LEDO, C. A. S., SILVA, S. O., FERREIRA, C. F. Seleção de híbridos diploides (AA) de bananeira com base em três índices não paramétricos. **Bragantia**, Campinas, v. 69, n. 3, p. 525-534, 2010.

LOPES, A. C. A., VELLO, N. A., PANDINI, F., MOURA, R. M. M., TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MAIA, L. P., MAIA, L. P., SILVA, A. L. C., CARVALHO, F. I. F., FARIA, L. C., NASCIMENTO JUNIOR, A., RODRIGUES, J. A. S. Variabilidade e herdabilidade de características agronômicas em linhagens de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, 40(1), 135-143, 2017.

MEDINA, G., RIBEIRO G., BRASIL, E.M. Participação brasileira na cadeia da soja: 882 lições para o futuro do agronegócio nacional. **Revista de Economia e Agronegócio**, n.13 p.4-9, 2016.

MOITINHO, A. C. R. Estimativa de parâmetros genéticos e análise multivariada na seleção de genótipos de soja oriundos do cruzamento de genitores tipo grão x tipo alimento. Jaboticabal, 2021.

MORAES, L. A. C., DAVIDE, L. C., CARVALHO, F. I. F., FARIA, L. C., RODRIGUES, J. A. S., SILVA, A. L. C. Heritability and selection gains for soybean yield components in the early generations. **Australian Journal of Crop Science**, 10(1), 42-48, 2016.

MORAES, L. A. C., SILVA, A. L. C., OLIVEIRA, A. B., CARVALHO, F. I. F., FARIA, L. C., NASCIMENTO JUNIOR, A., SILVA, M. J. M. Seleção de progênies de soja de ciclo semiprecoce com base em caracteres agronômicos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51(12), 2047-2054, 2016.

MULAMBA, N. N., MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, 7(1), 40-51, 1978.

PASSOS M. L. V., FERREIRA L. S., FIGUEIRINHA K. T., SOUZA J. B. C. Growth, productivity and quality of soybean grains, submitted to different seed treatments. **Journal of Agricultural Science**, v. 11, n. 11, p. 174-284, 2019.

PEREIRA, J. A. LIMA, L. R., CARNEIRO, P. C. S., REIS, J. M., FARIA, L. C., OLIVEIRA, A. B. Seleção de genótipos de soja para teor de óleo com base em análise multivariada e seleção simultânea. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, 20(5), 452-457, 2016.

PIEPHO, H. P. Ridge regression and extensions for genomewide selection in maize. **Crop Science**, 49(4), 1165-1176, 2009.

PIMENTEL G. F. Curso de Estatística Experimental. São Paulo: **Nobel**, p. 467, 1985.

PINHEIRO, L. C. M., MIRANDA FILHO, J. B., VIANA, J. H. M., CRUZ, C. D. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 48, p. 1246-1253, 2013.

POEHLMAN, J. M. Breeding soybeans. **Breeding field crops**, p. 421-450, 1987.

REIS, E. F. D., REIS, M. S., CRUZ, C. D., SEDIYAMA. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, 34, 685-692, 2004.

REIS, E. F., CARNEIRO, P. C. S., CRUZ, C. D., CECON, P. R., MORAIS, O. P. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.26, n.4, p.749-761, 2002.

ROSSMANN, H. Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos. **Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo**. 2001.

SANTOS, V. S. Seleção de pré - cultivares de soja baseada em índices. 2005. 104 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - **Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo**, Piracicaba, 2005.

SEDIYAMA, T., OLIVEIRA T. R. C., SEDIYAMA H. A. A Soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). Produtividade da Soja. Londrina: **Editora Mecen**, p. 11-44, 2016.

SEIXAS, A. M., CARVALHO, F. I. F. D., DAVIDE, L. C., LOPES, I. O. N., NASCIMENTO JUNIOR, A., LORINI, I., BASSOI, M. C. Assessment of soybean cultivars for lodging resistance and yield stability in Southern Brazil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, 51(7), 883-891, 2016.

SILVA, A. L. C., SANTOS, A. B., ALMEIDA, L. M. Desempenho produtivo da soja de ciclo precoce em diferentes espaçamentos entre linhas e densidades de semeadura. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 57, n. 3, p. 269-276, 2014.

SILVA, F. F., RAVA, C. A., ROSSI, W. F., RIOS, S. A., SORATO, R. P., BARBOSA, A. C. O., ALMEIDA, L. A., HENNING, L. M. Correlation and heritability of agronomic traits in soybean genotypes. **Bioscience Journal**, 33(5), 1175-1183, 2017.

SILVA, F., BORÉM, A., SEDIYAMA, T., CÂMARA, G. Soja: do plantio à colheita. **Oficina de Textos**, P. 5-10, 2022.

STEEL, R.G.D., TORRIE, J. H. Principles and procedures of statistics. 2.ed. New York: **McGraw-Hill Book Company**, p. 633, 1980.

TIAN, Z., WANG, X., LEE, R., LI, Y., SPECHT, J. E., NELSON, R. L., McCLEAN, P. E., QIU, L., MA, J. Artificial selection for determinate growth habit in soybean. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, n. 107, p. 8563-8568, 2018.

VOLPATO, L. Seleção de progênies de soja para produção de grãos com uso de modelos mistos. 65 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - **Universidade Federal de Viçosa**, Viçosa, 2016.

ZANON, A. J. Crescimento, desenvolvimento e potencial de rendimento de soja em função do tipo de crescimento e grupo de maturidade relativa em ambiente subtropical. 179p. Tese (Doutorado em Agronomia) – **Universidade Federal de Santa Maria**, Santa Maria, RS, 2015.

1. ANEXOS

ANEXO A. Genealogia dos genótipos de soja do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UNESP/FCAV Jaboticabal e cultivares comerciais utilizados nos experimentos. Jaboticabal, SP, ano agrícola 2021/2022.

GENÓTIPOS	ORIGEM	GENEALOGIA
G1	JAB.00-04-1/5A4D	BR-16 x Paraná
G2	JAB.00-03-3/1C2D	FT-Cometa x Bossier
G3	JAB.00-03-3/1C1D	FT-Cometa x Bossier
G4	JAB.00-03-8/1O4D	FT-Cometa x Bossier
G5	JAB.00-03-3/1H1D	FT-Cometa x Bossier
G6	JAB.00-03-3/1H2D	FT-Cometa x Bossier
G7	JAB.00-03-11/7D2D	FT-Cometa x Bossier
G8	JAB.00-05-8/2M4D	FT-Cometa x IAC-13
G9	JAB.00-05-6/1TT3D	FT-Cometa x IAC-10
G10	JAB.00-02-5/3A1D	FT-Cometa x Paraná
G11	JAB.00-02-5/3D1D	FT-Cometa x Paraná
G12	JAB.00-02-30/1G4A	FT-Cometa x Paraná
G13	JAB.00-02-22/2E1D	FT-Cometa x Paraná
G14	JAB.00-02-1/8C1A	FT-Cometa x Paraná
G15	JAB.00-02-16/3J4C	FT-Cometa x Paraná
G16	JAB 2	EMBRAPA 48 x Conquista
G17	JAB 3	EMBRAPA 48 x Conquista
G18	JAB 5	EMBRAPA 48 x Conquista
G19	JAB 7	CAC 1 x BR-16
G20	JAB 10	CAC 1 x BR-19
G21	JAB 11	IAC 17 x BR-16
G22	JAB 27	CD 204 X Liderança
G23	JAB 31	(BRS -137 x Hartwig) x (IAC-8-2 x Embrapa 48)
G24	JAB 35	(Hartwig x BRS-134) x (Taninung-4 x Renascença)
G25	JAB 39	[[Taninung-4 x Renascença) x (FT- Estrela x BRS - 134)] x [(EMBRAPA-59 X Coodetec-204) x (CAC-1 x BRS-137)]
G26	JAB 43	[[(BR-16 x Taninung-3) x (CAC-1 x BRS-137)] x [(Embrapa-59 x FT-2) x (Conquista x CD-204)]]
G27	JAB 47	FT-Cometa x Bossier
G28	JAB.09-08/3	JAB.00-05-1/5C3B x M 7211 RR
G29	JAB.09-05/8	JAB.00-05-5/4A2D x M 7578 RR
G30	JAB.09-09/5	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR
G31	JAB.09-06/4	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR
G32	JAB.09-06/1	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR
G33	JAB.09-18/2	JAB.00-06-2/3I3D x M 8236 RR
G34	JAB.09-09/7	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR
G35	JAB.09-09/8	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR
G36	JAB.09-06/6	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR
G37	JAB.09-18/3	JAB.00-06-2/3I3D x M 8236 RR
G38	JAB.09-04/8	JAB.00-01-21/4M1D x M 8336 RR
G39	JAB.09-04/7	JAB.00-01-21/4M1D x M 8336 RR
G40	JAB.10-14/3	JAB.03-3/1H2D x M 8360 RR
G41	JAB.10-18/8/3	JAB.05-5/4A2D x M 7578 RR
G42	JAB.10-05/7	JAB.03-3/1C3D x M 7211 RR
G43	JAB.10-01/6	JAB.04-1/5A4D x M 7639 RR
G44	G-205	810 C x 800 A

G45	G-182	810 C x 800 A
G46	T3.14P1.5	Carajás Roxa X Linhagem 54
G47	T31.29P2.3	Tucunaré X Linhagem 70
G48	Testemunha	M5947IPRO
G49	Testemunha	AS3680IPRO
G50	Testemunha	HO IGUAÇU