

RESSALVA

Atendendo solicitação do autor,
o texto completo deste
documento será
disponibilizado somente a
partir de 27/02/2028.

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CAMPUS DE JABOTICABAL

**Parâmetros genéticos, índices de seleção e análises
dialélicas em populações de soja portadoras de
resistência à *Macrophomina phaseolina***

Davi Souza Della Libera

Engenheiro Agrônomo

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA - UNESP

CAMPUS DE JABOTICABAL

**Parâmetros genéticos, índices de seleção e análises
dialélicas em populações de soja portadoras de
resistência à *Macrophomina phaseolina***

Discente: Davi Souza Della Libera

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).**

D357p

Della Libera, Davi Souza

Parâmetros genéticos, índices de seleção e análises dialélicas em populações de soja portadoras de resistência à *Macrophomina phaseolina* / Davi Souza Della Libera. -- Jaboticabal, 2026
87 f.

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

1. Glycine max. 2. resistência genética. 3. REML/BLUP. 4.
variância genética. 5. Genética quantitativa. I. Título.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO DA DISSERTAÇÃO: PARÂMETROS GENÉTICOS, ÍNDICES DE SELEÇÃO E ANÁLISES DIALÉICAS EM POPULAÇÕES DE SOJA PORTADORAS DE RESISTÊNCIA À *Macrophomina phaseolina*

AUTOR: DAVÍ SOUZA DELLA LIBERA

ORIENTADORA: SANDRA HELENA UNÉDA TREVISOLI

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

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

Prof. Dr. GLAUCO VIEIRA MIRANDA (Participação Presencial)
Departamento de Agronomia / Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR) - Santa Helena/PR

Prof. Dr. GUSTAVO VITTI MÓRO (Participação Presencial)
Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão - FEPE / UNESP / Câmpus de Jaboticabal - FCAV

Jaboticabal, 26 de fevereiro de 2026.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Davi Souza Della Libera – nascido em 29 de setembro de 1997, na cidade de Ribeirão Preto, São Paulo. Em agosto de 2016 ingressou no curso de Engenharia Agrônoma na Universidade Estadual Paulista Júlio de Mesquita Filho (UNESP), Campus de Ilha Solteira, graduando-se como Engenheiro Agrônomo em agosto de 2023. Durante a graduação fez parte do grupo do Laboratório de Genética Quantitativa, orientado pelo Prof. Dr. João Antônio da Costa Andrade, onde conduzia experimentos com melhoramento de milho. Também fez parte do Laboratório de Fitopatologia molecular, onde desenvolveu pesquisas envolvendo controle biológico com o fungo *Beauveria bassiana*, sendo contemplado com bolsa de estudos Pibic. Durante a graduação fez estágios em empresa de melhoramento de plantas, tendo feito um estágio de férias da Agromen Sementes e como estágio obrigatório fez estágio na multinacional Limagrain, onde em ambas empresas trabalhou com melhoramento para a cultura do milho. Em março de 2024 iniciou o mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), pela Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – Unesp/FCAV – Câmpus de Jaboticabal, SP, com a orientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, como bolsista CAPES, onde atualmente faz parte do grupo de pesquisas do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas (LBMP), desenvolvendo o seu trabalho de mestrado acadêmico dentro do Programa de Melhoramento de Soja da UNESP/FCAV Jaboticabal.

Aos meu amado e querido Pai, Dirley Della Libera Junior
(*in memoriam*) por todo o conhecimento compartilhados
comigo, ao apoio aos meus estudos que sempre me
proporcionou e ao amor que deu a mim, DEDICO.

AGRADECIMENTOS

A Deus, fonte do dom da vida e fortaleza constantes em todos os momentos.

À Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, pela oportunidade, aprendizado e fornecimento da infraestrutura necessária para a minha formação e realização deste trabalho.

À Prof. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela oportunidade, orientação, ensinamentos, paciência e todo o suporte concedidos a mim durante o mestrado.

À minha mãe, Luzia de Fatima Souza Della Libera, pelo cuidado e por acreditar nos meus sonhos integralmente. À minha irmã Elisa Souza Della Libera, pelo incentivo diário e apoio nas minhas escolhas.

À minha namorada, Luciane Beatriz Castelar, por ser meu refúgio de carinho e motivação durante todo este percurso.

Aos professores do Programa de Pós-Graduação em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) pela entrega de conhecimentos importantes para o meu crescimento profissional.

Aos amigos do Laboratório de Biotecnologia e Melhoramento de Plantas: Dardânia Cristeli, Alyce Moitinho, Matheus Siqueira, Eryadison Flávio Bonifácio de Araújo, Laura Rodrigues, Thainá Moura, Claudenir Facincani, Jardel Souza, Juan Carlos e Marcio Mandrá, pela amizade, companhia, conversas descontraídas e discussões científicas, contribuindo assim para a melhora deste trabalho. Bem como a todos os estagiários pela contribuição na condução dos experimentos.

Aos membros da banca do exame geral de qualificação Dr. Leandro Borges Lemos e Dr. Fábio Luiz Checchio Mingotte, pelas correções, direcionamentos e dicas importantes.

Aos funcionários do Departamento de Produção Vegetal e da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão da UNESP/FCAV, pelo suporte na condução dos experimentos. O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – CAPES.

A todos, o meu muito obrigado

Sumário

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais	5
1. INTRODUÇÃO	5
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	8
2.1 A cultura da soja.....	8
2.2 Doenças da soja de importância econômica	10
2.3 <i>Macrophomina phaseolina</i>	11
2.4 Melhoramento genético visando resistência a doenças em soja.....	12
2.5 Modelos mistos (REML/BLUP) no melhoramento genético.....	14
2.6 Estimativas de parâmetros genéticos.....	16
2.7 Índices de seleção.....	17
2.8 Cruzamentos dialélicos	18
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	21
CAPÍTULO 2 – Parâmetros genéticos e índices de seleção em populações de soja portadoras de resistência à <i>Macrophomina phaseolina</i> por modelos mistos	27
1. INTRODUÇÃO	29
2 MATERIAL E MÉTODOS	30
2.1 Área experimental, condições de cultivo e dados climáticos.....	30
2.2. Material genético e delineamento experimental	32
2.3 Caracteres avaliados.....	33
2.4 Análise estatística	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
3.1. Componentes de variância e herdabilidade	37
3.2. Coeficientes de variação experimental e genotípico	39
3.3. Variabilidade genética e relações entre caracteres.....	40
3.4. Seleção simultânea por índices genéticos	46
3.5. Desempenho produtivo relativo e consistência entre safras	50
3.6. Eficiência dos modelos mistos na seleção	52
4. CONCLUSÃO	53
5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	54
CAPÍTULO 3 – Análises dialélicas em populações de soja portadoras de resistência à <i>Macrophomina phaseolina</i> por modelos mistos	58
1. INTRODUÇÃO.....	60
2. MATERIAL E MÉTODOS	62
2.1 Área experimental e condições de cultivo	62

2.2. Material genético e delineamento experimental	62
2.3 Caracteres avaliados.....	64
2.4 Análise estatística	64
3 RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	67
3.1 Teste de significância	67
3.2 Capacidade geral de combinação de genitores	70
3.3 Capacidade específica de combinação de genitores	72
3. CONCLUSÃO	75
4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	76

**PARÂMETROS GENÉTICOS, ÍNDICES DE SELEÇÃO E ANÁLISES DIALÉICAS
EM POPULAÇÕES DE SOJA PORTADORAS DE RESISTÊNCIA À
*Macrophomina phaseolina***

RESUMO – A podridão de carvão, causada por *Macrophomina phaseolina*, é uma das principais doenças da soja, resultando em perdas significativas de produtividade. Neste estudo, foram avaliadas 298 linhagens de soja oriundas de cruzamentos dialélicos parciais, nas gerações F7 e F8, em dois anos agrícolas, com o objetivo de quantificar a variabilidade genética e identificar genótipos superiores quanto a caracteres agrônômicos e que possuem genes de tolerância ao patógeno. As estimativas de herdabilidade variaram de 0,57 para produtividade de grãos (PG) a 0,86 para número de dias para maturidade (NDM) e altura de planta (APM), indicando elevado controle genético para a maioria dos caracteres. A acurácia seletiva foi superior a 0,80, evidenciando alta confiabilidade das predições genéticas. Observou-se predominância de efeitos aditivos para NDM, enquanto APM, AIV e PG apresentaram maior contribuição de efeitos não aditivos, com significância da capacidade específica de combinação. A produtividade apresentou elevada influência ambiental, com variância residual superior à genética, porém o uso de modelos mistos permitiu discriminar adequadamente o mérito genético dos genótipos. A análise conjunta dos BLUPs revelou ampla variabilidade, com diferenças de até 15 dias para maturidade e 540 kg ha⁻¹ para produtividade entre linhagens. Os índices de seleção permitiram identificar genótipos superiores com desempenho equilibrado, destacando-se B94 e A912, com produtividades médias superiores a 3.800 kg ha⁻¹, acima da média nacional, além de boa combinação entre precocidade e desempenho agrônômico. Entre as combinações, o cruzamento PI 567562A × VMAX apresentou desempenho consistente para múltiplos caracteres, evidenciando alto potencial para uso em programas de melhoramento. Os resultados demonstram elevada variabilidade genética nas populações avaliadas e confirmam a eficiência da abordagem REML/BLUP associada a índices de seleção e análise dialélica na identificação de genótipos superiores, contribuindo para o desenvolvimento de cultivares de soja mais produtivas e tolerantes à *M. phaseolina*.

Palavras-chave: *Glycine max*, resistência genética, REML/BLUP, variância genética, Genética quantitativa, Capacidade de combinação.

GENETIC PARAMETERS, SELECTION INDICES, AND DIALLEL ANALYSES IN SOYBEAN POPULATIONS CARRYING RESISTANCE TO *Macrophomina phaseolina*

ABSTRACT – Charcoal rot, caused by *Macrophomina phaseolina*, is one of the main diseases affecting soybean, resulting in significant yield losses. In this study, 298 soybean lines derived from partial diallel crosses were evaluated in the F7 and F8 generations over two growing seasons, aiming to quantify genetic variability and identify superior genotypes for agronomic traits and tolerance to the pathogen. Heritability estimates ranged from 0.57 for grain yield (GY) to 0.86 for number of days to maturity (NDM) and plant height (PHM), indicating strong genetic control for most traits. Selective accuracy was higher than 0.80, demonstrating high reliability of genetic predictions. A predominance of additive effects was observed for NDM, whereas PHM, height of first pod insertion (HFP), and GY showed greater contribution of non-additive effects, with significant specific combining ability. Grain yield was highly influenced by environmental effects, with residual variance exceeding genetic variance; however, the use of mixed models allowed proper discrimination of the genetic merit of genotypes. The joint analysis of BLUPs revealed wide variability, with differences of up to 15 days for maturity and 540 kg ha⁻¹ for grain yield among lines. Selection indices enabled the identification of superior genotypes with balanced performance, highlighting B94 and A912, which showed mean yields above 3,800 kg ha⁻¹, exceeding the national average, in addition to a favorable combination of earliness and agronomic performance. Among the crosses, PI 567562A × VMAX showed consistent performance across multiple traits, indicating high potential for use in breeding programs. These results demonstrate high genetic variability in the evaluated populations and confirm the efficiency of the REML/BLUP approach combined with selection indices and diallel analysis in identifying superior genotypes, contributing to the development of more productive and charcoal rot-tolerant soybean cultivars.

Keywords: *Glycine max*; genetic resistance; REML/BLUP; genetic variance; quantitative genetics; combining ability.

CAPÍTULO 1 – Considerações gerais

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* [L.] Merrill) é a principal oleaginosa cultivada no mundo e constitui um dos pilares do agronegócio brasileiro, exercendo papel estratégico na economia nacional. O Brasil ocupa atualmente a posição de maior produtor e exportador global da cultura, com produção estimada em aproximadamente 171 milhões de toneladas na safra 2024/2025, apresentando produtividade média nacional de 3.620 kg ha⁻¹. No estado de São Paulo, esse valor foi ainda superior, alcançando 3.740 kg ha⁻¹ (CONAB, 2025). Esses avanços são atribuídos, em grande parte, ao progresso genético obtido pelos programas de melhoramento, aliado ao uso de tecnologias de manejo e à adaptação de cultivares a distintas condições edafoclimáticas.

Apesar do expressivo crescimento produtivo, a cultura da soja enfrenta desafios crescentes relacionados ao aumento da incidência de doenças, especialmente aquelas de origem fúngica. Esse cenário é intensificado pela expansão da área cultivada, pela sucessão contínua de culturas e, em muitos casos, pelo uso inadequado de práticas de manejo. Mesmo com a adoção de medidas químicas de controle, diversas doenças continuam ocasionando perdas econômicas significativas (Bizari, 2018). Entre as enfermidades de maior importância destaca-se a podridão do carvão, causada pelo fungo *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid., um patógeno de ampla distribuição geográfica (Boaretto; Danelli, 2012).

A podridão de carvão representa um sério problema para a produção de soja, sobretudo em regiões caracterizadas por altas temperaturas e déficit hídrico. Estima-se que essa doença tenha causado redução de aproximadamente 250 mil toneladas na produção global de soja, correspondendo a cerca de 65 mil hectares e a 4,2% das perdas mundiais atribuídas a fitopatógenos (Wrather et al., 2010). Em condições epidemiológicas favoráveis, a doença pode levar à perda total da lavoura, especialmente sob estresse hídrico severo (Mengistu, 2015). A elevada capacidade de sobrevivência do patógeno no solo, por meio de microescleródios viáveis por mais de uma década, limita a eficiência de métodos químicos e culturais de controle (Gupta

et al., 2012).

Nesse contexto, a resistência genética surge como a estratégia mais eficiente, econômica e ambientalmente sustentável para o manejo da podridão de carvão. No entanto, a resistência à *M. phaseolina* é de natureza quantitativa, o que dificulta a identificação de genótipos com níveis elevados e estáveis de resistência. Até o momento, não existem relatos de cultivares completamente resistentes ao patógeno (Almeida et al., 2014; Gupta et al., 2012). Ainda assim, estudos prévios indicam a existência de genótipos com resistência parcial, os quais podem ser explorados como fontes de resistência em programas de melhoramento genético (Mengistu et al., 2007; Mengistu et al., 2013).

Diante da complexidade genética dos caracteres agronômicos e da resistência as doenças, o sucesso dos programas de melhoramento dependem do emprego de metodologias estatísticas capazes de fornecer estimativas precisas dos parâmetros genéticos e do desempenho dos genótipos. Nesse sentido, os modelos lineares mistos têm se destacado por possibilitar a estimação de componentes de variância, a predição de valores genéticos e a seleção mais acurada de genótipos superiores (Dallastra et al., 2014; Vianna et al., 2013). Os métodos de máxima verossimilhança restrita (REML) e de melhor predição linear não-viesada (BLUP) são amplamente utilizados para essas finalidades, sobretudo em experimentos desbalanceados como os delineamentos em blocos aumentados (Resende, 2016; Torres Filho et al., 2017).

Além da avaliação individual de genótipos, o melhoramento genético da soja frequentemente se beneficia do uso de cruzamentos dirigidos, os quais visam recombinar a variabilidade genética disponível e gerar populações segregantes com potencial superior (Bernardo; Bohn, 2007). Nesse contexto, os métodos de análise dialélica têm sido amplamente empregados, pois permitem avaliar o desempenho dos genitores e de suas combinações híbridas, fornecendo informações essenciais para a escolha de parentais e estratégias de cruzamento (Cruz; Vencovsky, 1989).

A partir da análise dialélica, é possível estimar dois parâmetros de grande relevância para o melhoramento de plantas: a capacidade geral de combinação (CGC), e a capacidade específica de combinação (CEC), que expressa o desempenho particular de determinadas combinações híbridas em relação ao esperado com base na CGC dos parentais (Makanda et al., 2010; Ferreira et al., 2002).

Entretanto, as análises dialélicas clássicas apresentam limitações quando aplicadas a dados desbalanceados, delineamentos complexos ou gerações

avançadas de endogamia. Para superar essas restrições, a integração da análise dialética com modelos lineares mistos baseados em BLUP tem sido proposta como uma abordagem mais robusta e precisa (Piepho et al., 2008; Resende, 2016). Essa estratégia permite incorporar informações de diferentes ambientes, reduzir o impacto do erro experimental e melhorar a inferência sobre os efeitos genéticos aditivos e não aditivos, ampliando a eficiência na identificação de genitores e combinações superiores.

Apesar de seu potencial, ainda são escassos os estudos que aplicam a análise dialética baseada em modelos mistos em populações de soja avaliadas em delineamentos desbalanceados, como blocos aumentados, para caracteres agrônômicos de interesse. Assim, a adoção dessa abordagem representa uma alternativa promissora para avançar o conhecimento sobre a arquitetura genética desses caracteres e subsidiar decisões mais precisas nos programas de melhoramento.

Mediante o exposto, os objetivos do presente trabalho consistem em: (i) Estimar parâmetros genéticos e acurácia seletiva em populações de soja oriundas de cruzamentos entre genitores contrastantes para resistência à *M. phaseolina* e caracteres agrônômicos; (ii) Predizer valores genéticos individuais por meio de modelos mistos REML/BLUP; (iii) Aplicar índices de seleção para identificar genótipos superiores quanto à resistência, produtividade e precocidade; (iv) Avaliar a capacidade geral e específica de combinação de genitores por meio de análise dialética com modelos mistos; (v) Identificar genitores e combinações superiores para caracteres agrônômicos em delineamento de blocos aumentados.

3. CONCLUSÃO

A análise dialélica baseada em modelos lineares mistos permitiu identificar diferenças quanto à natureza genética dos caracteres agronômicos avaliados em populações de soja oriundas de cruzamentos entre genitores contrastantes. A estatística de Wald evidenciou que o controle genético dos caracteres sofreu variação.

Os efeitos de CGC estimados por BLUP indicaram que o genitor PI 567562A apresentou contribuição para a redução do ciclo, destacando-se assim como genitor promissor em programas de melhoramento que objetivam maior precocidade.

A CEC revelou variabilidade entre os cruzamentos para os caracteres APM e PG, indicando que o desempenho desses caracteres depende fortemente da interação específica entre os genitores. Os cruzamentos envolvendo PI 567562A × VMAX RR e PI 594302 × BMX APOLO RR destacaram-se por apresentarem efeitos positivos de CEC, evidenciando seu potencial para exploração em etapas subsequentes do programa de melhoramento.

As médias genéticas preditas dos cruzamentos, obtidas a partir da integração dos efeitos de CGC, CEC, forneceram uma síntese robusta do desempenho genético esperado, permitindo discriminar combinações promissoras mesmo em condições de delineamento desbalanceado.

A abordagem adotada demonstrou-se eficiente para a avaliação dialélica em gerações avançadas de endogamia, fornecendo subsídios confiáveis para a escolha de genitores e combinações híbridas superiores, e contribuindo para o avanço de programas de melhoramento genético de soja, com foco em caracteres agronômicos superiores e genes portadores de resistência à podridão de carvão.

4. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, A. M. R.; YORINORI, J. T.; GARCIA, A.; SILVA, J. F. V. **Fontes de resistência à podridão cinzenta da haste (*Macrophomina phaseolina*) em soja**. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 38, n. 4, p. 437–445, 2003. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2003000400004>.

ASSEFA T, OTYAMA PI, BROWN AV, KALBERER SR, KULKARNI RS, CANNON SB (2019) Genome-wide associations and epistatic interactions for internode number, plant height, seed weight and seed yield in soybean. **BMC Genomics** 20:1-12.

BERNARDO, R. *Breeding for quantitative traits in plants*. Woodbury, MN: Stemma Press, 2002.

BERNARDO, R.; BOHN, M. O. Plant breeding in times of change. *Crop Science*, Madison, v. 47, p. 2–3, 2007.

BERTOLIN DC, AS ME, ARF O, FURLANI JUNIOR E, COLOMBO AS; CARVALHO LBM (2010) Aumento da produtividade de soja com a aplicação de boestimulantes. **Bragantia** 69:339-347.

BATES, D.; MÄCHLER, M.; BOLKER, B.; WALKER, S. Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, v. 67, n. 1, p. 1–48, 2015. DOI: 10.18637/jss.v067.i01.

Bordallo PN, Pereira MG, Amaral Júnior AT do, Gabriel APC (2005) Análise dialélica de genótipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. *Horticultura Brasileira*, Brasília, 23(1): 123-127. <https://doi.org/10.1590/S010205362005000100026>

Bonetti LP (1983) **A soja no Brasil**. 1.ed. Campinas: ITAL, 1062 p.

COLOMBO, G. A.; CARVALHO, E. V.; DARONCH, D. J.; PELUZIO, J. M. apacidade combinatória de genótipos de soja sob condições de cerrado de baixa latitude. *Revista de Ciências Agrárias*, [s.l.], v. 61, p. 1-9, 2018. Disponível em: <https://ajaes.ufra.edu.br/index.php/ajaes/article/view/2696>.

<https://doi.org/10.22491/rca.2018.2696>

COSER, S. M. et al. Arquitetura genética da resistência à podridão de carvão

(*Macrophomina phaseolina*) em soja revelada usando um painel diversificado. *Frontiers in Plant Science*, v. 8, p. 1626, 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1. 514 p.

CRUZ CD, REGAZZI AJ, CARNEIRO PCS (2012) **Modelos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 480 p.

CRUZ, M. F. A.; SOUZA, G. A.; RODRIGUES, F. A.; SEDIYAMA, C. S.; BARROS, E. G. Reação de genótipos de soja à infecção natural por ferrugem asiática. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 46, n. 2, p. 215-218, 2011.

CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, C. S.; SEDIYAMA, T. Capacidade combinatória e efeitos recíprocos de alguns caracteres em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). *Revista Ceres*, Viçosa, v. 34, n. 194, p. 432–439, 1987.

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

DARONCH, D.J.; PELUZIO, J.M.; AFFÉRI, F.S.; NASCIMENTO, M.O. Capacidade combinatória de cultivares de soja em F2, sob condições de cerrado tocantinense. *Bioscience Journal*, Uberlândia, v. 30, n. 5, p. 688-695, 2014.

FEDERER, W. T. Augmented (or hoonuiaku) designs. *Hawaiian Planter's Record*, v. 55, p. 191–208, 1956.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. *Stages of soybean development*. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11 p.

FERREIRA, M. A. J. F.; BRAZ, L. T.; QUEIROZ, M. A.; CHURATA-MASCA, M. G. C.; VENCOVSKY, R. Capacidade de combinação em sete populações de melancia. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v. 37, n. 7, p. 963–970, 2002.

GERHARDT, I. F. S. et al. Genetic effects on the efficiency and responsiveness to phosphorus use in popcorn as estimated by diallel analysis. *PLOS ONE*, v. 14, n. 5, 2019.

GONÇALVES JGR, CHIORATO AF, SILVA DA, ESTEVES JAF, BOSETTI F, MORAIS SAC (2015) Análise da capacidade combinatória em feijoeiro comum submetido ao déficit hídrico. **Bragantia** 74: 149-155.

HENDERSON, C. R. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. *Biometrics*, v. 31, p. 423–447, 1975.

KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N. R. Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. *Revista Ciência Agronômica*, v. 43, n. 3, p. 522-531, 2012.

LIMA, R. F.; APARECIDO, L. E. O.; TORSONI, G. B.; ROLIM, G. S. Climate change assessment in Brazil: utilizing the Köppen-Geiger climate classification. *Revista Brasileira de Meteorologia*, v. 38, p. e38230001, 2023.

LORENCETTI, C. et al. Estimativa do desempenho de progênies F_2 e F_3 com base no comportamento dos genitores e dos híbridos F_1 em aveia. *Bragantia*, Campinas, v. 65, n. 2, p. 207–214, 2006.

MAKANDA, I. et al. Combining ability and cultivar superiority of sorghum germplasm for grain yield across tropical low- and mid-altitude environments. *Field Crops Research*, Amsterdam, v. 116, n. 1–2, p. 75–85, 2010.

MARANNA, S. et al. Breeding for higher yield, early maturity, wider adaptability and waterlogging tolerance in soybean (*Glycine max* L.): a case study. *Scientific Reports*, v. 11, n. 1, 2021. DOI: 10.1038/s41598-021-02064-x.

MENGISTU, A. et al. Avaliação de genótipos de soja quanto à resistência à podridão de carvão. *Plant Health Progress*, v. 12, n. 1, p. 6, 2011.

PAINI, J. N. et al. Capacidade combinatória e heterose em cruzamentos intervarietais de milho avaliados sob as condições climáticas da região sul do Brasil. *Revista Ceres*, Viçosa, v. 43, n. 247, p. 288–300, 1996.

PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A. D.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C. D.; MACHADO, J. C. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. *Bragantia*, v. 72, n. 2, p. 113-121, 2013.

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

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2020.

- RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. *Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas*. Lavras: UFLA, 2012.
- RESENDE, M. D. V. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes*. Colombo: Embrapa, 2002.
- RESENDE, M. D. V. *Software Selegen–REML/BLUP*. Colombo: Embrapa, 2016.
- REZNIKOV, S. et al. Interações específicas entre soja e *Macrophomina phaseolina* e identificação de uma nova fonte de resistência. *Fitopatologia*, v. 109, n. 1, p. 63–73, 2019.
- SEARLE, S. R.; CASELLA, G.; MCCULLOCH, C. E. *Variance components*. Hoboken: John Wiley & Sons, 2009.
- SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. **Melhoramento da soja**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologia de produção e utilização da soja**. Mecenas, 2015. p. 57–88.
- SEIXAS, C. D. S. et al. *Tecnologias de produção de soja*. Londrina: Embrapa Soja, 2020.
- SILVA, Hortência Kardec. Melhoramento de soja para resistência à podridão do carvão: Avaliação da patogenicidade de fungos do gênero *Macrophomina* e análise dialélica de populações segregantes. 2024.
- SILVA, Lorryne Lucinda et al. Análise dialélica, parâmetros genéticos e índice de seleção em populações segregantes de soja. 2021.
- STRAM, D. O.; LEE, J. W. Variance components testing in the longitudinal mixed effects model. *Biometrics*, p. 1171–1177, 1994.
- TAVEIRA, A. C. Análise dialélica em populações F2 de soja para caracteres fisiológicos e agrônômicos. 2021. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Federal de Mato Grosso do Sul, Chapadão do Sul, 2021.
- TEIXEIRA, Morganna Aparecida Justino et al. Capacidade combinatória, diversidade genética e correlações em soja. 2021.
- TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. *Genetics and Molecular Research*, v. 16, n. 3, 2017. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039750>

TEODORO, L. P. R. et al. Understanding the combining ability for physiological traits in soybean. PLOS ONE, v. 14, n. 5, 2019.

VALENTINI, G. et al. Early selection of agronomic traits in segregating black bean population. Crop Breeding and Applied Biotechnology, Viçosa, v. 10, p. 140–146, 2010.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992.

XIONG, Q. et al. Response to nitrogen deficiency and compensation on physiological characteristics, yield formation, and nitrogen utilization of rice. Frontiers in Plant Science, v. 9, p. 1075, 2018. DOI: 10.3389/fpls.2018.010.