

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA COM TESTE DE PROGÊNIES VIA  
MODELAGEM MISTA**Silene Tais Brondani<sup>1</sup>, Márcia Marise de Freitas Cação<sup>2</sup> e Juliana Parisotto Poletine<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Universidade Estadual de Maringá – UEM, Campus Regional de Umuarama, Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias, Estrada da Paca s/n, CEP 875000-00, Umuarama, PR. E-mail: [silenetais@outlook.com](mailto:silenetais@outlook.com)

<sup>2</sup>APTA, APTA Regional, Unidade Regional de Pesquisa e Desenvolvimento de Assis. Rodovia SP 333 (Assis-Marília) km 397, CEP 19.805-000, Assis, SP. E-mail: [marcia.rodrigues@sp.gov.br](mailto:marcia.rodrigues@sp.gov.br)

**RESUMO:** A soja é a fabaceae mais importante em nível mundial para a produção de grãos. Neste sentido, o melhoramento genético na cultura da soja tem sido o responsável por proporcionar altas produtividades. O teste de progênie é o método que proporciona o isolamento de plantas originais para que sejam colocadas em contato com o ambiente, em um ensaio de competição. O objetivo do presente trabalho foi selecionar genótipos de soja por meio de testes de progênie via modelos mistos. O experimento foi conduzido no ano agrícola 2019/2020 no município de Luizizânia, estado do Paraná e o delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer, contendo quatro testemunhas definidas conforme os parentais da população. O experimento foi composto por 153 tratamentos, distribuídos em três blocos (A, B e C) variando o número de progênies + testemunhas, totalizando 149 progênies e 161 parcelas. As características avaliadas foram: número de nós produtivos da haste principal, número de grãos, peso de mil sementes e produtividade (kg ha<sup>-1</sup>). Os dados coletados foram submetidos ao Programa Computacional Genes e Selegen REML/BLUP, Modelo 8.2. Das 149 progênies avaliadas, 64 apresentaram ganho no ranqueamento da produtividade. As populações que mais se destacaram para a região de estudo, quando se enfatiza a produtividade de grãos, são B e A. A população A apresentou-se na ordem 2, 3, 5 e 7, enquanto a população B, na ordem 1, 4, 9 e 10.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Glycine max* L, parâmetros genéticos, estratégias de melhoramento, população segregante, REML/BLUP.

**GENOTYPES SOYBEAN SELECTION WITH PROGENYS TEST THROUGH  
MIXED MODELS**

**ABSTRACT:** Soybean is the most important legume worldwide for grain production. Genetic improvement in soybean crop is responsible for providing high grain yield. Progeny test is the method that provides isolation of original plants so that these ones are cultivated in several environments, in a competition test. The objective of the present work was to select soybean genotypes by means of progeny tests through mixed models. The experiment was carried out in 2019/2020 crop season at Luizizania County; Parana State with the use of Federer augmented blocks containing four controls defined according to parental population. The study consisted of 153 treatments, distributed in three blocks (A, B and C) ranging the number of progenies + controls, totaling 149 progenies and 161 unit plots. The following characteristics were evaluated: number of productive nodes of the main stem, number of grains, weight of a thousand seeds and grain yield (kg ha<sup>-1</sup>). Collected data were submitted to Computational Program Genes and Selegen REML / BLUP, Model 8.2. From 149 progenies evaluated, 64 showed select gains in grain yield ranking. Populations that stood out, for environment study region, when emphasizing grain yield were B and A. Population A showed in order 2, 3, 5 and 7, while population B, in order 1, 4, 9 and 10.

**KEY WORDS:** *Glycine max* L, genetic parameters, crop breeding strategies, segregating population, REML / BLUP.

## INTRODUÇÃO

A cultura da soja (*Glycine max* L.) possui seu centro de origem na China e foi introduzida no Brasil no ano de 1882, no estado da Bahia. Entretanto, é no ano de 1914 que temos o marco inicial para a produção comercial da cultura soja no Rio Grande do Sul (Vernetti, 1983). A soja é uma cultura de grande interesse socioeconômico, os teores de proteína variam em torno de 40%, e de óleo, em torno de 20% (Rocha e Vello, 1999).

Sendo uma das culturas mais relevantes para a economia mundial, a leguminosa pertencente à família Fabaceae é um alimento para consumo humano e animal, rico em proteína (Neto et al., 2000). Classificada como planta de dia curto e noite longa, a soja possui vasta variabilidade genética em resposta às exigências do fotoperíodo (Hartwig e Kiihl, 1979).

A cultura é classificada como espécie autógama, capaz de manter no processo reprodutivo a pureza da genética da semente, a fim de propagar a variedade sem perder a pureza genética (Borém et al., 2005). A ampliação da cultura da soja no Brasil foi produzida pela procura do mercado internacional, por meio do aumento na demanda. Algumas áreas que produziam outras culturas foram substituídas pela soja (Rezende et al., 2007).

Conforme a Companhia Nacional de Abastecimento - Conab (2019), os números referentes à exportação brasileira da soja tiveram um aumento considerável, quando comparados à safra anterior, 2018/19. A ampliação da exportação foi motivada pela guerra comercial existente entre os Estados Unidos e a China. Os números saltaram de 68 milhões para 70 milhões de toneladas. Até o início do segundo semestre de 2019, ocorreu a entrega de mais de 5,15 milhões de toneladas da safra 2019/20; esse aumento se dá, grande parte, ao trabalho dos melhoristas.

O melhoramento genético tem se tornado o método que proporciona incremento na produtividade de diversas culturas, sendo realizado de forma equilibrada e sustentável (Borém et al., 2005; Ramalho et al., 2010). Desde o início do melhoramento genético, ocorria uma triagem para tal. As melhores sementes eram separadas, selecionadas e classificadas para propagação da espécie desejada. De certo modo, o melhoramento genético vem sendo interpretado por diversas pessoas como uma arte (Borém, et al., 2005).

O trabalho do melhorista tem contribuído de forma positiva para o desenvolvimento e para o bem-estar da humanidade (Borém et al., 2005). Pinto (2009) conceituou o melhoramento genético como conhecimento capaz de modificar características herdáveis a fim de realizar as necessidades da ciência, ou ainda, como a arte para a obtenção de genótipos superiores em condições adversas.

Conforme Allard (1999) e Carvalho et al., (2008), o teste de progênie origina-se com

o isolamento de plantas já selecionadas anteriormente a partir de uma população original, as quais serão selecionadas pela influência do ambiente e serão colocadas em um ensaio de competição; somente progênies superiores produzem progênies superiores. A primeira etapa é denominada como a mais crítica por ser determinada a presença ou a ausência de descendentes de cada linhagem.

Adaptabilidade e estabilidade são considerados fenômenos que se relacionam, porém, não devem ser considerados como um só (Vencovsky e Barriga, 1992). Conforme Mariorri et al, (1976) adaptabilidade é considerada como a capacidade que o genótipo tem de responder aos estímulos ambientais; já a estabilidade é considerada como a capacidade que o genótipo tem de desempenhar a sua função mais constante possível, isso tudo quando relacionamos as variações ambientais existentes.

Para Resende (2000), a utilização da metodologia de modelagem mista se baseia em métodos numéricos, objetivando as soluções das equações de modelagem mista, afim de realizar cálculos para a minimização e maximização de diversas variáveis. A modelagem mista ordena os genótipos conforme os valores genéticos e simula estabilidade, adaptabilidade e produtividade, que ocorre a partir da média harmônica da *performace* relativa do genótipo (Resende, 2004). No programa estatístico Selegen, os delineamentos em blocos aumentados são caracterizados por conta da ausência de repetições dos tratamentos e pela repetição das testemunhas em todos os blocos. Isso ocorre, pois existem números limitados de propágulos nas etapas iniciais do melhoramento (Federer, 1958).

Os dados obtidos são, então, submetidos à análise de variância no delineamento desejado e a grande vantagem desta metodologia é a possibilidade de utilização de dados desbalanceados. O objetivo do presente trabalho foi selecionar genótipos de soja por meio de testes de progênie, via modelos mistos.

## MATERIAL E MÉTODOS

O presente trabalho avaliou 149 progênies experimentais em geração F<sub>4</sub> (avanço de gerações até a obtenção de homozigose com a realização de teste de progênie) e quatro cultivares utilizadas como referências comerciais: BS2606, BMX Garra, M5947 e M6210, contendo 153 tratamentos distribuídos em três blocos (A, B e C). O experimento foi conduzido na fazenda Rio sem Passo, na cidade de Luziânia, nas coordenadas 24°20'17.9''S 52°22'47.4''W, com 800 metros de altitude, temperatura média anual variando de 16 a 26°C, em Latossolo Vermelho distrófico (Embrapa, 2013), estado do Paraná, no ano agrícola de 2019/2020.

### *Obtenção das progênies F<sub>4</sub> – teste de progênie*

As progênies foram cedidas pelo grupo integrado e encaminhadas para Campo Mourão e demais cidades, trilhadas individualmente, aproximadamente 60 pacotes, variando o número de sementes de avanços, desde F<sub>1</sub>-F<sub>4</sub>. Foram selecionadas as linhas das progênies e o processo foi realizado durante a fase preliminar até o final do processo do melhoramento genético. Esse procedimento é adotado pelo grupo integrado melhoramento genético.

O delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer, contendo quatro testemunhas definidas conforme os parentais da população, contendo uma linha de 3 metros de comprimento com o espaçamento de 0,5 metros, totalizando 4 metros de comprimento com o corredor. Foram formados três blocos (A, B e C) com diferentes números de progênie + testemunha. Bloco A (49 progênies + 4 testemunhas: total de 53 parcelas), Bloco B (49 progênies + 4 testemunhas: total de 53 parcelas) e Bloco C (51 progênies + 4 testemunhas: total de 55 parcelas).

A área experimental foi dessecada com 2,4D + glyfosate (1 L ha<sup>-1</sup> e 3,5 L ha<sup>-1</sup>) e realizou-se a adubação de semeadura padrão do programa de melhoramento genético da empresa integrado de melhoramento genético de soja com 330 kg ha<sup>-1</sup> da formulação 02 - 20 - 20 (N – P<sub>2</sub>O<sub>5</sub> – K<sub>2</sub>O). No estágio V2 foi realizada dessecação em pós-emergência da cultura, com glyfosate (2,5 L ha<sup>-1</sup>), e no estágio V4, uma aplicação de glyfosate com diflubenzuron (2,5 L ha<sup>-1</sup> e 60 g ha<sup>-1</sup>). Quando as plantas atingiram o estágio V6-R1 foi efetuada uma aplicação de benzovindiflupir + picoxistrobina com diflubenzuron (0,5 L ha<sup>-1</sup> e 60 g ha<sup>-1</sup>). No estágio R2-R3 utilizou-se protioconazol + trifloxistrobina + bixafem, imidacloprid + bifentrina, diflubenzuron, óleo mineral e adjuvante (0,5 L ha<sup>-1</sup>, 0,4 L ha<sup>-1</sup>, 60 g ha<sup>-1</sup>, 0,2 L 100 L calda<sup>-1</sup> e adjuvante 0,1 L 100 L calda<sup>-1</sup>).

Para as plantas em R4-R5, foram utilizados os defensivos agrícolas protioconazol + trifloxistrobina + bixafem, imidacloprid, acefato, ciproconazol + trifloxistrobina, óleo mineral e adjuvante (0,5 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 1 Kg ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L 100L calda<sup>-1</sup> e adjuvante 0,1 L 100L calda<sup>-1</sup>). Quando as mesmas atingiram o estágio R5, mancozebe + tebuconazole + picoxistrobina, ciproconazole + difenoconazole, tiametoxam + lambdialotrina, imidacloprid + bifentrina, óleo mineral e adjuvante (2,5 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 0,4 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L 100L calda<sup>-1</sup> e adjuvante 0,1 L 100L calda<sup>-1</sup>).

Quando as mesmas atingiram o estágio R6, utilizou-se ciproconazol + trifloxistrobina, clorotalonil, imidacloprid, acefato, óleo mineral e adjuvante (0,2 L ha<sup>-1</sup>, 2,5 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 1 Kg ha<sup>-1</sup>, 0,2 L 100L calda<sup>-1</sup> e adjuvante 0,1 L 100L calda<sup>-1</sup>). Para finalizar o controle

fitossanitário em R6-R7, realizou-se uma aplicação de mancozebe + tebuconazole + picoxistrobina, ciproconazol + difenoconazol e imidacloprid + bifentrina (2,5 L ha<sup>-1</sup>, 0,2 L ha<sup>-1</sup>, 0,4 L ha<sup>-1</sup>).

Os dados foram executados através do Programa de Melhoramento de Soja do Centro Universitário Integrado (INT) e o experimento realizado na Estação Experimental Fazenda Rio sem Passo, Luziânia - PR. As características avaliadas foram resultantes da média de cinco plantas por linha, sendo avaliados: número de nós produtivos da haste principal, número de grãos, peso de mil sementes e produtividade (kg ha<sup>-1</sup>). As estatísticas foram realizadas com auxílio dos programas Genes e Selegen REML/BLUP.

A herdabilidade da média da testemunha tende a 1 e o modelo estatístico corresponde a:

$$y = Xf + Zg + Wb + e$$

Em que:

*y*: é o vetor de dados;

*f*: é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral para o modelo 74 e médias de testemunhas e média da população de tratamentos principais para o modelo 76);

*g*: é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios);

*b*: é o vetor dos efeitos ambientais 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.

A significância dos efeitos do modelo foi estimada pela análise de *deviance*. As *deviances* foram obtidas por meio de análises com e sem os efeitos do genótipo e genótipos x ambientes. Em seguida, subtraiu-se de cada *deviance* do modelo completo a *deviance* sem o referido efeito, confrontando-se o valor do qui-quadrado com um grau de liberdade a 1% e 5% de probabilidade, conforme recomendações de Resende (2007).

Matematicamente:

$$LRT = -2\ln\left(\frac{MV \text{ do modelo reduzido}}{MV \text{ do modelo completo}}\right)$$

em que:

*ln* é o logaritmo neperiano e *MV* máxima verossimilhança

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância ANOVA num delineamento de blocos aumentados de Federer (incompletos) (ajuste sobre as médias para cada variável). Foi utilizado o programa estatístico Selegen REML/BLUP, encaminhamento para o ganho de seleção de materiais por meio do modelo 74.

As estimativas dos componentes de variância e parâmetros genéticos e fenotípicos foram obtidas utilizando-se o aplicativo computacional GENES (Cruz, 2013). As análises foram realizadas com o aplicativo Selegen REML/BLUP (Rezende, 2007). Pinheiro et al. (2013) e Pereira et al. (2017), em seus estudos com soja, notaram que as avaliações realizadas em REML/BLUP apresentaram maiores ganhos na seleção das progênies, o que torna mais acurada a predição dos valores genéticos.

## RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de *deviance* (ANADEV) foi utilizada para testar a significância do modelo. As *deviances* foram obtidas por meio de análise com e sem os efeitos de genótipo e da interação. A análise de *deviance* (ANADEV) -  $H^2_a$  é a herdabilidade de parcelas individuais no sentido amplo, ou seja, dos efeitos genotípicos totais.  $C^2_{\text{bloc}}$  é o  $c^2$  coeficiente de determinação dos efeitos de bloco. O LRT (teste da razão de verossimilhança) tem como principal função testar a significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com 1 grau de liberdade.

Na sequência, subtraíram-se da *deviance* do modelo completo as *deviances* sem o referido efeito (modelo reduzido). Essas diferenças foram confrontadas com o valor de qui-quadrado ( $\chi^2$ ) com um grau de liberdade, a 1% (6,63) e 5% (3,84) de probabilidade de erro. A hipótese de ausência de significância do efeito testado foi rejeitada quando  $LRT > \chi^2$ , em que LRT (*Likelihood Ratio Test*) ou teste da razão de verossimilhança (Tabela 1).

**Tabela 1** - Análise de *deviance* (ANADEV) e significância pelo teste da razão de verossimilhança (LRT ( $\chi^2$ )) para os efeitos de genótipos para caracteres de progênies de soja avaliados no ano safra 2019/2020

1'	ANADEV	Efeito		
		Completo	Genótipo	C <sup>2</sup> bloc
Produtividade	<i>Deviance</i>	1993,9086	1993,9253	2076,2615
	LRT ( $\chi^2$ )		0,0167 <sup>ns</sup>	82,3529**
Número de grãos	<i>Deviance</i>	1377,3547	1377,3562	1390,0707
	LRT ( $\chi^2$ )		0,0015 <sup>ns</sup>	12,7160**
Número de nós produtivos	<i>Deviance</i>	412,0205	412,0270	412,0205
	LRT ( $\chi^2$ )		0,0065 <sup>ns</sup>	0 <sup>ns</sup>
Peso de mil sementes	<i>Deviance</i>	1075,6657	1075,6670	1086,3171
	LRT ( $\chi^2$ )		0,0013 <sup>ns</sup>	10,6514**

( $\chi^2$ ) tabelado: 3,84 e 6,63 para níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente (\*) e (\*\*), não significativo (<sup>ns</sup>) a 5% de probabilidade.

Na Tabela 1, o LRT apresentou significância de C<sup>2</sup>bloc – completo para os caracteres: produtividade, número de grãos e peso de mil sementes; para essa análise, somente número de nós produtivos não apresentou diferença significativa. Verificou-se que o *deviance* H<sup>2</sup>a – completo apresentou LRT não significativo para os caracteres produtividade, número de grãos, número de nós produtivos e peso de mil sementes. Neto et al., (2013) analisou a produção de grãos em ensaio de cultivares de arroz; o mesmo apresentou um valor de LRT para o efeito genótipos de 1,26, não apresentando diferenças significativas, vindo a corroborar com os resultados apresentados no trabalho em estudo. Filho (2011) avaliou linhagens de arroz via modelagem mista; o trabalho apresentou o resultado do genótipo LRT, com diferenças significativas para produtividade de grãos, confrontando com os resultados obtidos no presente estudo.

No presente trabalho não houve diferença significativa entre as progênies de soja, o que hipoteticamente implica em indivíduos aparentados, sendo passível o avanço de todas as linhagens. Nesse sentido, a modelagem mista é fundamental para destacar quais materiais genéticos podem ser promissores. Andrade (2015), ao analisar estratégias de seleção de genótipos de soja via modelos mistos, encontrou diferenças significativas a 1% de probabilidade para número de nós produtivos, altura de planta, altura de inserção de primeira vagem, número de vagens, peso de cem sementes e produção de grãos; já as características agrônômicas como acamamento, número de ramos, número de dias para maturação e valor

agronômico não apresentaram diferenças significativas ao teste qui-quadrado.

Na Tabela 2, encontram-se expostos os componentes de determinação e de variância, coeficiente de variação, herdabilidade e acurácia. A variância do efeito de genótipos foi testada pelo teste qui-quadrado para a razão de verossimilhança (LTR); a utilização desse coeficiente permite a comparação da variabilidade genética de diferentes caracteres.

**Tabela 2** - Componentes de variância (REML individual) para teste de progênie em soja para as características, produtividade (PROD), número de grãos (NG), número de nós produtivos (NP), peso de mil sementes (PMS) na safra 2019/2020

	PROD	NG	NP	PMS
Variância genotípica	1327,1400	825,7400	0,1351	5,9309
Variância de bloco	180430,6000	0,0118	0,1460	3,1652
Variância residual	148803,5600	2,4787	3,1162	1120,3600
Variância fenotípica individual	330561,3200	828,2300	3,3974	1129,4500
H <sup>2</sup> de parcelas individuais	0,0040+-0,0140	0,9960+- 0,2230	0,0390+-0,0440	0,0052+-0,0160
Coefficiente de determinação bloco	0,5450	0,0000	0,0429	0,0028
H <sup>2</sup> média do genótipo	0,0197	0,9993	0,1715	0,0257
H <sup>2</sup> média do genótipo ajustada	0,0088	0,9970	0,0415	0,0052
Acurácia da seleção	0,1405	0,9996	0,4141	0,1603
Média geral	1140,6000	12,5792	7,0283	92,0070

\* e \*\* Efeitos significativos pelo teste de qui-quadrado 5% (3,84) e 1% (6,63), respectivamente.

Resultados obtidos por Prato (2019), na cultura da soja sobre herdabilidade, demonstraram um valor considerado médio de 0,557, resultados diferentes dos obtidos no presente trabalho, o qual apresentou um valor baixo de herdabilidade do genótipo de 0,0197. Em contrapartida, Santana (2018), em seus estudos na cultura da soja em número de vagens de 1, 2 e 3 grãos, como também para número total de vagens, apresentou valores altos sobre herdabilidade e ganho de seleção. Conforme exposto por Cruz (2012), quanto menor for o valor da variância genotípica, maior será o efeito ambiental e, conseqüentemente, menor será a herdabilidade da característica, e isso pode ser demonstrado pelos resultados obtidos.

Conforme Valois et al., (1980), o conhecimento do coeficiente tem papel fundamental para os programas de melhoramento genético, pois o mesmo tem a função de indicar a amplitude da variação genética do caráter, tendo como objetivo determinar a possibilidade para o melhoramento de plantas. Os resultados apresentados na Tabela 02 demonstram a variabilidade existente entre os genótipos testados. O coeficiente de variação está de acordo com o relatado na literatura (Lopes et al., 2002; Carvalho et al., 2009).

O valor de coeficiente de variação genotípica foi de 1327,1400, enquanto o coeficiente de variação do bloco foi de 180430,6000 e a variância residual foi de 148803,5600. Castro



(2019), em seus estudos sobre adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja, avaliou a variância residual apresentando um total de 183687,3552, vindo a corroborar com os dados do presente estudo, os quais apresentou valores aproximados do citado. Para variância fenotípica individual, apresentou uma média de 330564,3200 para a característica produtividade. A utilização do coeficiente de variação genética tem como finalidade permitir a comparação da variabilidade genética de diferentes caracteres. Para Valois et al., (1980) o conhecimento deste coeficiente tem grande importância para os programas de melhoramento genético, para indicar a variação genética, tendo em vista a possibilidade de determinar o melhoramento.

O coeficiente da herdabilidade reflete quanto aos valores de herança e também do ambiente conforme a expressão dos caracteres, definindo que, quanto maior for o resultado do coeficiente, maior será o sucesso da seleção para um dado caráter. Para Silveira et al., (2006) o coeficiente pode variar de 0 a 1, sendo que os valores maiores que 0,5 apresentam alta herdabilidade; os valores que variam de 0,2 a 0,5 apresentam média herdabilidade e os menores que 0,2 são avaliados como baixa herdabilidade.

Os valores referentes ao coeficiente de herdabilidade (Tabela 2) para número de grãos apresentaram a maior herdabilidade ( $h^2 = 0,99$ ), seguido do número de nós produtivos ( $h^2 = 0,17$ ), peso de mil sementes ( $h^2 = 0,02$ ) e produtividade ( $h^2 = 0,01$ ). Os resultados que apresentaram os coeficientes superiores a 0,5 confirmam alta herdabilidade para as características, indicando facilidade na fixação dos melhores genótipos durante o avanço de geração (Yokomizo, 2012). Filho (2011), em seu estudo, analisou o coeficiente de determinação para produção de grãos; o mesmo apresentou um coeficiente de herdabilidade de  $0,07475 \pm 0,0185$ , vindo de encontro com o presente trabalho. Resultados semelhantes foram obtidos na cultura da soja (Leite et al., 2015).

A herdabilidade exerce papel fundamental para os parâmetros genéticos; o mesmo tem a função de quantificar e fracionar a variação fenotípica de natureza herdável, passível de ser explorada na seleção de progênies (Maia et al., 2009). O valor da herdabilidade de parcelas individuais para o parâmetro produtividade foi de 0,0040, com desvio padrão de 0,0140. Já para o parâmetro número de grãos, a herdabilidade de parcelas individuais apresentou um total de 0,9960, com desvio padrão de 0,2230. Para o número de nós produtivos, a herdabilidade da média apresentou 0,0390, enquanto seu desvio padrão foi de 0,0440, e para a variável peso de mil sementes a herdabilidade de parcelas individuais possui um total de 0,0050, com desvio padrão de 0,0160.

A acurácia da seleção releva a qualidade do experimento e o mesmo indica a seleção segura entre a seleção dos genótipos. O valor da acurácia para a característica produtividade

foi de 0,14 % para número de grão e apresentou a percentagem de 0,99 % para a característica de número de nós produtivo (0,41 %); na análise de peso de mil sementes, apresentou o total de 0,16 %.

A correlação dos valores genéticos dos indivíduos tem como principal função os indicativos de indivíduos de seleção e a acurácia é um dos principais elementos no processo de melhoramento genético. Em experimentos de avaliações de cultivares é esperado que os valores de acurácia sejam elevados, visto que, quanto maior os valores forem encontrados de acurácia, menor serão os valores genéticos paramétricos e os estimados ou preditos (Henderson 1984).

Na Tabela 3 foi possível verificar o efeito significativo da interação genótipo x ambiente quanto aos quatro caracteres: produtividade (PROD), peso de mil sementes (PMS), número de nós produtivos (NP) e número de grãos (NG). Observa-se que não houve diferença significativa para os tratamentos (progênies) analisadas pelo teste F, o que caracteriza que as populações são geneticamente aparentadas e apresentaram resultados estatisticamente iguais para os caracteres produtividade, peso de mil sementes, número de nós produtivos e para número de grãos.

Em contrapartida, Costa et al., (2004) avaliou na cultura da soja a análise de variância nos tratamentos de produtividade, altura de planta na maturação, altura de inserção da primeira vagem, valor agronômico, número de vagens e número de sementes, os quais apresentaram diferença significativa variando de 1 a 5 %; somente o caractere acamamento não apresentou diferenças significativas. Silva et al (2018) avaliou produtividade de cultivares de soja em Santa Maria e, em sua pesquisa, observou que na análise de variância as duas características analisadas no parâmetro tratamento (massa de mil grãos e produtividade) apresentaram diferenças significativas.

**Tabela 3** - Resumo da análise de variância (ANOVA) de cruzamentos de soja, geração F<sub>4</sub>, utilizando dados de ensaio conduzido na Fazenda Rio Sem Passo, Paraná, safra 2019/2020

Quadrados Médios					
FV	GL	PROD	PMS	NP	NG
Blocos	2	17176,0360	1445,9119	30,1203	7085,0534
Tratamentos	152	110165,4491 <sup>ns</sup>	111,4863 <sup>ns</sup>	4,1912 <sup>ns</sup>	2253,1378 <sup>ns</sup>
Resíduo	6	134740,5857	322,2222	6,0967	3199,1589
CV%		37,76	9,77	24,29	37,38

<sup>ns</sup> - não significativo pelo teste F; PROD: Produtividade, NG: número de grãos, NP: número de nós produtivos, PMS: peso de mil sementes.

O coeficiente de variação para a característica produtividade apresentou um total de

37,76%, para o peso de mil sementes o coeficiente foi de 9,77%, para a análise de número de nós produtivo de soja o total foi de 24,29% e para número de grãos o total foi de 37,78%. Os coeficientes de variação, quando acima de 30%, são considerados muito altos; esse caso pode ocorrer por diferenças genéticas e fenotípicas entre os materiais ser grande, por ocorrer dispersão alta de dados experimentais e ainda, pelo fato, de serem caracteres quantitativos controlados por diversos genes e serem afetados facilmente pelo ambiente (Costa et al., 2008). Além disso, a classificação de percentagem do coeficiente de variação pode variar dependendo das condições edafoclimáticas ou do ciclo reprodutivo da cultura (Scapim et al., 1995). Para Lopes et al. (2002), os CV (%) confirmam a natureza complexa poligênica, sendo muito influenciada pelo ambiente, assim como no presente trabalho.

Na Tabela 4, encontra-se o ranqueamento dos genótipos, ou seja, os que apresentaram destaques para uma possível seleção de genótipos. O genótipo mais expressivo foi B8, apresentando média na produtividade de 12,9604 kg ha<sup>-1</sup>. Em segundo lugar, o genótipo destaque foi o A42 e, em terceiro, o A18, os quais apresentaram aumento de 9,6273 kg ha<sup>-1</sup> e 9,3323 kg ha<sup>-1</sup>. Para Ramalho et al. (2013), o sucesso para obtenção de progênes superiores está totalmente condicionado à experimentação aplicada, como também a análise gerada em condições BLUP é indispensável que possua componentes de variância. Resende (2002) cita ainda que, ao utilizar a abordagem estatística baseada em REML, a eficiência agrônômica do experimento varia conforme os parâmetros genéticos para então realizar-se o ranqueamento (Tabela 4) com os índices dos genótipos que parecerem mais adaptados e estáveis possível, baseando-se nos efeitos genéticos.

Ainda na Tabela 4, utilizou-se uma abordagem de modelos mistos como estratégia, a fim de aperfeiçoar o posicionamento de genótipos (Ramalho e Araújo, 2011; Resende, 2016 e Szareski, 2017). Deste modo, é possível verificar o valor genótipo predito livre com a interação com o ambiente (u+g). De acordo com Wegulo et al. (1998), as razões para as variações no ranking das cultivares entre diferentes métodos de avaliação no campo e ambientes controlados, em parte, são devidas às diferenças nas reações de defesa entre as cultivares.

Os materiais possíveis de seleção através da produtividade no trabalho seriam B8, A42, A18, B4, A13, F9, A45 D6, B5 e B3, pois apresentaram os melhores resultados e maiores valores genéticos em produtividade de grãos na análise das dez melhores progênes. As populações que mais se destacaram para a região de estudo, quando damos ênfase à produtividade de grãos, são B e A. A população A aparece na ordem 2, 3, 5 e 7, e a população B, na ordem 1, 4, 9 e 10.

O ranqueamento possibilitou a identificação das progênes que apresentaram desempenho superior quando analisamos mais de um caractere. Por exemplo, as seis progênes que se destacaram em mais de uma característica foi A13 (a mesma foi destaque para produtividade, número de grãos, número de nós produtivos e peso de mil sementes). Essa progênie foi destaque em todos os caracteres avaliados no ranqueamento dos genótipos quando avaliamos os 10 melhores resultados. O genótipo F9, por exemplo, foi destaque na produtividade de grãos e no peso de mil sementes; já o A45 foi destaque para produtividade, número de grãos e número de nós produtivos. Outros três genótipos foram destaques para produtividade e número de grãos, sendo D6, B5 e B3.

As quatro testemunhas comerciais (T1, T2, T3 e T4) foram inferiores às demais progênes avaliadas; para o ranqueamento das progênes as testemunhas se encontram nas posições 61, 62, 63 e 64, quando avaliamos o caractere produtividade, sendo as últimas encontradas na planilha e com o menor ganho.

Metodologias que analisavam o desempenho do genótipo, integrando rendimento de grãos e estabilidade são fortemente associadas, assim como relatado por Flores et al. (1998). Pinheiro et al. (2013) e Pereira et al. (2017), avaliando o ganho esperado para produtividade em progênes de soja, relataram maior sucesso na seleção.

Freitas et al. (2013), em análises de ranqueamento e estimativas de 30 progênes com milho pipoca sob análise de valores genotípicos previstos ( $g$ ), dos valores genotípicos ( $u+g$ ), realizando análise pela nova média predita (Blup), avaliaram que o método demonstrou-se muito eficiente para índices de seleção de progênie com desempenhos relativos elevados e ganhos promissores.

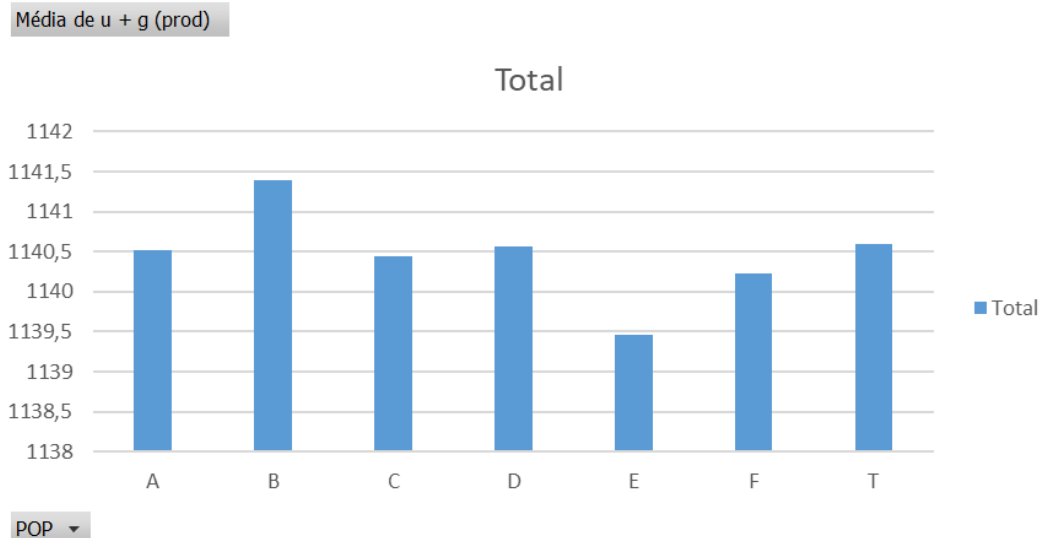
**Tabela 4** - Ranqueamento dos genótipos em Luiziânia - PR para os parâmetros de predições de efeito genético aditivo (g) e efeitos genotípicos livres de interação (u + g), para caráter produtividade de grãos (PROD), número de grãos (NG), número de nós produtivos (NP) e de caráter peso de mil sementes (PMS) de genótipos de soja

Ordem			Produtividade de grãos (kg ha <sup>-1</sup> ).		Número de grãos		Número de nós produtivos		Peso de mil sementes (g)	
	Bloco/Pop	Genótipo	g	u + g	g	u + g	G	u + g	g	u + g
1	B8	8	<u>12,9604</u>	1153,5638	<u>4,9491</u>	181,2113	-0,0517	10,3888	-0,1570	187,8938
2	A42	104	<u>9,6273</u>	1150,2307	-0,7154	175,5469	-0,0947	10,3458	-0,2914	187,7594
3	A18	80	<u>9,3323</u>	1149,9357	-0,4281	175,8341	-0,0517	10,3888	0,2527	188,3035
4	B4	4	<u>7,9800</u>	1148,5834	<u>2,9327</u>	179,1949	-0,0087	10,4318	0,0435	188,0942
5	A13	75	<u>6,8155</u>	1147,4189	0,1955	176,4578	0,0343	10,4748	-0,1481	187,9026
6	F9	49	<u>6,4026</u>	1147,0060	<u>2,2051</u>	178,4674	-0,0948	10,3458	-0,3574	187,6933
7	A45	107	<u>5,2407</u>	1145,8441	<u>1,3218</u>	177,5840	-0,0517	10,3888	0,1095	188,1602
8	D6	142	<u>5,1787</u>	1145,7821	<u>1,0723</u>	177,3346	-0,0087	10,4318	-0,8927	187,1581
9	B5	5	<u>4,9935</u>	1145,5970	<u>1,4775</u>	177,7398	<u>0,1633</u>	10,6039	0,2439	188,2947
10	B3	3	<u>4,6036</u>	1145,2070	0,5837	176,8459	<u>0,1633</u>	10,6039	0,4443	188,4951
11	A43	105	<u>4,4875</u>	1145,0909	-0,7986	175,4637	-0,0947	10,3458	<u>0,7108</u>	188,7616
12	B12	12	<u>4,063</u>	1144,6665	<u>1,1657</u>	177,4280	<u>0,2063</u>	10,6469	0,4443	188,4951
14	A46	110	3,7076	1144,3110	0,6774	176,9396	0,2494	10,6899	0,3099	188,3607
13	A48	108	3,7076	1144,3110	-0,2373	176,0250	0,1203	10,5609	0,1095	188,1602
15	A60	122	3,6279	1144,2313	0,5942	176,8565	0,0343	10,4749	0,5104	188,5611
16	A49	111	3,5658	1144,1692	0,3655	176,6278	-0,0087	10,4318	0,1095	188,1602
17	B19	19	3,5313	1144,1347	0,7292	176,9914	0,2924	10,7329	-0,3574	187,6933
18	D7	143	3,4772	1144,0806	-0,3828	175,8795	-0,0517	10,3888	0,1095	188,1602
19	A6	67	3,4569	1144,0603	-0,5321	175,7302	-0,0087	10,4318	-0,1481	187,9026
20	A58	120	3,3620	1143,9654	-0,4452	175,8171	-0,0517	10,3888	0,1095	188,1602
21	B20	20	2,7869	1143,3903	0,8747	177,1370	0,0343	10,4748	0,2439	188,2947
22	A52	114	2,6619	1143,2653	-0,1126	176,1497	-0,0087	10,4318	-0,2914	187,7594

23	B27	27	2,6186	1143,2220	0,9371	177,1993	0,0343	10,4748	-0,1570	187,8938
24	A28	90	2,5530	1143,1564	-0,0332	176,2291	0,0343	10,4748	-0,1481	187,9026
25	F13	55	2,4643	1143,0677	-1,5091	174,7532	-0,0948	10,3458	0,2527	188,3035
26	A19	81	2,2871	1142,8905	-0,1787	176,0836	0,1633	10,6039	-0,5490	187,5017
27	B18	18	2,2021	1142,8055	1,0202	177,2825	0,0773	10,5178	-0,1570	187,8938
28	F1	41	2,0425	1142,6460	0,3758	176,6380	-0,0948	10,3458	0,4443	188,4951
29	A36	98	1,9238	1142,5272	-0,8647	175,3976	-0,0517	10,3888	0,2527	188,3035
30	A54	116	1,8643	1142,4678	0,5526	176,8149	-0,0517	10,3888	0,3099	188,3607
31	E5	134	1,7403	1142,3437	-0,1749	176,0873	0,2064	10,6469	-0,0910	187,9598
32	C2	33	1,6172	1142,2206	-0,3310	175,9313	-0,0087	10,4318	0,8452	188,8960
33	B11	11	1,5906	1142,1940	0,5005	176,7628	-0,0087	10,4318	0,0435	188,0942
34	B10	10	1,3868	1141,9902	0,4589	176,7212	-0,0087	10,4318	-0,1570	187,8938
35	A14	76	1,3655	1141,9689	0,2371	176,4993	0,2494	10,6899	-0,3486	187,7022
36	A47	109	1,3238	1141,9272	2,3404	178,6026	0,1203	10,5609	-0,0910	187,9598
37	A65	127	1,3238	1141,9272	-0,9649	175,2974	-0,0517	10,3888	-0,0910	187,9598
38	C9	40	1,3159	1141,9193	-0,5181	175,7442	-0,1378	10,3028	0,8452	188,8960
39	C6	37	1,2627	1141,8661	-0,2894	175,9728	-0,0087	10,4318	-0,1570	187,8938
40	B7	7	1,0766	1141,6809	0,4797	176,7421	-0,2238	10,2167	-0,1570	187,8938
41	B26	26	0,9348	1141,5382	0,5005	176,7628	0,0343	10,4748	-0,3574	187,6933
42	A61	123	0,8009	1141,4043	0,1785	176,4407	0,0343	10,4749	-0,0910	187,9598
43	E8	137	0,7655	1141,3689	-1,3391	174,9232	-0,0947	10,3458	0,3099	188,3607
44	F8	48	0,7310	1141,3344	0,1055	176,3678	0,0343	10,4748	0,2439	188,2947
45	A62	124	0,7300	1141,3334	1,4257	177,6880	0,2064	10,6469	-0,0910	187,9598
46	A59	121	0,6503	1141,2537	-0,5699	175,6924	-0,0087	10,4318	0,5104	188,5611
47	C7	38	0,5449	1141,1483	-0,2478	176,0144	-0,0087	10,4318	0,4443	188,4951
48	B21	21	0,4829	1141,0863	0,1263	176,3886	0,1633	10,6039	0,2439	188,2947
49	A33	95	0,3995	1141,0029	0,2579	176,5201	0,0343	10,4748	0,0523	188,1031
50	B9	9	0,3411	1140,9445	-0,2271	176,0352	-0,0948	10,3458	0,2439	188,2947

52	A66	139	0,2603	1140,8638	-0,0502	176,2121	-0,0087	10,4318	0,5104	188,5611
51	D1	128	0,2603	1140,8638	-1,2351	175,0272	-0,0517	10,3888	-0,0910	187,9598
53	D2	148	0,2338	1140,8372	-1,1104	175,1519	-0,0947	10,3458	-0,4918	187,5589
54	F7	47	0,2259	1140,8293	-0,0608	176,2015	-0,1378	10,3028	0,0435	188,0942
55	B17	17	0,1993	1140,8027	0,4589	176,7212	0,0343	10,4748	-0,3574	187,6933
56	F12	53	0,1780	1140,7814	0,5905	176,8527	-0,0087	10,4318	0,0523	188,1031
57	A10	72	0,1603	1140,7637	-0,4281	175,8341	-0,0087	10,4318	0,0523	188,1031
58	D4	140	0,1097	1140,7131	-0,7154	175,5469	-0,0087	10,4318	0,1095	188,1602
59	D8	144	0,0299	1140,6333	4,6062	180,8685	0,0343	10,4749	-0,2914	187,7594
60	F11	51	0,0273	1140,6307	0,5697	176,8319	0,0343	10,4748	0,0523	188,1031
61		T3	0	1140,6034	0	176,2623	0	10,4405	0	188,0508
62		T4	0	1140,6034	0	176,2623	0	10,4405	0	188,0508
63		T2	0	1140,6034	-0,4036	175,8587	-0,0947	10,3458	-0,0910	187,9598
64		T1	0	1140,6034	-0,2581	176,0042	-0,0517	10,3888	-0,2914	187,7594

A Figura 1, a seguir, caracteriza as populações A, B, C, D, E, e F, onde verificou-se que a população que apresentou o melhor resultado foi a população B, com média aproximada de 1141,5000 da população (u + g) para o parâmetro produtividade. Seguindo como as demais populações, em destaque D e A, com os resultados parecidos de aproximadamente 1140,5000 de média.



**Figura 1** - Comportamento de progênies sobre a média de ganho de produtividade das populações (A, B, C, D, E e F) em relação ao programa estatístico Selegen.

\*u+g: efeitos genotípicos livres de interação

Conforme o programa estatístico Selegen, as populações promissoras pelo teste de progênies para o melhoramento genético de soja para avanço de geração, seriam as populações B, D e A, apresentando os melhores resultados conforme a análise de comportamento de progênies.

## CONCLUSÕES

Das 149 progênies avaliadas, 64 apresentaram ganho genético no ranqueamento para produtividade. As populações que mais se destacaram para o ambiente de estudo, quando enfatiza-se a produtividade de grãos, foram B e A. A população A apresentou-se na ordem 2, 3, 5 e 7, e a população B, na ordem 1, 4, 9 e 10.

## REFERÊNCIAS

ANDRADE, A.C.B. **Estratégias de seleção de genótipos de soja por meio de modelos mistos e abordagens multivariadas**. 2015. 55p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Estadual Paulista –UNESP, Campus Jaboticabal, 2015.

ALLARD, R.W. **Principles of plant breeding**. New York: J. Wiley, 1999. 254p.



BORÉM, A.; MIRANDA, G.V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. 525p.

CARVALHO, A.D.F.; GERALDI, I.O.; SANTOS, V.S. Evaluation of F2: 4 and F4:6 progenies of soybeans and perspectives of using early generation testing for grain yield. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.4, p.857-861, 2009.

CARVALHO, F.I.F.; LORENCETTI, C.; MARCHIORO, V.S.; SILVA, S.A. **Condução de populações no melhoramento genético de plantas**. Pelotas: Editora UFPEL, 2008. 288p.

CASTRO, K.S. **Seleção de populações de soja para precocidade e alta produtividade de grãos em chapadão do sul**. 2019. 41p. Dissertação (Mestrado em Agronomia) Universidade Federal do Mato Grosso do Sul, Campus Chapadão do Sul, 2019.

CRUZ, C.D. **Princípios da Genética Quantitativa**. Viçosa: UFV, 2012. 394p.

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

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Análise Mensal. Soja Agosto, Brasília, 2019.

COSTA, M.M.; MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; SILVEIRA, G.D.; MUNIZ, F.R.S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.39, n.11, p.1095-1102, 2004.

COSTA, M.M.; MAURO, A.O.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; ARRIEL, N.H.C.; BÁRBARO, I.M.; SILVEIRA, G.D.; MUNIZ, F.R.S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v.67, p.01-108, 2008.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos-CNPS. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília: Embrapa SPI: Rio de Janeiro: Embrapa-CNPS, 2013. 306p.

FEDERER, W.T. Augmented (hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters' Record**, Aiea, v.55, p.191-208, 1956.

FILHO, J.M.C.; CASTRO, A.P.; BRESEGHELLO, F.; MORAIS, O.P. Avaliação genotípica de linhagens de arroz de terras altas através de modelos mistos, para o Estado do Mato Grosso. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS, 6, 2011, Búzios, **Panorama atual e perspectivas do melhoramento de plantas no Brasil**. Búzios: SBMP, 5p.

FLORES, F.; MORENO, M.T.E.; CUBERO, J.I. A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GxE interaction. **Field Crops Research**, v.56, p.271-286, 1998.

HARTWIG, E. E.; KIIHLER, A.S. Identification and utilization of a delayed flowering character in soybean for short-day conditions. **Field Crops**, Amsterdã, v.2, p.145-151, 1979.

HENDERSON, C.R. **Applications of linear models in animal breeding**. University of Guelph: Guelph. 1984. 462p.

LEITE, W.S.; MATOS FILHO, C.H.A.; FEITOSA, F.S.; OLIVEIRA, C.B; Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v.3, n.4, p.241-245, 2015.

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

MAIA, M.C.C.; RESENDE, M.D.V.; PAIVA, J.R.; CAVALCANTI, J.J.V.; BARROS, L.M. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genótípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v.39, n.1, p.43-50, 2009.

MARIOTTI, J.A.; OYARZABAL, E.S.; OSA, J.M.; BULACIO, A.N.R.; ALMADA, G.H. Análisis de estabilidad y adaptabilidad de genótipos de caña de azúcar, Interacciones dentro de una localidad experimental. **Revista Agronomica del Noroeste Argentino**, Buenos Aires, v.13, n.1, p.105-127, 1976.

NETO, A.R.; JUNIOR, E.U.R.; GALLO, P.B.; FREITAS, J.G.; AZZINI, L.E. Comportamentos de genótipos de arroz de terras altas no estado de São Paulo. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v.44, n.3, p. 512-2159, 2013.

NETO, P.R.C.; ROSSI, L.F.S. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação de óleo de soja usado em fritura. **Química Nova**, São Paulo, v.23, n.4, p.531-537, 2000.

PEREIRA, F.C.; BRUZI, A.T.; MATOS, J.W.; REZENDE, B.A.; PRADO, L.C.; NUNES, J.A.R. Implications of the population effect in the selection of soybean progeny. **Plant Breeding**, v.136, n.5, p.679- 687, 2017.

PINHEIRO, L.C.M.; GOD, P.I.V.G.; FARIA, V.R.; OLIVEIRA, A.G.; HASUI, A.A.; PINTO, E.H.G.; ARRUDA, K.M.A.; PIOVESAN, N.D.; MOREIRA, M.A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína de soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.48, p.1246-1253, 2013.

PINTO, R.J.B. **Introdução ao Melhoramento Genético de Plantas**. Maringá: Editora Eduem, 2009. 351p.

PRADO, M.L.; **Adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de soja estimadas via modelagem mista**. 2019. 35p. Monografia (Graduação em Agronomia) -- Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, 2019.

RAMALHO, M.A.P.; TOLEDO, F.H.R.B.; SOUZA, J.C.; TEIXEIRA, R.A. **Competências em melhoramento genético de plantas no Brasil**. Viçosa: Editora Arka, 2010. 108p.

RAMALHO, M.A.P.; ARAÚJO, L.C.A. Breeding self - pollinated plants. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.11, p.1-7, 2011.

RAMALHO, M.A.P.; CARVALHO, B.L.; NUNES, J.A.R. Perspectives for the use of quantitative genetics in breeding of autogamous plants. **Genetics**, v.2013, 2013.

RESENDE, M.D.V. Análise estatística de modelos mistos via REML/BLUP na experimentação em melhoramento de plantas perenes. **Documentos Embrapa Florestas 47**, Colombo, 2000.

RESENDE, M.D.V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica, Brasília, 2002. 975p.

RESENDE, M.D.V. **Métodos Estatísticos Ótimos na Análise de Experimentos de Campo**. Colombo: Embrapa Florestas, Ed. 1, 2004, 57 p. (Documentos, 100).

RESENDE, M.D.V. Selegen–Reml/Blup: **Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 360p.

RESENDE, M.D.V. **Software SELEGEN – REML/BLUP**. Colombo: Embrapa Florestas, 2016. 67p. (Embrapa Florestas – Documentos 77).

REZENDE, P.M.; CARVALHO, E.A. Avaliação de cultivares de soja [*Glycine max (L.) Merrill*] para o sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.31, n.6, p.1616-1623, 2007.

ROCHA, M.M; VELLO, N.A. Interação genótipos e locais para rendimento de grãos de linhagens de soja com diferentes ciclos de maturação. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.01, p.69-81, 1999.

SANTANA, A.J. O; NOGUEIRA, A.P. O; SILVA, C.O. S; BERNARDES, F.C; NUNES, B.M; PIERDONÁ, F.G; BERNARDES, F.S; HARNISCH, M; MARTINS, J.A; THESING, L; PERES, D.S; FERNANDES, G.M; SILVA, A.F. E; SILVA, C.O; COSTA, S.C. Estimativas de herdabilidade e ganho de seleção para número de vagens em soja. In: VII CONGRESSO BRASILEIRO DE SOJA, 8, 2018, Goiânia. **Anais**. Goiânia: Embrapa. 4p.

SCAPIM, C.A.S.; CARVALHO, C.G.P.; CRUZ, C.D. Uma proposta de classificação dos coeficientes de variação para a cultura do milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.683-686, 1995.

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.

SZARESKI, V.J. **Estratégias para o posicionamento de genótipos de trigo visando a produção de sementes de alta performance**. 2017. 79p. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2017.

VALOIS, A.C.C.; SCHMIDT, G.S.; ZANOUE, M.D. **Análises de qualidade e quantidade de grãos em população de milho (*Zea mays L.*)**. Piracicaba, Esalq, 1980. 53p.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 486p.

VERNETTI, F.J. Origem da espécie, introdução e disseminação no Brasil. In: FUNDAÇÃO

CARGILL. (Ed.). **Soja: planta, clima, pragas, moléstias e invasoras**. Campinas: Fundação Cargill, 1983. p.120.

WEGULO, S.N., YANG, X.B., MARTINSON, C.A. Soybean cultivar responses to *Sclerotinia sclerotiorum* in field and controlled environment studies. **Plant Disease**, São Paulo, v.82, p.1264-1270, 1998.

YOKOMIZO, G.K. **Produtividade da soja na região do Município de Tartarugalzinho – AP**. Comunicado Técnico, Embrapa, p.1-5, 2012.