

UniRV- UNIVERSIDADE DE RIO VERDE
FACULDADE DE AGRONOMIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM PRODUÇÃO VEGETAL

DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE
CRUZAMENTOS RECÍPROCOS EM SOJA

CAMILA KAMINSKI DA SILVA
Magister Scientiae

RIO VERDE
GOIÁS - BRASIL
2025

CAMILA KAMINSKI DA SILVA

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE
CRUZAMENTOS RECÍPROCOS EM SOJA**

Dissertação apresentada à UniRV – Universidade de Rio Verde, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, para obtenção do título de *Magister Scientiae*

**RIO VERDE
GOIÁS - BRASIL
2025**

Universidade de Rio Verde
Biblioteca Luiza Carlinda de Oliveira
Dados Internacionais de Catalogação na Publicação – (CIP)

S579d Silva, Camila Kaminski

Divergência genética em populações segregantes de cruzamentos recíprocos em soja. / Camila Kaminski da Silva. – 2025.
49 f. : il.

Orientador: Prof. Dr. Gustavo André Simon
Coorientador: Dr. Bruno de Almeida Soares.

Dissertação (Mestrado) - Universidade de Rio Verde - UniRV, Faculdade de Agronomia, Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal, 2025.

Inclui biografia.
Inclui índice de tabelas e figuras.

1. *Glycine max*. 2. Melhoramento genético. 3. Variabilidade genética. 4. 5. Efeito materno - Soja. I. Simon, Gustavo André. II. Soares, Bruno de Almeida. II. Título.

CDD: 633.34

Bibliotecário: Juatan Tiago da Silva – CRB 1/3158

FOLHA DE APROVAÇÃO

AGRADECIMENTOS

A Deus, por me conceder força, discernimento e sabedoria para enfrentar os desafios e permitir a realização de mais esta conquista.

Ao meu marido Sidronio, pelo apoio constante, incentivo e companheirismo em todos os momentos dessa trajetória.

A minha mãe Francine e ao meu pai Alisson, pelos ensinamentos, pelo amor e pelo incentivo contínuo ao longo de toda a minha formação.

As minhas irmãs Maria Eduarda e Ana Luíza, pelo apoio, carinho e incentivo incondicional.

A minha avó Rita, pelos conselhos, pelo incentivo e por sempre acreditar em mim ao longo da minha trajetória.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gustavo André Simon, pela dedicação, orientação e valiosos ensinamentos durante a execução deste trabalho.

Ao meu coorientador Dr. Bruno de Almeida Soares, pelo apoio, disponibilidade e contribuições fundamentais para o desenvolvimento desta pesquisa.

À equipe da GDM Macrorregião 3, pela parceria e auxílio nas atividades experimentais.

À Universidade de Rio Verde (UniRV), pelo conhecimento compartilhado e pelo apoio ao longo do programa de pós-graduação.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES).

BIOGRAFIA

CAMILA KAMINSKI DA SILVA, filha de Caritas Francine Caldas Kaminski Andrade, nasceu em Guarapuava, Paraná, em 24 de fevereiro de 1997.

Em junho de 2022, concluiu o curso de bacharel em Agronomia, pela Universidade Estadual do Centro-Oeste, em Guarapuava, Paraná.

Em agosto de 2023, iniciou o curso de Mestrado em Produção Vegetal, na Universidade de Rio Verde, em Rio Verde, Goiás, submetendo-se a defesa da dissertação em novembro de 2025.

SUMÁRIO

LISTA DE FIGURAS	iv
LISTA DE TABELAS	v
RESUMO	vii
ABSTRACT	viii
1 INTRODUÇÃO.....	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1 Origem e importância econômica da soja.....	2
2.2 Melhoramento da soja	3
2.3 Dissimilaridade genética.....	5
2.4 Efeito materno	6
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	7
3.1 Localização dos experimentos.....	7
3.2 Material genético e cruzamentos	8
3.3 Condução do experimento safra 2023/2024	8
3.4 Condução do experimento safra 2024/2025	9
3.5 Caracteres agronômicos avaliados.....	10
3.6 Análise estatística	11
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	13
5 CONCLUSÕES	32
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	33

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 1	Obtenção das gerações utilizadas para condução do experimento.....	8
FIGURA 2	Esquema da condução da população segregante de RC1F3 até à obtenção da geração RC1F5.....	10
FIGURA 3	Dissimilaridade genética entre 15 tratamentos de soja (populações segregantes e linhagens parentais) com base na avaliação de 5 caracteres agronômicos, na safra 2023/24, por meio da distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.....	23
FIGURA 4	Dissimilaridade genética entre 15 genótipos de soja considerando 5 caracteres agronômicos avaliados, na safra 2024/25, com base na distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.....	27
FIGURA 5	Dissimilaridade genética entre os 15 genótipos de soja considerando avaliação de 4 caracteres agronômicos, nas safras 2023/24 e 2024/25, com base na distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.....	31

LISTA DE TABELAS

TABELA 1	Tratamentos utilizados para condução do experimento e suas respectivas codificações.....	9
TABELA 2	Tratamentos e suas respectivas origens do experimento RC1F3 a RC1F5	10
TABELA 3	Contrastes realizados entre os tratamentos recíprocos.....	12
TABELA 4	Análise de variância conjunta para os anos 2023/24 e 2024/25 para 5 caracteres agronômicos de populações segregantes e linhagens puras de soja, em Rio Verde – Goiás.....	14
TABELA 5	Análise variância conjunta para os anos 2023/24 e 2024/25, para 4 caracteres agronômicos de populações segregantes e linhagens puras de soja, em Rio Verde – Goiás.....	14
TABELA 6	Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 5 caracteres agronômicos de soja avaliados, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás	16
TABELA 7	Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 5 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	17
TABELA 8	Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 5 caracteres agronômicos da cultura da soja utilizando as médias da análise conjunta dos dados, das safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	19
TABELA 9	Distância de Mahalanobis entre 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) com base em 5 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás.....	20
TABELA 10	Agrupamento de Tocher para 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) baseados na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás.....	22
TABELA 11	Distâncias intra e intergrupos pelo agrupamento de Tocher com base na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás.....	22
TABELA 12	Distância de Mahalanobis entre 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) com base na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás	24

TABELA 13	Agrupamento de Tocher para 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) baseados na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	25
TABELA 14	Médias dos grupos formados pelo agrupamento de Tocher com base em 5 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	26
TABELA 15	Distância de Mahalanobis dos tratamentos considerando as médias da análise conjunta dos dados de 4 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, nas safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás....	28
TABELA 16	Agrupamento de Tocher com base nas médias da análise conjunta dos dados de 4 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, nas safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	29
TABELA 17	Médias dos grupos formados pelo agrupamento de Tocher considerando 4 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás.....	30

RESUMO

DA SILVA, C. K. Mestrado, UniRV - Universidade de Rio Verde, novembro de 2025. 50 p.
Divergência genética em populações segregantes de cruzamentos recíprocos em soja.
Orientador: Prof. Dr. Gustavo André Simon. Coorientador: Dr. Bruno de Almeida Soares.

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas de maior importância econômica em âmbito nacional e mundial. A viabilização do cultivo dessa cultura no Brasil deve-se, sobretudo, aos avanços no melhoramento genético, que possibilitaram o desenvolvimento de genótipos adaptados às condições climáticas tropicais, com período juvenil longo, permitindo sua expansão para regiões como o Cerrado. A variabilidade genética constitui um dos fatores essenciais para o sucesso dos programas de melhoramento. Nesse contexto, o objetivo deste trabalho foi avaliar populações segregantes de soja provenientes de cruzamentos biparentais e seus respectivos recíprocos, visando explorar a variabilidade genética e comparar a existência de efeito recíproco entre os cruzamentos. A pesquisa foi conduzida em duas safras consecutivas, em área experimental localizada no município de Rio Verde, Goiás. Os dados obtidos foram submetidos à análise conjunta, a fim de verificar a ocorrência de interação tratamento $\times$ anos. Além disso, realizaram-se contrastes ortogonais para avaliar a divergência entre os cruzamentos recíprocos, bem como a estimativa da dissimilaridade genética por meio da distância generalizada de Mahalanobis e do método de agrupamento de otimização de Tocher. Verificou-se a existência de variabilidade genética entre os cruzamentos recíprocos 65488 $\times$ 41022, com destaque para a variável ciclo.

Palavras-chave: Efeito materno, produtividade, divergência genética, *Glycine max*.

ABSTRACT

DA SILVA, C. K. Master's degree, UniRV – University of Rio Verde, November, 2025. 50 p.
Genetic divergence in segregating populations from reciprocal crosses in soybeans.
Advisor: Prof. Dr. Gustavo André Simon. Coadvisor: Dr. Bruno de Almeida Soares

Soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) is one of the most economically important crops nationally and globally. The viability of cultivating this crop in Brazil is mainly due to advances in genetic improvement, which have enabled the development of genotypes adapted to tropical climatic conditions, with a long juvenile period, allowing its expansion to regions such as the Cerrado. Genetic variability is one of the essential factors for the success of breeding programs. In this context, the objective of this work was to evaluate segregating soybean populations from biparental crosses and their respective reciprocals, aiming to explore genetic variability and compare the existence of a reciprocal effect between the crosses. The research was conducted over two consecutive growing seasons in an experimental area located in the municipality of Rio Verde, Goiás. The data obtained were subjected to joint analysis in order to verify the occurrence of treatment $\times$ years interaction. Furthermore, orthogonal contrasts were performed to assess the divergence between reciprocal crosses, as well as the estimation of genetic dissimilarity using Mahalanobis generalized distance and Tocher's optimization clustering method. Genetic variability was found between the reciprocal crosses 65488 $\times$ 41022, with emphasis for the cycle variable.

Keywords: Maternal effect, productivity, genetic divergence, *Glycine max*.

1 INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das culturas de maior interesse econômico nos cenários nacional e internacional, em razão de seu elevado teor de óleo e proteínas, além de sua ampla utilização na alimentação humana e animal (Hirakuri; Lazzarotto, 2014).

O incentivo à produção de soja, aliado aos avanços em pesquisa e desenvolvimento de sistemas produtivos mais eficientes, está fortemente relacionado aos programas de melhoramento genético, os quais buscam, na variabilidade genética, a obtenção de genótipos superiores. Entretanto, quando a escolha dos genitores não é contrastante, as populações segregantes tendem a apresentar baixa variabilidade genética, o que não é desejável em programas de melhoramento (Cruz; Carneiro, 2012).

A obtenção de genótipos superiores requer a combinação de diversos atributos favoráveis que contribuam para o aumento da produtividade de grãos. Nesse contexto, a seleção baseada em poucas características mostra-se inadequada, uma vez que pode direcionar o ganho genético apenas para os caracteres selecionados, em detrimento de outros igualmente importantes (Cruz e Regazzi, 1997). Além disso, a seleção de progênies superiores é dificultada pelo fato de que caracteres de interesse econômico, como a produtividade, apresentam herança quantitativa e elevada influência ambiental (Cruz, 2001).

Após a hibridação, torna-se necessária a condução das populações segregantes, sendo possível iniciar o processo de seleção já nas primeiras gerações. Nesse sentido, o uso de parâmetros genéticos, como a análise de dissimilaridade genética e avaliações em populações segregantes, pode auxiliar o melhorista na identificação de genótipos superiores em fases iniciais do programa de melhoramento.

A variabilidade genética pode ser ampliada por meio da utilização de genitores contrastantes na etapa de hibridação, havendo ainda estudos que demonstram a existência do efeito do parental materno como fonte adicional de variabilidade genética. O efeito materno ocorre quando o genitor utilizado como parental feminino contribui para o fenótipo da prole além da contribuição cromossômica de ambos os progenitores (Gilsinger *et al.*, 2010).

Diante da importância do melhoramento genético da soja, a busca por variabilidade genética torna-se essencial para a obtenção de genótipos superiores. Assim, a hipótese deste trabalho é que a utilização de cruzamentos recíprocos possibilita a exploração da variabilidade genética de populações segregantes, promovendo maior ganho genético dentro do programa de melhoramento.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi avaliar populações segregantes de soja oriundas de cruzamentos recíprocos, visando explorar a variabilidade genética e comparar a existência de efeito mútuo entre os cruzamentos.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Origem e importância econômica da soja

A soja (*Glycine max* (L) Merr.) é uma oleaginosa anual, herbácea, autógama, com índice de fecundação cruzada, por volta de 1%, sendo uma planta diploide com número de cromossomos $2n = 40$ (Sediyama, 2016). É originária da China e possui importância em nível mundial devido à possibilidade de ser utilizada como fonte de alimento para humanos e animais, além de ser uma fonte de bioenergia (Vargas-Almendra et al., 2024). O grão de soja apresenta em torno de 40% de proteína e cerca de 20% de teor de óleo (EMBRAPA, 2014), caracterizando a soja como uma importante fonte de alimento. A soja contribui com 25% do mercado de óleo vegetal no mundo e 70% das fontes vegetais de proteína (Vargas-Almendra et al., 2024).

O Brasil é líder mundial em produção e exportação de soja, responsável por cerca de 40% da produção mundial e 60% das exportações globais, seguido dos Estados Unidos (USDA, 2024). Na safra 2021/22, o Brasil exportou 77,1 milhões de toneladas de soja, sendo a China o principal destino. O comércio internacional de soja obteve aumento significativo devido a demanda de países, principalmente a China, por proteína em ração animal e óleo de soja, esta alta demanda coincidiu com a expansão do cultivo de soja no Cerrado, que impulsionou o crescimento da oferta de soja no Brasil (USDA, 2023).

Segundo dados da CONAB (2025), a produção da safra 2024/25 foi de 171.472,3 milhões toneladas, um incremento de 13,3% se comparado a safra 2023/24. A área plantada com a cultura foi de 47.350 milhões hectares na safra 2024/25.

Ao longo de três décadas o cultivo de soja aumentou significativamente no Cerrado brasileiro, com o incentivo de programas públicos e privados para o cultivo nessa região, além da modernização em transporte e infraestrutura para o escoamento e beneficiamento dos grãos (USDA, 2023). Entre as décadas de 1970 e 1980 aportes significativos foram alocados, com destaque para o Fundo Constitucional do Centro-Oeste, na década de 1990 a economia se tornou mais internacionalizada intensificando o incentivo à produção agrícola, o que impulsionou a

pesquisa, bem como, investimentos relacionados a manejo de solo e práticas agrícolas modernas (Rocha *et al.*, 2022).

Na região Centro-Oeste, o ganho genético obtido de 1967 a 2011 foi de 13,58 para 21,84 kg ha⁻¹ ano⁻¹, respectivamente. Este valor mostra um ganho relativo de 0,47 para 0,77% ao ano para os grupos de maturidade avaliados (Todeschini *et al.*, 2021). Isso mostra a grande representatividade do Estado para o cultivo da soja.

A introdução do cultivo de soja no estado de Goiás iniciou em 1950 com Znamenskiy por meio da condução de ensaios experimentais. Em 1969, a Secretaria de Agricultura iniciou ensaios de avaliação de cultivares em parceria com instituições de outros ensaios e a partir de 1973 iniciou o programa de melhoramento no Estado (Silva *et al.*, 2017).

Houve aumento significativo no cultivo da soja desde a década de 1990 devido aos investimentos em inovação no cultivo da soja no estado de Goiás (Santana *et al.*, 2021). A modernização e o incentivo a práticas de manejo, juntamente com a pesquisa por tratamentos adaptados permitiu o aumento da produção de soja no estado. O estado de Goiás apresenta grande importância no cenário nacional de produção de soja, com área plantada de 4.954 milhões de hectares e produtividade média de 4.122 kg ha⁻¹ (CONAB, 2025).

2.2 Melhoramento da soja

Em 1804, a soja foi introduzida nos Estados Unidos em regiões de alta latitude, cujas condições ambientais eram semelhantes às encontradas na China, local de sua domesticação. Na segunda década do século XX, o cultivo da soja expandiu-se e passou a migrar para a região sul dos Estados Unidos. Contudo, quando conduzidas em regiões de menor latitude, as condições de fotoperíodo favoreceram o florescimento precoce das plantas, resultando em baixa produção de grãos. Apesar disso, a variabilidade genética existente entre os materiais avaliados possibilitou o entendimento da relação entre o comprimento do dia e o início do florescimento. A partir desse conhecimento, foram selecionados genótipos com menor sensibilidade ao fotoperíodo, o que permitiu a obtenção de expressivos ganhos em produtividade (Ramalho *et al.*, 2021).

No Brasil, o primeiro registro de cultivo da soja ocorreu na Bahia, em 1882, com a introdução de cultivares oriundas dos Estados Unidos, que, entretanto, apresentaram baixa adaptação às condições locais. Em 1891, novos experimentos foram conduzidos em Campinas, os quais apresentaram melhores resultados. Contudo, foi no estado do Rio Grande do Sul que a cultura demonstrou maior adaptabilidade, em razão da semelhança climática com as regiões

produtoras dos Estados Unidos (Boaventura *et al.*, 2022). Posteriormente, os programas de melhoramento genético passaram a desenvolver linhagens com período juvenil longo, o que possibilitou a expansão da cultura para outras regiões do país, especialmente o Cerrado brasileiro (Priolli *et al.*, 2004).

A pesquisa científica e o melhoramento genético foram determinantes para a consolidação e expansão do cultivo da soja no Brasil. No estado de Goiás, por exemplo, no final da década de 1970, estimava-se uma área semeada de aproximadamente 68 mil hectares, com produtividade média de 1.324 kg ha⁻¹. Já na safra 2024/25, estima-se uma área cultivada de 4,954 milhões de hectares, com produtividade superior a 4.000 kg ha⁻¹ (CONAB, 2020). Grande parte desse incremento produtivo é atribuída ao avanço do melhoramento genético, que possibilitou a obtenção de cultivares cada vez mais adaptadas às condições edafoclimáticas do Cerrado. Ademais, a seleção indireta contribuiu significativamente para o ganho genético, ao favorecer características que influenciam positivamente outras. Assim, o melhoramento da soja proporcionou incrementos em componentes do rendimento, como o número de vagens por planta, a relação entre os períodos vegetativo e reprodutivo, bem como a taxa fotossintética e de transpiração, resultando em expressivo aumento da produtividade (Todeschini *et al.*, 2021).

O processo de melhoramento genético tem início com a escolha dos parentais a serem utilizados nas hibridações, das quais se originam as populações segregantes. Nas etapas subsequentes, são conduzidos processos de seleção baseados em avaliações de produtividade e de outras características agrônômicas de interesse (Miladinovic, 2015). No entanto, a seleção de progênies superiores apresenta desafios, uma vez que caracteres de interesse econômico, como a produtividade, possuem herança quantitativa, são controlados por múltiplos genes e sofrem forte influência do ambiente (Cruz, 2001).

A seleção de genótipos superiores pode ser realizada de forma direta, quando, em uma população com elevada variabilidade genética, são escolhidos indivíduos com os melhores desempenhos fenotípicos, ou de forma indireta, por meio do conhecimento das correlações entre caracteres ou da utilização de índices de seleção. Esses índices permitem estimar os ganhos genéticos com base na seleção simultânea de múltiplos caracteres (Cruz *et al.*, 2012).

A seleção indireta fundamenta-se na correlação existente entre os caracteres. De acordo com Falconer e Mackay (1996), quando dois caracteres apresentam correlação genética favorável, é possível obter ganhos genéticos ao aplicar seleção direta em um deles, refletindo melhorias em outro caráter não diretamente selecionado. Nesse contexto, a seleção indireta pode proporcionar ganhos mais rápidos em comparação à seleção direta do caráter desejado. O uso de índices de seleção mostra-se particularmente vantajoso na cultura da soja, pois possibilita

a maximização dos ganhos totais distribuídos entre os diferentes caracteres avaliados (Costa *et al.*, 2004). Essas correlações podem envolver duas ou mais características; por exemplo, cultivares de soja com maior eficiência fotossintética tendem a apresentar maior produtividade, em função do aumento do número de vagens, especialmente no terço inferior da planta (Müller *et al.*, 2017).

2.3 Dissimilaridade genética

A obtenção de tratamentos superiores deve levar em consideração a seleção de várias características de interesse e, neste sentido, a determinação da dissimilaridade genética baseada na distância estimada entre os tratamentos avaliados pode ser uma ferramenta eficiente no processo de seleção (Costa *et al.*, 2011).

Dentre os métodos que podem ser utilizados para avaliar a divergência genética entre tratamentos, o método de componentes principais e variáveis canônicas buscam avaliar a similaridade por meio da dispersão gráfica em dois eixos cartesianos. Os métodos aglomerativos são baseados em medidas de dissimilaridade entre tratamentos como a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Koga *et al.* (2008), utilizaram análise multivariada para estabelecer grupos de tratamentos promissores como fonte genética contra *Phakpsora phachyrrizi* em cruzamentos de soja.

A distância de Mahalanobis leva em consideração o grau de correlação existente entre os caracteres agronômicos (Rodrigues *et al.*, 2017), esse parâmetro é obtido através da correlação entre as características analisadas por meio das variâncias residuais e matriz de covariâncias em ensaios conduzidos com repetições (Cruz *et al.*, 2004).

Análises para verificar a variabilidade genética entre uma população utilizando a distância de Mahalanobis aliada a demais parâmetros genéticos são importantes para definir estratégias de seleção que podem resultar em maiores ganhos genéticos. Rodrigues *et al.*, (2017), identificaram por meio da distância de Mahalanobis associada a demais parâmetros, tratamentos com maior elevado teor de proteína, podendo ser utilizados em novos cruzamentos buscando ganho genético para esta característica.

A distância generalizada de Mahalanobis também pode ser uma ferramenta para técnicas de agrupamento de tratamentos mais ou menos similares entre si. Rigon *et al.*, (2012), utilizaram a distância de Mahalanobis para verificar a divergência entre 18 cultivares de soja aliada a métodos de agrupamento como o agrupamento de Tocher para classificar os

tratamentos entre grupos mais divergentes com o intuito de verificar a variabilidade genética entre as cultivares.

Os métodos de agrupamento de otimização permitem a formação de grupos homogêneos, além disso permitem a divisão entre grupos heterogêneos por meio de critérios de similaridade e dissimilaridade. O método de agrupamento de Tocher é realizado por meio de uma matriz de dissimilaridade como a de Mahalanobis, em que as distâncias são utilizadas para a formação de grupos, de forma que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo, deve ser menor que as distâncias médias entre os demais grupos (Cruz, 2006). Peluzio *et al.* (2012), utilizaram o método de agrupamento de Tocher e concluíram que as características número de dias para maturidade, altura de planta e peso de 100 sementes foram as variáveis que mais contribuíram para a dissimilaridade genética.

Em um estudo com o objetivo de explorar a divergência genética entre 65 tratamentos de soja, com foco em qualidade de sementes, Santos *et al.*, (2012), utilizaram a técnica de agrupamento de Tocher baseada na distância de Mahalanobis, os resultados obtidos indicaram que o peso de 100 sementes, a contagem inicial de emergência e a viabilidade foram as características que contribuíram para a divergência genética, o estudo agrupou separadamente tratamentos distintos que são dissimilares e com alta qualidade de sementes, este resultado pode ser utilizado em futuros cruzamentos em programas de melhoramento genético.

2.4 Efeito materno

A variação de um indivíduo pode ser determinada não apenas pelo tratamento e o ambiente, mas também pelo efeito materno. O efeito materno em plantas foi descoberto em 1909 (Roach e Wulff, 1987). Além dos genes do núcleo, algumas características podem ser herdadas pelo óvulo da genitora, assim, a prole manifestará características iguais ao parental materno (Syukur, 2015). O efeito materno pode ser separado em genético citoplasmático, endosperma nuclear e fenotípico (Roach e Wulff, 1987).

Efeito materno citoplasmático é originado pelo fato de que algumas organelas celulares, como plastídeos e mitocôndrias, podem ser transferidos da planta materna para a prole e essa transmissão é independente dos genes nucleares. A segunda classe de efeito materno é chamada de efeito materno originado via endosperma, no processo de desenvolvimento das angiospermas a múltipla fecundação resulta em um endosperma $3n$ com dois núcleos do parental materno e um do parental paterno, o fato de haver mais material genético do parental materno resulta em maiores doses de genes maternos do que paternos. A terceira classe é

denominada efeito materno fenotípico, em que os tecidos ao redor do embrião em desenvolvimento e do endosperma são de origem materna, e esses tecidos eventualmente formam o tegumento da semente, por exemplo, influenciando diretamente na característica (Roach e Wulff, 1987).

Isnaini *et al.* (2020), encontraram efeito materno para as características de produção de sementes, altura de planta e peso de 100 sementes em populações F1 de soja. Segundo Gilsinger (2010), a base molecular para efeitos maternos pode ser explicada pela superexpressão dos genes maternos ou a subexpressão dos genes paternos, qualquer um desses processos pode resultar em uma quantidade diferente de produto gênico que pode ser expresso pela prole.

Em caso de efeito materno fenotípico há possibilidade deste se dissipar ao longo das gerações. Miller *et al.*, (1996), observaram efeito entre recíprocos em apenas 8% dos cruzamentos avaliados, este resultado demonstra a dificuldade em mensurar o efeito materno entre tratamentos de soja.

Contudo, em casos em que ocorre efeito citoplasmático o efeito materno pode ser prolongado para as gerações subsequentes (Gilsinger, 2010).

Uma das formas de verificar a presença de efeito materno é a utilização de cruzamentos recíprocos, em que os pares de indivíduos servem tanto como parental materno como parental paterno. Pares recíprocos têm contribuições genéticas nucleares semelhantes e, portanto, qualquer diferença entre os pares recíprocos pode indicar efeito materno ou paterno (Roach e Wulff, 1987). Badiaraja (2021), avaliou populações F3 de soja e seus recíprocos e concluiu que houve presença de efeito materno nas características altura de planta, número de nós produtivos, número de vagens cheias, produtividade de sementes por planta e peso de 100 sementes.

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Localização dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos, por dois anos agrícolas, safra 2023/2024 e safra 2024/2025, em área experimental localizada no município de Rio Verde, Goiás sob as coordenadas 17°46'S 50°59'O e altitude de 760 m (GOOGLE EARTH, 2025). O clima é classificado como Aw tropical segundo a classificação de Köppen e o solo classificado como LATOSSOLO VERMELHO DISTRÓFICO (EMBRAPA, 2011). A semeadura foi realizada

sob sistema plantio direto e adubação com 320 kg ha⁻¹ do formulado NPK 03-21-21. O manejo fitossanitário foi realizado conforme recomendação ao longo do ciclo da cultura (EMBRAPA, 2011).

3.2 Material genético e cruzamentos

Para obtenção das populações segregantes foram utilizadas na hibridação sete linhagens puras portadoras do gene RR[®] e Bt[®]. Após a hibridação foi realizada uma geração de retrocruzamento, para ambos os genitores, seguida de duas gerações de autofecundação para obtenção das progênes F3(A) e F3 (A'), considerando F3(A') o cruzamento recíproco (figura 1).

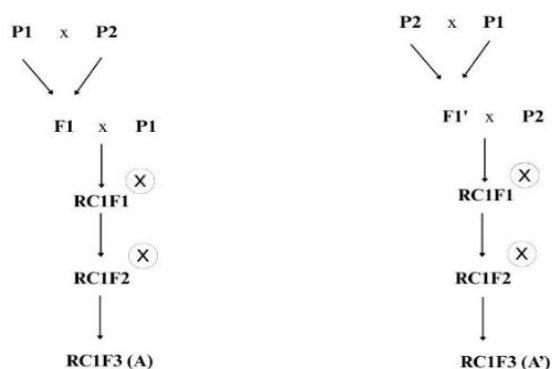


FIGURA 1 - Obtenção das gerações utilizadas para condução do experimento.

3.3 Condução do experimento safra 2023/2024

Na safra 2023/2024 foram utilizadas sete linhagens puras de soja utilizadas como parentais na hibridação, 4 populações em geração F3 e seus recíprocos, totalizando 8 populações segregantes (Tabela 1).

A semeadura foi realizada, no dia 30 de novembro de 2024 de forma mecanizada, sob sistema de plantio direto, com 12 sementes, por metro linear, o delineamento utilizado foi de blocos ao acaso, com 15 tratamentos e 4 repetições totalizando 60 parcelas, o espaçamento entre linhas foi de 0,5 m com 4 m de comprimento.

A colheita foi realizada de forma manual, as plantas foram trilhadas individualmente e armazenadas em câmara fria. Para as avaliações de componentes de rendimento, foram colhidas aleatoriamente 10 plantas, por parcela.

TABELA 1 - Tratamentos utilizados para condução do experimento e suas respectivas codificações

TRATAMENTO	CÓDIGO	ORIGEM	RECORRENTE	DOADOR
T:1	65484	F3(A)	537542	46948
T:2	65486	F3(A)	537356	23607
T:3	65488	F3(A)	52611	07355
T:4	65493	F3(A)	4349	46948
T:5	141018	F3(A')	46948	537542
T:6	141020	F3(A')	23607	537356
T:7	141022	F3(A')	07355	52611
T:8	141027	F3(A')	46948	4349
T:9	46948	LINHAGEM	—	—
T:10	07355	LINHAGEM	—	—
T:11	23607	LINHAGEM	—	—
T:12	537542	LINHAGEM	—	—
T:13	537356	LINHAGEM	—	—
T:14	52611	LINHAGEM	—	—
T:15	4349	LINHAGEM	—	—

T = Tratamento; F3 (A) = tratamento; F3 (A') = tratamento recíproca; LINHAGEM = linhagem pura utilizada para o cruzamento.

3.4 Condução do experimento safra 2024/2025

Para a condução do experimento da safra 2024/2025 realizou-se uma geração de avanço com as sementes obtidas da safra 2023/24, para aquisição de um maior número de sementes, para constituir o ensaio da safra 2024/2025, neste avanço, não efetuou-se nenhuma avaliação e análise.

Visando aumentar a representatividade das famílias, adotou-se um maior número de repetições por família. A semeadura do experimento da safra 2024/2025 ocorreu no dia 18 de outubro de 2024, de forma mecanizada, sob sistema plantio direto. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados. O experimento ocorreu com 4 repetições, totalizando 320 parcelas, de duas linhas de 4 metros de comprimento e 0,5 m de espaçamento, entre linhas.

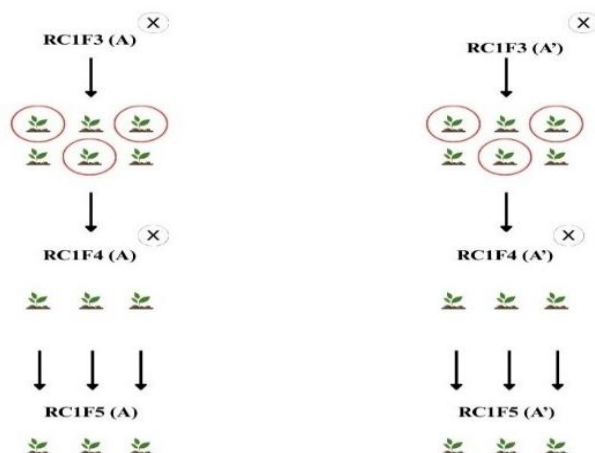


FIGURA 2 - Esquema da condução da população segregante de RC1F3 até à obtenção da geração RC1F5.

TABELA 2 - Tratamentos e suas respectivas origens do experimento RC1F3 a RC1F5

Tratamento Safr 23/24	Tratamento Safr 24/25	CÓDIGO	ORIGEM	RECORRENTE	DOADOR
T:1	T:1	65484	F3(A)	537542	46948
T:2	T:2	65486	F3(A)	537356	23607
T:3	T:3	65488	F3(A)	52611	7355
T:4	T:4	65493	F3(A)	4349	46948
T:5	T:5	141018	F3(A')	46948	537542
T:6	T:6	141020	F3(A')	23607	537356
T:7	T:7	141022	F3(A')	7355	52611
T:8	T:8	141027	F3(A')	46948	4349
T:9	T:9	46948	LINHAGEM	—	—
T:10	T:10	7355	LINHAGEM	—	—
T:11	T:11	23607	LINHAGEM	—	—
T:12	T:12	537542	LINHAGEM	—	—
T:13	T:13	537356	LINHAGEM	—	—
T:14	T:14	52611	LINHAGEM	—	—
T:15	T:15	4349	LINHAGEM	—	—

T = Tratamento; F3 (A) = tratamento; F3 (A') = tratamento recíproca; LINHAGEM = linhagem pura utilizada para o cruzamento.

3.5 Caracteres agronômicos avaliados

Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- Dias para maturação (ciclo): Período de dias decorridos a partir da semeadura, até que as plantas apresentassem 95% da parcela, com plantas em estágio R8, segundo a escala de Fehr e Caviness (1977);

- Número de vagens com 1, 2, 3 e 4 grãos: Contagem do número de grãos por vagem e do número de vagens com 1, 2, 3 e 4 grãos;
- Número total de vagens: Contagem do número total de vagens por planta;
- Altura de inserção da primeira vagem: Altura (cm) da inserção medida com o auxílio de régua a partir da superfície do solo na haste principal até a primeira vagem produtiva em estágio R8.
- Altura da planta na maturidade: Comprimento (cm) medido com o auxílio de régua da superfície do solo até a extremidade da haste principal em estágio R8.
- Produtividade de grãos: Peso da parcela (kg) com a correção a 13% de umidade após a trilha.

3.6 Análise estatística

Os dados foram submetidos análise de variância individuais e posteriormente análise conjunta, entre as safras 2023/24 e 2024/25, conforme modelo matemático abaixo:

$$Y_{ijk} = \mu + G_i + A_j + (GA)_{ij} + B_k(j) + \varepsilon_{ijk}$$

Em que:

Y_{ijk} : Observação da variável resposta do i-ésimo tratamento no j-ésimo ambiente (ano), no k-ésimo bloco.

μ : Média geral.

G_i : Efeito do i-ésimo tratamento.

A_j : Efeito do j-ésimo ambiente (ano).

$(GA)_{ij}$: Interação entre os fatores tratamento e ambiente (ano).

$B_k(j)$: Efeito do k-ésimo bloco dentro do j-ésimo ambiente.

ε_{ijk} : Erro aleatório.

Aplicou-se o teste de comparação de médias por contrastes ortogonais (Tabela 3), utilizando-se o teste t ao nível de 5% de probabilidade, com o objetivo de comparar os tratamentos recíprocos, conforme a expressão apresentada a seguir:

$$Y_1 = a_1m_1 + a_2m_2 + a_nm_n$$

$$Y_2 = b_1m_1 + b_2m_2 + b_nm_n$$

Em que:

Y: Contrastes ortogonais.

a: coeficiente do contraste.

m: médias dos tratamentos.

$$\sum_{i=1}^n a_i + \sum_{i=1}^n b_i + \sum_{i=1}^n c_i = 0$$

Em que:

- $\sum_{i=1}^n a_i$: Soma dos coeficientes que devem somar zero.

TABELA 3 - Contrastes realizados entre os tratamentos recíprocos

CONTRASTE	TRATAMENTO F3		TRATAMENTO F3'
1	T:1	x	T:5
2	T:2	x	T:6
3	T:3	x	T:7
4	T:4	x	T:8

As distâncias generalizadas de Mahalanobis foram calculadas entre os vetores das médias dos tratamentos para o conjunto das características avaliadas.

$$D_{ii'}^2 = \sigma' I \sigma = \sigma' I \sigma = K_J (z_{ij} - z_{i'j})^2$$

Em que:

$z_{ij} = \frac{1}{2} \sum_k z_{ijk}$: Média do i-ésimo progenitor em relação à j-ésima variável, com variância residual igual a 1.

I = matriz identidade (n x n) que expressa a matriz de dispersão entre as variáveis transformadas.

$\Sigma = [d_1, d_2 \dots d_n]$.

$D_j = z_{ij} - z_{i'j}$: diferença entre os progenitores i e i' em relação a j-ésima variável

Para o agrupamento de Tocher, foram utilizadas as médias das medidas de dissimilaridade de Mahalanobis.

$$\bar{d} = \frac{2}{t(t-1)} \sum_{i < j} d_{ij}$$

Em que:

$\bar{d}$ = Média geral das distâncias entre todos os pares possíveis de tratamentos.

T = Número total de tratamentos.

$$\bar{d}_{kg} \leq \bar{d}$$

Em que:

$\bar{d}_{kg}$: Tratamento k incluído no grupo g em que a média das distâncias de k para os membros do grupo g for menor ou igual a média geral $\bar{d}$.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise conjunta das safras 2023/24 e 2024/25 observou-se efeito significativo, entre tratamento x ano, para as características: número de vagens com 1 e 4 grãos, ciclo, altura de planta e produtividade. Para as características: número de vagens com 2 e 3 grãos, número total de vagens e altura de inserção da primeira vagem não foi verificada interação tratamento x anos significativa (Tabelas 4 e 5). Em geral, algumas características são mais sensíveis a variações de ambiente do que outras, Han *et al.* (2025), reportaram respostas diferentes entre anos e locais na cultura da soja em análise conjunta e observaram efeitos altamente significativos para as características número de vagens por planta e número de sementes por planta.

TABELA 4 - Análise de variância conjunta para os anos 2023/24 e 2024/25 para 5 caracteres agronômicos de populações segregantes e linhagens puras de soja, em Rio Verde – Goiás

FV	GL	Quadrados Médios				
		NºVAG1	NºVAG2	NºVAG3	NºVAG4	NºVAGTT
Bloco (Ano)	6	8,75	79,616	132,374	0,915	521,9
Ano	1	1937,47 **	54,58 ns	7236,05 **	10,573 **	1270,23 ns
Tratamento	14	37,23 **	101,308 **	172,109 ns	4,01 **	272,456 ns
Tratamento x ano	14	23,02 **	67,7 ns	114,526 ns	2,21 **	143,383 ns
Erro	84	4,15	43,162	153,697	1,07	371,42
CV(%)	-	20,44	20,74	27,88	63,46	21,6
Média	-	9,96	31,67	44,47	1,63	89,21

Tratamento = populações segregantes e linhagens puras de soja; Número de vagens com 1 grão (NVAG1), número de vagens com 2 grãos (NVAG2), número de vagens com 3 grãos (NVAG3), número de vagens com 4 grãos (NVAG4), número total de vagens (NVAGTT). ** e *; significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, ^{ns} não significativo pelo teste F.

TABELA 5 - Análise variância conjunta para os anos 2023/24 e 2024/25, para 4 caracteres agronômicos de populações segregantes e linhagens puras de soja, em Rio Verde – Goiás

FV	GL	Quadrados Médios			
		CICLO	ALTINS	ALTPL	PROD.
Bloco (Ano)	6	10,2	0,46	17,08	10,56
Ano	1	807,6 **	42,57 **	3196,21 **	2037 **
Tratamento	14	3934,4 **	2,59 **	301,51 **	1,49 **
Tratamento x Ano	14	1019,7 **	1,52 ns	114,91 **	1,57 **
Erro	84	896,7	1,21	24,45	7,91
CV(%)	-	2,96	22,87	6,1	14,27
Média	-	110,53	4,81	85,97	6233,69

Tratamento = Populações segregantes e linhagens puras de soja; Ciclo da cultura (CICLO), altura de inserção da primeira vagem (ALTINS), altura de planta (ALTPL) e produtividade (PROD). **, * Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, ^{ns} não significativo pelo teste F.

Para o número de vagens com 1 grão e número de vagens com 4 grãos (Tabela 4), houve efeito significativo para: ano, tratamento e interação tratamento x ano. Esse resultado mostra que há variabilidade genética, entre os tratamentos avaliados, entretanto, a forte influência do ambiente não permitiu a consistência dos dados entre os anos. Também observou-se um alto coeficiente de variação para a característica número de vagens com 4 grãos. Segundo Board (1995), componentes de rendimento como número de vagens são altamente influenciados por condições ambientais, e condições de estresse, durante o estágio R1 a R5, que podem reduzir o número de vagens por planta e a produtividade devido a disponibilidade assimilatória durante

o florescimento e do equilíbrio fonte-dreno na fase de formação de vagens e enchimento de grãos. Meier et al. (2019), ao analisarem a performance agronômica e sua correlação entre componentes de rendimento de soja, obtiveram CV, que variaram entre 7,64 e 79,49%. Este comportamento evidencia a alta influência do ambiente sobre a expressão do caráter.

Para o número de vagens com 2 grãos (Tabela 4), verificou-se ausência de efeito de ano e da interação tratamento x ano, entretanto, foi observada diferença significativa a 1% entre os tratamentos, demonstrando que há diferença genética entre os materiais e esta diferença apresenta maior estabilidade frente ao ambiente. Com relação ao número de vagens com 3 grãos observou-se diferença significativa a 1% de probabilidade para ano, mas não houve diferença entre os materiais genéticos e nem interação tratamento x ano, este resultado demonstra alta sensibilidade desta característica ao ambiente e que a variação ambiental foi maior do que a variação genética. Em número total de vagens (Tabela 4) não houve diferença significativa para ano, tratamento e não houve interação tratamento x ano, sugerindo que não houve contraste genético suficiente para separar os materiais, quanto ao número total de vagens.

Constatou-se em ciclo da cultura (dias para maturação) (Tabela 5), diferença significativa para ano, tratamento e observou-se interação tratamento x anos, com coeficiente de variação de 2,96%, considerado baixo, demonstrando alta precisão experimental. Este resultado sugere que a base genética tem grande influência sob o ciclo, apesar de ser altamente influenciado pelo ambiente e, principalmente, pelo fotoperíodo. Segundo Mourtzinis e Conley (2017), o ciclo da soja é uma característica altamente influenciada pela interação tratamento x ambientes, principalmente fotoperíodo.

Os resultados obtidos para a altura de planta (Tabela 5) demonstraram diferença significativa para ano, tratamento e houve interação tratamento x ano, com coeficiente de variação de 6,1%, demonstrando alta precisão experimental. Este resultado demonstra que a altura de planta aponta alta influência ambiental, mas também alta influência genética. Yang *et al.* (2021), concluíram que a arquitetura da planta de soja é determinada fortemente pela base genética, mas que também pode ser modulada por estratégias de manejo.

Verificou-se em produtividade (Tabela 5) diferença significativa a 1% para ano x tratamento e houve interação tratamento x ano. Este resultado confirma que a produtividade é um caráter de natureza complexa influenciado tanto pelo ambiente como pela base genética. As diferenças significativas entre os anos demonstram a influência das variações climáticas que ocorreram entre os anos, entretanto, a diferença significativa para os tratamentos demonstra inversão no desempenho dos tratamentos frente as variações ambientais, demonstrado pelo efeito significativo da interação tratamento x ano.

Por fim, com relação à altura de inserção de primeira vagem (Tabela 5) verificou-se diferença significativa a 1% de probabilidade para as fontes de variação ano e tratamento. Os tratamentos se comportam de maneira variável para diferentes características e a variação de ambiente também influenciou diretamente no comportamento dos tratamentos. Scarton *et al.* (2023), concluíram que alguns tratamentos apresentam maior sensibilidade a diferentes variações de clima e neste trabalho a altitude exerceu maior influência na variação entre os tratamentos estudados. Lyimo *et al.* (2017), concluíram que a interação tratamentos x ambiente possui alta correlação com componentes de rendimento, como o peso de 100 sementes.

Para o número de vagens com 1 grão, número de vagens com 4 grãos, ciclo, altura de planta e produtividade, em que houve efeito significativo da interação tratamento x anos foi realizada análise de contrastes ortogonais para verificar existência de variabilidade entre os recíprocos separados na safra 2023/24 (Tabela 6) e safra 2024/25 (Tabela 7). Para as variáveis: número de vagens, com 2 grãos, número de vagens com 3 grãos, número total de vagens e altura de inserção da primeira vagem, em que não houve interação significativa para a interação tratamento x anos, foram utilizadas as médias das safras 2023/24 e 2024/25 para realizar a análise de contrastes ortogonais de maneira conjunta (Tabela 7).

A análise por contrastes ortogonais permitiu a avaliação de grupos específicos com dados experimentais. Podem ser utilizados para estimar efeitos principais, aninhados e de interação, além de comparar grupos de dados específicos. Neste tipo de análise a soma dos coeficientes deve ser zero, uma vez que o contraste mede a diferença entre os grupos de médias (Nogueira, 2004).

TABELA 6 - Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 5 caracteres agrônômicos de soja avaliados, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás

CONTRASTES			ESTIMATIVA DOS CONTRASTES				
			NºVAG1	NºVAG4	CICLO	ALTPL	PROD.
Tratamento 1 vs Tratamento 5	1		3,22 *	0,07 ^{ns}	8,25 **	6,65 ^{ns}	-657,81 ^{ns}
Pr> t			0,04	0,90	0,001	0,09	0,19
Tratamento 2 vs Tratamento 6	2		-1 ^{ns}	0,65 ^{ns}	-7,25 **	4,55 ^{ns}	1878,15 **
Pr> t			0,52	0,31	0,003	0,24	0,001
Tratamento 3 vs Tratamento 7	3		-1,42 ^{ns}	0,08 ^{ns}	-15 **	-19,57 **	48,89 ^{ns}
Pr> t			0,36	0,75	0	0	0,92
Tratamento 4 vs Tratamento 8	4		-12,30 **	0,35 ^{ns}	-5,75 **	-2,12 ^{ns}	-357,95 ^{ns}
Pr> t			0	0,58	0,01	0,58	0,47

Tratamento = Populações segregantes; Número de vagens com 1 grão (NVAG1), número de vagens com 4 grãos (NVAG4), ciclo (CICLO), altura de planta (ALTPL) e produtividade (PROD). Para a safra 2023/24. **, * Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, ^{ns} não significativo pelo teste t.

A análise de contrastes demonstrou que algumas características responderam de forma diferente conforme o parental utilizado como recorrente. Para a safra 2023/24 (Tabela 6) houve diferença significativa para número de vagens com 1 grão, ciclo, altura de planta e produtividade.

Para o contraste número 1, que confronta o tratamento 1 (537542 x 46948) e seu recíproco, tratamento 5 (46948 x 53752) (Tabela 6), houve diferença significativa para o número de vagens com 1 grão a 5% e ciclo a 1% e probabilidade, demonstrando variabilidade entre os tratamentos recíprocos para estas características na safra 2023/24.

No contraste número 2, o tratamento 2 (537356 x 23607) e seu recíproco, tratamento 6 (23607 x 53756) (Tabela 6), houve diferença significativa para ciclo e produtividade a 1% de probabilidade. Para o contraste número 3, tratamento 3 (52611 x 7355) e seu recíproco tratamento 7 (7355 x 52611) houve diferença significativa para ciclo e altura de planta a 1% de probabilidade na safra 2023/24 (Tabela 6).

No contraste número 4, o tratamento 4 (4349 x 46948) e seu recíproco tratamento 8 (46948 x 4349) (Tabela 6), houve diferença significativa para número de vagens com 1 grão e ciclo a 1% de probabilidade.

Os resultados da safra 2023/24 (Tabela 6) demonstram que a direção do cruzamento pode influenciar de forma significativa, tanto para caracteres fenológicos como para componentes de rendimento. A variável ciclo se destacou como a característica mais sensível, apresentando diferenças em todos os contrastes, seguida pelo número de vagens com 1 grão e produtividade (Tabela 6).

TABELA 7 - Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 5 caracteres agrônômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás

CONTRASTES		ESTIMATIVA DOS CONTRASTES				
		NºVAG1	NºVAG4	CICLO	ALTPL	PROD.
Tratamento 1 vs Tratamento 5	1	-0,90 ns	0,22 ns	4,65 *	3,88 ns	990,28 ns
Pr> t 		0,49	0,78	0,05	0,28	0,18
Tratamento 2 vs Tratamento 6	2	-1,80 ns	0,38 ns	-5,33 *	-4,82 ns	1001,39 ns
Pr> t 		0,17	0,64	0,02	0,18	0,18
Tratamento 3 vs Tratamento 7	3	0,03 ns	-0,16 ns	-10,59 **	-7,01 *	-840,97 ns
Pr> t 		0,97	0,84	0	0,05	0,26
Tratamento 4 vs Tratamento 8	4	-0,22 ns	-0,57 ns	0,02 ns	-0,55 ns	691,32 ns
Pr> t 		0,86	0,48	0,99	0,87	0,35

Tratamento = Populações segregantes; Número de vagens com 1 grão (NVAG1), número de vagens com 4 grãos (NVAG4), ciclo (CICLO), altura de planta (ALTPL) e produtividade (PROD). Para a safra 2024/25. **, * Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Para safra 2024/25 (Tabela 7) houve diferença significativa apenas para o ciclo e altura de planta em alguns contrastes.

O contraste 1 (Tabela 7) demonstrou diferença significativa para a variável ciclo a 5% de probabilidade, confirmando a existência de efeito materno para essa característica. A diferença entre os tratamentos foi de aproximadamente quatro dias, resultado que pode impactar diretamente a escolha do tratamento a ser utilizado na hibridação, a depender do objetivo do programa de melhoramento, seja na seleção de genótipos com ciclo mais curto ou mais longo.

O contraste 2 (Tabela 7) também apresentou diferença significativa para o ciclo a 5% de probabilidade, corroborando a existência de efeito materno para essa variável. Esse resultado sugere elevada influência genética desse caráter no cruzamento avaliado.

O contraste 3 evidenciou diferença significativa, para o ciclo a 1% de probabilidade e para a altura de plantas a 5% de probabilidade, confirmando a existência de efeito materno para essas características na safra 2024/25 (Tabela 7). Resultados semelhantes foram reportados por Badiaraja et al. (2021), que identificaram efeito materno para a característica altura de plantas em populações F3 de soja.

O contraste 4 (Tabela 7) não mostrou diferença significativa para nenhuma das características avaliadas, indicando ausência de efeito detectável da reciprocidade, entre os tratamentos comparados, na safra 2024/25.

A análise por contrastes da safra 2024/25 (Tabela 7) confirmou que o ciclo foi a característica mais sensível à direção do cruzamento, aparecendo como significativo em três dos quatro contrastes. A menor ocorrência de diferença significativa entre os contrastes para a produtividade evidencia a forte influência ambiental na manifestação dos efeitos recíprocos.

Board e Tan (2017), concluíram que caracteres de rendimento possuem alta influência do ambiente e menor estabilidade genética, o que dificulta o processo de seleção em programas de melhoramento. Este resultado corrobora com o trabalho de Miller *et al.* (1996), que concluiu que o efeito materno citoplasmático é de natureza complexa e tende a diminuir, conforme o avanço das gerações de retrocruzamento, o que dificulta seu entendimento. O incremento é observado em gerações iniciais, entretanto, com o passar das gerações de autofecundação ou retrocruzamento, este efeito tende a se dissipar.

Para as características em que não houve interação tratamento x ano na análise conjunta consideraram-se os resultados médios das duas safras (Tabela 8).

TABELA 8 - Contrastes ortogonais entre os tratamentos recíprocos para 4 caracteres agronômicos da cultura da soja utilizando as médias da análise conjunta dos dados, das safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás

CONTRASTES		ESTIMATIVA DOS CONTRASTES			
		NºVAG2	NºVAG3	NºVAGTT	ALTINS
Tratamento 1 vs Tratamento 5	1	-1,45 ^{ns}	-7,67 ^{ns}	-12,59 ^{ns}	-0,18 ^{ns}
Pr> t		0,71	0,27	0,24	0,75
Tratamento 2 vs Tratamento 6	2	2,03 ^{ns}	0,98 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	0,65 ^{ns}
Pr> t		0,60	0,88	0,99	0,26
Tratamento 3 vs Tratamento 7	3	-0,01 ^{ns}	-6,50 ^{ns}	-4,08 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
Pr> t		0,99	0,35	0,70	0,94
Tratamento 4 vs Tratamento 8	4	-4,99 ^{ns}	-14,48 [*]	-14,48 ^{ns}	0,06 ^{ns}
Pr> t		0,21	0,04	0,18	0,91

Tratamento = População segregante; Número de vagens com 2 grãos (NVAG2), número de vagens com 3 grãos (NVAG3), número total de vagens (NVAGTT), e altura de inserção (ALTINS). Para a safra 2023/24 e safra 2024/25. **, * Significativo a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste t.

Para as variáveis número de vagens com 2 grãos, número total de vagens e altura de inserção da primeira vagem não foram observadas diferenças significativas em todos os contrastes realizados (Tabela 8). Para o contraste número 4 houve diferença significativa a 5 % de probabilidade para o número de vagens com 3 grãos. De forma geral, a análise de contrastes utilizando as médias da análise conjunta dos dados, nas safras 2023/24 e 2024/25 demonstrou que os efeitos de reciprocidade foram pontuais e de difícil detecção, em condições variáveis, sendo número de vagens com 3 grãos, a única característica, que apresentou diferença significativa. A análise de contrastes demonstrou que o efeito entre recíprocos pode gerar variabilidade adicional, em alguns caracteres, mas que estes são altamente modulados pelo ambiente e seu efeito é disperso com o passar das gerações. Caso os efeitos maternos presentes na população sejam de natureza fenotípica, ao invés de genético-citoplasmática, o efeito é presente nas primeiras gerações, mas tende a se dissipar, conforme o avanço dos retrocruzamentos (Gilsinger *et al.*, 2010).

De forma geral, ciclo é a variável mais responsiva em cruzamentos recíprocos, confirmando a presença de efeito materno citoplasmático neste trabalho. Neste sentido é uma característica que pode ser altamente influenciada pelo ambiente, mas que pode ser utilizada como uma forma de gerar variabilidade entre cruzamentos, além de auxiliar o melhorista na tomada de decisão ao definir cruzamentos com o objetivo de gerar populações com maior ou menor ciclo, a depender da região em que o programa de melhoramento atua.

Em um programa de melhoramento, a variabilidade genética é essencial para obtenção de tratamentos superiores, para isso, os melhoristas podem utilizar parâmetros que auxiliem no

entendimento da variabilidade genética de seu germoplasma. A distância de Mahalanobis forneceu uma medida de distância entre dois pontos levando em consideração a correlação entre as variáveis, logo, quanto maior a distância entre os tratamentos, maior a divergência entre eles (Martos; Muñoz; González, 2013).

O método de agrupamento por otimização ou método de Tocher realizou a separação dos tratamentos utilizando um único critério de agrupamento. Neste método, há uma partição do conjunto de tratamentos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos por meio da maximização ou minimização de uma medida preestabelecida. As médias das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo devem ser menores do que as distâncias médias entre quaisquer grupos (Vasconcelos *et al.*, 2007). Os grupos formados pelo agrupamento de Tocher apresentam maior homogeneidade intragrupos e maior heterogeneidade intergrupos, assim, as distâncias médias intragrupos representam o nível de similaridade genética predominante dentro de cada grupo, enquanto as distâncias médias intergrupos expressam o nível mínimo de divergência genética entre os diferentes grupos de estudo (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2014).

A classificação dos níveis de similaridade entre os tratamentos foi realizada com base nos valores intra e intergrupos obtidos pelo método de Tocher. Para a safra 2023/24 considerou-se o valor 24,05 (valor referência para formação dos grupos) como referência para alta dissimilaridade e a média intragrupo do grupo 1 sendo 12,74 (Tabela 12), como referência para alta similaridade. Valores dentro do intervalo de 12,74 e 24,05 foram interpretados como de similaridade intermediária. As distâncias de Mahalanobis obtidas para a safra 2023/24 constam na Tabela 9 e os grupos formados pelo agrupamento de Tocher constam na Tabela 10.

TABELA 9 - Distância de Mahalanobis entre 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) com base em 5 caracteres agrônômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2023/24, em Rio Verde - Goiás

Tratamento	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	
F3(A)	1	0														
F3(A)	2	19,54	0													
F3(A)	3	3,7	16,76	0												
F3(A)	4	5,06	32,98	5,77	0											
F3(A')	5	9,98	24,45	16,62	9,99	0										
F3(A')	6	10,61	12,64	4,8	18,4	28,58	0									
F3(A')	7	42,94	33,93	28,69	53,71	76,54	13,28	0								
F3(A')	8	44,54	98,65	50,8	39,28	65,92	71,24	96,1	0							
Linhagem	9	5,19	30,32	8,73	5,9	16,12	20,41	49,24	24,05	0						
Linhagem	10	38,16	44,8	22,84	43,5	75,08	13,41	5,81	84,92	44,85	0					
Linhagem	11	36,63	37,77	19,88	40,29	69,77	13,58	6,27	76,85	38,75	2,76	0				
Linhagem	12	19,08	48,16	13,04	19,88	45,13	23,64	45,34	37,83	20,13	28,61	25,13	0			
Linhagem	13	14,54	3,74	11,55	23,67	20,00	8,5	31,43	97,3	26,27	37,01	33,61	45,39	0		
Linhagem	14	6,04	9,25	6,94	13,08	11,68	6,08	32,82	73,94	16,15	35,57	34,95	37,02	3,84	0	
Linhagem	15	1,03	22,15	2,87	4,17	10,69	11,53	45,86	46,23	7,33	37,67	35,86	14,07	16,97	8,75	0

Tratamento = População segregante e linhagens parentais; F3 (A) = população segregante; F3 (A') = população segregante recíproca; Linhagem = Linhagem parental.

Os valores da distância de Mahalanobis (Tabela 9) para safra 2023/24, para o tratamento T:1 (F3), apresentaram que a maior distância obtida foi com o tratamento T:8 (F3) com valor de 44,54. Com relação ao seu recíproco (F3' – T:5), a distância foi de 9,98 indicando similaridade entre os tratamentos. O valor de distância para o seu recorrente (linhagem 12) foi de 19,08 e a distância do doador (linhagem 9) foi de 5,19. Os resultados obtidos para o recíproco, a distância do parental recorrente (linhagem 9) foi de 16,12 e a distância do parental doador (linhagem 9) foi de 45,13. Nesta safra observou-se baixa dissimilaridade, entre os cruzamentos recíprocos, a variabilidade entre os cruzamentos é observada, entretanto, neste valor intermediário, que demonstra similaridade entre os grupos, também verificou-se uma dissimilaridade intermediária, entre os parentais, com valor de 20,13, este valor sugere que a variabilidade entre a família é baixa e portanto, o efeito recíproco não é detectável.

Para o tratamento T:2 (F3), o tratamento recíproco (F3' – T:6) apresentou distância de 12,64, indicando proximidade intermediária entre os tratamentos. A distância do parental recorrente (linhagem 13) foi de 3,74 e do parental doador (linhagem 11) foi de 37,77 (Tabela 9).

Com relação aos valores obtidos para o tratamento 3 (F3), a distância do seu recíproco (F3' – T:7) foi de 28,69, demonstrando alta dissimilaridade genética entre estes recíprocos. A distância entre o tratamento 3 e o seu recorrente (linhagem 14) foi de 6,94, indicando alta similaridade entre a população e o recorrente, o tratamento doador (linhagem 10) foi de 22,84. O tratamento recíproco (F3' – T:7) apresentou distância de 5,81 do seu recorrente (linhagem 14) e 32,82 (linhagem 10) do tratamento doador, a distância entre os parentais, foi de 35,57, essa dissimilaridade entre os parentais pode contribuir para gerar variabilidade dentro da família e contribuir para o surgimento de efeito recíproco (Tabela 9).

Para o tratamento 4 (F3), seu recíproco (F3' – T:8) apresentou valor 39,28, indicando alta dissimilaridade entre os tratamentos. O valor de distância para o parental recorrente (linhagem 15) foi de 4,17 e o parental doador (linhagem 9) foi de 5,90. A distância entre os parentais é de 7,33, indicando alta similaridade entre as linhagens, este resultado sugere que a baixa variabilidade entre os parentais contribuiu para o baixo efeito recíproco entre as populações segregantes (Tabela 9).

Os pares recíprocos T: 1 e T: 5 apresentaram alta similaridade com valor 9,98. Os recíprocos T:2 (F3) e T:6 (F3') apresentaram dissimilaridade genética considerada moderada com valor 12,64. Observou-se que os pares recíprocos T:3 (F3) e T:7 (F3') apresentaram maior dissimilaridade e os recíprocos T:4 (F3) e T:8 (F3') foram os mais divergentes, com destaque para o tratamento 8, que divergiu significativamente da maioria dos tratamentos (Tabela 9).

TABELA 10 - Agrupamento de Tocher para 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) baseados na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás

GRUPOS	TRATAMENTOS
1	T:1, T:2, T:3, T:4, T:5, T:6, T:9, T:13, T: 14, T:15
2	T:10, T:11, T:7
3	T:12
4	T:8

A análise de agrupamento otimizado de Tocher (Tabela 10) demonstrou um valor máximo de distância de 24,04 e agrupou os tratamentos em quatro grupos distintos.

O grupo 1 contempla os tratamentos T:1, T:2, T:3, T:4 (F3) T:5, T:6 (F3') e T:9, T:13, T:14 e T:15 (linhagens) demonstrando maior semelhança entre estes tratamentos. O grupo 2 contempla os tratamentos T:10 e T:11(linhagens) e T:7 (F3), demonstrando maior semelhança entre eles, mas divergentes, com relação aos demais grupos. O grupo 3 incluiu apenas o tratamento 12 (linhagem) e o grupo 4 incluiu apenas o tratamento 8 (F3) (Tabela 10), demonstrando maior divergência, uma vez que estes dois tratamentos se mantiveram em grupos separados, sendo utilizados como fonte de variabilidade, dentro do programa.

TABELA 11 - Distâncias intra e intergrupos pelo agrupamento de Tocher com base na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2023/24, em Rio Verde – Goiás

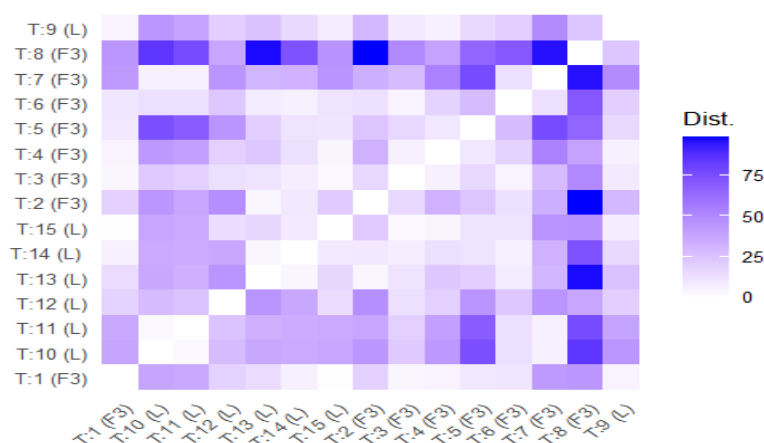
GRUPOS	MÉDIA
1 (intragrupo)	12,74
1x2	38,74
1x3	28,55
1x4	61,19
2 (intragrupo)	4,94
2x3	33,02
2x4	85,95
3	—
3x4	37,83
4	—

O grupo 1 apresentou distância intragrupo, com média de 12,74 e o grupo 2 com distância intragrupo de 4,94, mais homogêneo (Tabela 10).

Com relação à distância intergrupo a maior divergência encontra-se entre o grupo 2 e o grupo 4 com valor de 85,95 e a menor divergência encontra-se entre o grupo 1 e grupo 3 com

valor de 28,55. Os grupos mais divergentes são grupo 4 (tratamento 8) seguido do grupo 3 (tratamento 12) (Tabela 10).

O resultado do agrupamento de Tocher corroborou com o resultado da análise de contrastes dos recíprocos T:1 e T:5, T:2 e T:6, em que o efeito recíproco foi pouco expressivo. Os recíprocos T:3 e T:7 foram agrupados separadamente, T:3 foi agrupado no conjunto 1 e o T:7 foi agrupado no conjunto 2, confirmando a dissimilaridade entre os tratamentos.



T: Tratamento; L = linhagem parental; F3 = população segregante.

FIGURA 3 - Dissimilaridade genética entre 15 tratamentos de soja (populações segregantes e linhagens parentais) com base na avaliação de 5 caracteres agrônômicos, na safra 2023/24, por meio da distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.

Os padrões de coloração com tonalidade mais escura no heatmap indicaram alta dissimilaridade e padrões de coloração mais claros com alta similaridade (Figura 3), a coloração do heatmap corroborou com o agrupamento obtido pelo método de Tocher. Os tratamentos agrupados em um mesmo grupo apresentaram coloração clara indicando alta similaridade genética, por outro lado, combinações entre tratamentos distintos exibiram coloração mais intensa refletindo maior divergência e corroborando os limites definidos pela análise de Tocher. Também observou-se a divergência entre os parentais, linhagens parentais com maior divergência tendem a obter resultados mais expressivos nas análises entre os recíprocos, por outro lado, parentais com menor divergência tendem a ter uma maior similaridade na população e efeito recíproco baixo ou ausente.

Na Tabela 12 constam os resultados da distância de Mahalanobis para safra 2024/25. O valor referência para formação dos grupos foi de 6,08 e a média intragrupo do grupo 1 foi de 3,4 (Tabela 15).

TABELA 12 - Distância de Mahalanobis entre 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) com base na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás

Genótipo		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem
Tr re	F3(A)	1	0													
	F3(A)	2	3,64	0												
	F3(A)	3	6,31	6,59	0											
	F3(A)	4	0,6	5,99	8,23	0										
	F3(A')	5	7,21	18,63	10,95	6,3	0									
	F3(A')	6	31,14	19,12	19,23	37,5	46,09	0								
	F3(A')	7	36,22	20,44	22,83	43,24	60,68	6,92	0							
	F3(A')	8	8,86	12,24	1,63	10,92	7,71	21,94	30,09	0						
	Linhagem	9	20,73	10,66	16,39	25,85	38,72	4,27	8,62	20,74	0					
	Linhagem	10	50,46	30,15	39,48	59,8	81,88	14,34	5,35	48,06	12,39	0				
	Linhagem	11	10,23	7,62	3,91	11,86	16,62	19,9	25,41	7,54	20,38	44,19	0			
	Linhagem	12	38,34	20,59	28,39	46,99	64,11	8,68	5,48	35,36	9,07	3,31	28,89	0		
	Linhagem	13	14,2	6,74	6,55	17,94	29,13	11,66	10,25	12,18	12,73	24,81	4,53	15,5	0	
	Linhagem	14	11,01	5,6	3,82	13,3	21,75	13,64	16,27	8,81	13,3	32,44	1,26	20,91	1,95	0
	Linhagem	15	9,83	15,66	10,03	8,45	6,08	33,14	49,89	9,45	27,92	71,41	10,78	54,69	23,23	13,65

O tratamento T:1 com relação ao seu recíproco (T:5), apresentou valor 7,21, corroborando com o resultado de contrastes, em que o efeito materno não persistiu no segundo ano de experimento e com a distância observada na safra 2023/24. Com relação aos parentais, do tratamento 1, a distância foi de 38,34, para o parental recorrente (T:12) e 20,73 para o parental doador (T:9). O recíproco apresentou distância de 38,72 do tratamento recorrente (T:9) e 64,11 do tratamento doador (T:12) (Tabela 13). A distância entre o tratamento recorrente e o doador foi de 9,07, valor considerado baixo, e a baixa dissimilaridade entre os materiais utilizados no cruzamento pode interferir diretamente no efeito recíproco da progênie (Tabela 13). Este valor corrobora com os dados apresentados por Gilsinger *et al.* (2010), que observaram quando os parentais apresentavam baixa variabilidade na composição de ácidos graxos no óleo, a variação ambiental facilmente poderia mascarar o efeito materno presente.

No tratamento 2, comparando ao seu recíproco (T:6) observou-se o valor de 19,12, o qual é considerado alto. Para o parental recorrente (T:13) a distância foi de 6,73 e para o tratamento doador (T:11) a distância foi de 7,62. Comparando as distâncias do recíproco, a distância do tratamento recorrente (T:11) foi de 19,90 e do tratamento doador (T:13) a distância foi de 11,66 (Tabela 13).

A distância entre o tratamento T:3 e seu recíproco (T:7) foi de 22,83. Em relação ao parental recorrente (T:14), a distância observada foi de 3,82, enquanto para o tratamento doador (T:10) foi de 39,48, representando a maior distância registrada. Para o tratamento recíproco, a distância em relação ao parental recorrente foi de 5,35 e, em relação ao tratamento doador, de 16,27 (Tabela 13).

A análise da distância de Mahalanobis corrobora os resultados obtidos na análise de contrastes, indicando que esse cruzamento apresentou efeito recíproco para as características altura de planta e ciclo. A variabilidade observada entre os cruzamentos recíprocos confirmou a presença de efeito materno, sugerindo que quanto menor a distância entre o parental materno e a progênie, mais expressivo tende a ser o efeito recíproco. Por outro lado, quando a distância entre o parental recorrente e a progênie é maior, o efeito recíproco torna-se pouco expressivo ou inexistente.

O tratamento T:4 comparado ao recíproco (T:8), a distância foi de 10,92. A distância do parental recorrente (T:15) foi de 8,45 e do parental doador (T:9) foi de 25,85. O tratamento recíproco apresentou distância de 20,74 do parental recorrente (T:9) e 9,45 do tratamento doador (T:15) (Tabela 13).

De forma geral, observou-se menor dissimilaridade genética entre os tratamentos e, principalmente, entre os pares recíprocos. Este resultado corrobora com a análise de contrastes ortogonais, que demonstrou maior efeito recíproco na safra 2023/24 se comparado à safra 2024/25. Os pares recíprocos T:1 e T:5, apresentaram dissimilaridade baixa, de 7,21 assim como na safra 2023/24. Os pares T:2 e T:6 apresentaram dissimilaridade maior na safra 2024/25, mas ainda sim considerada moderada. Os pares T:3 e T:7 apresentaram maior dissimilaridade, com valor de 22,83 e T:4 e T:8 apresentaram maior dissimilaridade em 2024/25, com valor de 10,92 (Tabela 13).

TABELA 13 - Agrupamento de Tocher para 15 tratamentos (tratamentos recíprocos e linhagens parentais) baseados na avaliação de 5 caracteres agronômicos da cultura da soja, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás

Grupos	Tratamentos
1	T:1, T:4, T:2
2	T:11, T:14, T:13, T:3
3	T:10, T:12, T:7
4	T:6, T:9
5	T:5, T:15
6	T:8

Para os dados da safra 2024/25 (Tabela 14) o limite para formar os grupos foi de 6,08, e formaram-se 6 grupos, sendo o grupo 1 com os T:1, T:4 e T:2 (F3), o grupo 2 contemplando os tratamentos T:11, T:14 e T:13 (linhagens) e T:3 (F3), o grupo 3 formado por T:10, T:12 (linhagens) e T:7 (F3), o grupo 4 formado por T:6 (F3) e T:9 (linhagem), o grupo 5 contemplando T:5 (F3) e T:15 (linhagem) e o grupo 6 formado pelo tratamento 8 (F3).

TABELA 14 - Médias dos grupos formados pelo agrupamento de Tocher com base em 5 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2024/25, em Rio Verde – Goiás

GRUPOS	MÉDIA
1 (intragrupo)	3,4
1x2	9,96
1x3	38,47
1x4	24,16
1x5	11,01
1x6	10,67
2 (intragrupo)	3,67
2x3	25,78
2x4	15,9
2x5	17,01
2x6	7,54
3 (intragrupo)	4,71
3x4	10
3x5	63,77
3x6	37,83
4 (intragrupo)	4,26
4x5	36,46
4x6	21,33
5 (intragrupo)	6,08
5x6	8,58
6	—

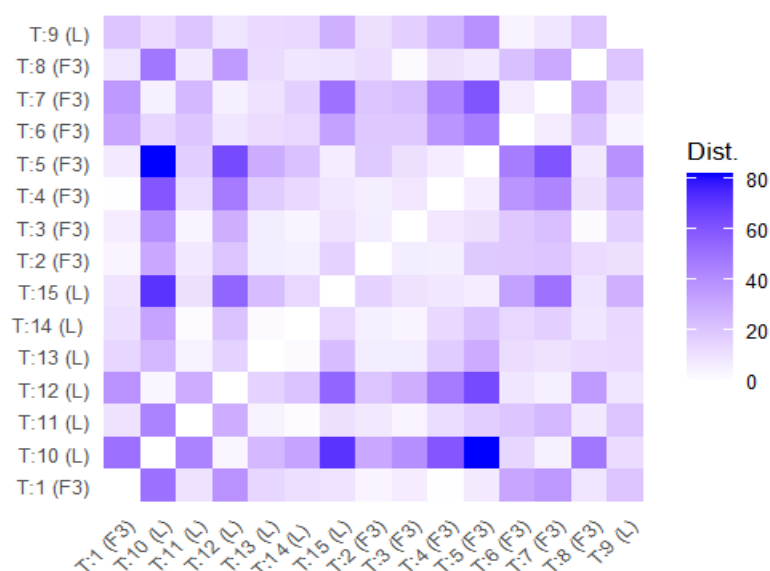
A distância intragrupos mostrou o grupo 1, com valor de 3,41, grupo 2, com valor de 3,67, grupo 3 com 4,71, grupo 4 com valor de 4,27. O grupo 5, com valor de 6,08, foi considerado o mais disperso entre os grupos, sendo grupo 1 e grupo 2 os mais homogêneos. Com relação à distância intergrupos os grupos mais divergentes foram grupo 3 x grupo 5 com valor de 63,78, grupo 1 x grupo 3 com valor 38,47, grupo 3 x grupo 6 com valor de 37,84 e grupo 4 x grupo 5 com valor de 36,47 e o tratamento 8 ficou isolado, assim como na análise da safra 2023/24 (Tabela 14).

Para a análise realizada, com os dados da safra 2023/24, a distância de Mahalanobis foi de 9,98 entre T:1 e T:5, valor abaixo no limite para formação dos grupos, que foi de 24,04, o que fez com que estes tratamentos fossem agrupados no mesmo grupo 1, para a safra 2024/25 o valor de distância de Mahalanobis foi de 7,21, ligeiramente acima do valor limite intergrupo que foi de 6,08. O teste de médias realizado por contraste demonstrou diferença significativa para as variáveis número de vagens com 1 grão, ciclo e altura de planta na safra 2023/24 (Tabela 6), entretanto, a diferença significativa é observada apenas para a característica ciclo na safra 2024/25 (Tabela 7).

Com relação aos pares recíprocos T:2 e T:6, a distância entre os tratamentos foi de 12,64, abaixo do valor limite de 24,04 para a safra 2023/24, além disto, também foram agrupados no grupo 2. Na safra 2024/25, a distância entre estes pares foi de 19,12, acima do limite para formação dos grupos, de 6,08, ao observar a análise por contraste houve diferença estatística para as variáveis ciclo e produtividade, contudo, na safra 2024/25 houve diferença estatística apenas para a variável ciclo (Tabela 7).

O valor de distância entre T:3 e T:7 foi de 28,69 para a safra 2023/24 (Tabela 9), acima do limite de 24,04 foram agrupados separadamente, na safra 2024/25 a distância foi de 22,83 (Tabela 13), acima do limite inferior de 6,08 e foram agrupados separadamente (Tabela 14), na análise de contrastes houve diferença estatística para ciclo e altura de planta na safra 2023/24 e diferença estatística para ciclo e altura de planta na safra 2024/25 (Tabela 7), confirmando efeito entre recíprocos para este contraste.

A distância entre os recíprocos T:4 e T:8 na safra 2023/24 foi de 39,28, valor acima do limite de 24,04 e foram agrupados separadamente (Tabela 10), na safra 2024/25, a distância entre os tratamentos foi de 10,92, acima do limite intergrupo de 6,08 e foram agrupados separadamente (Tabela 14). Na análise de contrastes houve diferença estatística para número de vagens com 1 grão e ciclo na safra 2023/24, na safra 2024/25 não houve diferença estatística entre os recíprocos.



T: Tratamento; L = linhagem parental; F3 = população segregante.

FIGURA 4 - Dissimilaridade genética entre 15 genótipos de soja considerando 5 caracteres agrônômicos avaliados, na safra 2024/25, com base na distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.

Os resultados obtidos na safra 2024/25 demonstraram redução expressiva nas distâncias generalizadas de Mahalanobis, refletindo maior homogeneidade das populações avaliadas. O método de Tocher formou 6 grupos distintos, com média intragrupo 3,41 e limite intergrupo 6,08 (Tabela 15), valores inferiores aos obtidos no primeiro ano (12,74 e 24,05, respectivamente). O padrão de coloração do heatmap (Figura 4) confirmou esses resultados, com predominância de tons claros, sugerindo alta similaridade intragrupo e poucas combinações com divergência acentuada. Para as variáveis em que não houve diferença significativa, na análise conjunta dos dados, a investigação ocorreu utilizando as médias dos dois anos avaliados (Tabela 15).

TABELA 15 - Distância de Mahalanobis dos tratamentos considerando as médias da análise conjunta dos dados de 4 caracteres agrônômicos da cultura da soja avaliados, nas safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás

Genótipos	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A)	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	F3 (A')	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem	Linhagem
F3(A)	1	0													
F3(A)	2	3,58	0												
F3(A)	3	4,11	3,84	0											
F3(A)	4	4,42	3,45	0,63	0										
F3(A')	5	3,35	1,83	1,57	1,3	0									
F3(A')	6	6,34	1,76	1,59	1,63	2,00	0								
F3(A')	7	6,33	2,82	0,93	1,45	2,44	0,24	0							
F3(A')	8	5,03	0,64	2,95	3,29	2,56	0,7	1,27	0						
Ti	9	2,8	5,09	0,47	1,2	2,21	3,5	2,58	4,69	0					
re	Linhagem	10	6,64	1,32	2,5	2,86	2,09	0,3	0,81	0,4	4,64	0			
	Linhagem	11	2,89	2,1	1,31	2,07	2,79	1,44	1,11	1,21	1,86	1,96	0		
	Linhagem	12	3,09	0,3	3,4	3,39	1,07	2,12	3,06	1,12	4,39	1,48	2,45	0	
	Linhagem	13	5,46	2,09	3,9	1,78	2,45	2,42	3,41	3,04	5,02	3,33	3,63	2,93	0
	Linhagem	14	1,61	3,63	1,04	1,51	2,61	3,14	2,5	3,42	0,56	4,2	0,81	3,56	3,91
	Linhagem	15	1,38	0,75	2,31	2,23	0,8	2,39	2,92	1,68	2,55	2,31	1,63	0,44	2,45

Para o tratamento T:1, a maior distância foi em relação ao tratamento T:10, a distância do seu recíproco (T:5) foi de 3,35. Com relação ao parental recorrente, a distância foi de 3,09 (T:12) e 2,88 do parental doador (T:9), a distância de seu recíproco foi de 2,21 do tratamento recorrente (tratamento 9) e 1,07 do parental doador (T:12). A distância entre os parentais foi de 4,39 (Tabela 16).

O tratamento T:2 obteve a distância do recíproco (T:6) de 1,76. Com relação aos parentais, a distância do T:2 do parental recorrente (T:13) foi de 2,09 e 2,10 do parental doador (T:11). O tratamento recíproco apresentou distância de 1,44 do parental recorrente e 2,42 do tratamento doador, com relação aos parentais, a distância foi de 3,63 (Tabela 16).

Observou-se em T:3, a distância de 0,93 de seu recíproco (T:7). A distância entre T:3 e o parental recorrente (T:14) foi de 1,04 e do parental doador (T:10) foi de 2,05. O tratamento

recíproco apresentou distância de 0,81 do parental recorrente e 2,5 do tratamento doador. A distância entre os parentais foi de 4,20 (Tabela 16).

A distância genética entre o tratamento T:4 e seu recíproco (T:8) foi de 3,29. Em relação aos parentais, a distância do parental recorrente (T:15) foi de 2,23, enquanto a do parental doador (T:9) foi de 1,20. O tratamento recíproco apresentou distância de 4,69 em relação ao parental recorrente e de 1,68 em relação ao parental doador. A distância genética entre os parentais foi de 2,55 (Tabela 16).

Observou-se que as distâncias associadas às variáveis número de vagens com dois grãos, número de vagens com três grãos, número total de vagens e altura de inserção — nas quais não houve interação tratamento $\times$ anos — foram, de modo geral, menores. Ainda assim, os pares recíprocos T:3 e T:7 destacaram-se por apresentar maior dissimilaridade entre si (Figura 5).

Os grupos formados pela análise de agrupamento de Tocher, considerando as variáveis número de vagens com dois grãos, número de vagens com três grãos, número total de vagens e altura de inserção, estão apresentados na Tabela 17.

TABELA 16 - Agrupamento de Tocher com base nas médias da análise conjunta dos dados de 4 caracteres agrônômicos da cultura da soja avaliados, nas safras 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás

Grupos	Tratamentos
1	T:2, T:6, T:7, T:8, T:10, T:11, T:12, T:15
2	T:3, T:4, T:9, T:14
3	T:5
4	T:1
5	T:13

A análise por agrupamento de otimização de Tocher (Tabela 17), segregou os tratamentos em 5 diferentes grupos, sendo o grupo 1 com T:2, T:6, T:7, T:8 (F3) e T:10, T:11 e T:15 (linhagens), o grupo 2 com T:3 e T: 4 (F3) e T: 9 e T:14 (linhagens). Os tratamentos T:5, T:1 e T:13 foram agrupados isoladamente nos grupos 3, 4 e 5, respectivamente.

TABELA 17 - Médias dos grupos formados pelo grupamento de Tocher considerando 4 caracteres agronômicos da cultura da soja avaliados, na safra 2023/24 e 2024/25, em Rio Verde – Goiás

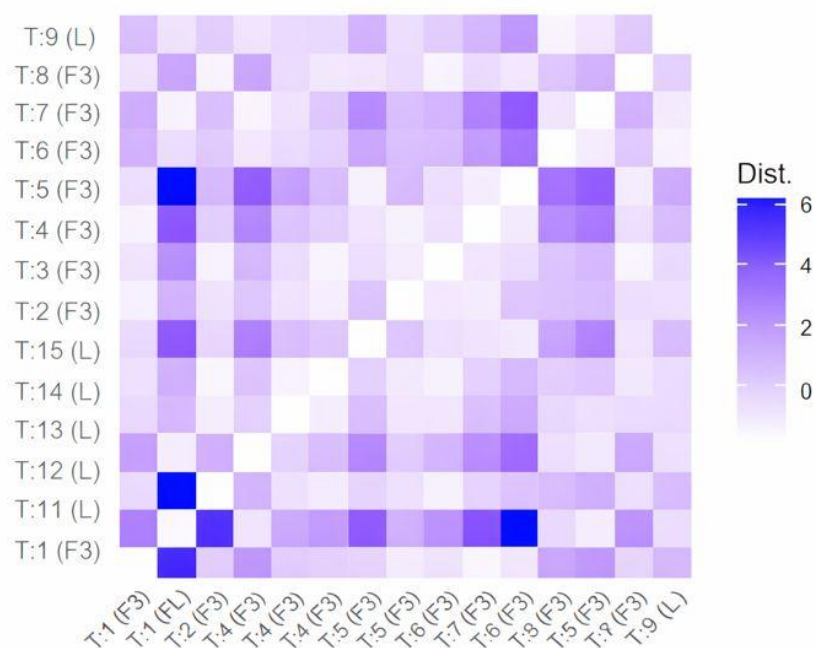
GRUPOS	MÉDIA
1 (intergrupo)	1,45
1x2	2,85
1x3	1,94
1x4	4,41
1x5	2,91
2 (intergrupo)	0,9
2x3	1,92
2x4	3,23
2x5	3,65
3 (intergrupo)	–
3x4	3,34
3x5	2,44
4 (intergrupo)	–
4x5	5,46
5	–

O limite para formação dos grupos foi de 1,78, e a divergência máxima foi entre os grupos 4 e 5 com valor de 5,46, grupo 1 e grupo 2 apresentam divergência moderada com valor de 2,85 e a menor distância foi do grupo 2 com grupo 3 com valor de 1,92. A distância intragrupos foi de 1,45 do grupo 1 e 0,90 do grupo 2 (Tabela 17).

Em T:1 a distância em relação ao seu recíproco T:5 foi de 3,34 (Tabela 15). A análise de contrastes não apresentou diferença significativa para todas as variáveis analisadas (Tabela 8). O tratamento T:2 apresentou distância de 1,76 em relação ao seu recíproco (T:6), ligeiramente menor que a distância limite para formação dos grupos e o contraste para estes tratamentos também não diferiu significativamente (Tabela 8).

A distância do tratamento T:3 com seu recíproco (T:7) foi de 0,93, valor bem abaixo do limite de 1,78 e a análise por contrastes não diferiu significativamente para todas as variáveis analisadas (Tabela 8).

A distância de T:4 do seu recíproco (T:8) foi de 3,29 (Tabela 16), acima do limite 1,78 e a análise de contrastes apresentou diferença significativa para a variável número de vagens com três grãos (Tabela 8).



T: Tratamento; L = linhagem parental; F3 = população segregante.

FIGURA 5 - Dissimilaridade genética entre os 15 genótipos de soja considerando avaliação de 4 caracteres agrônômicos, nas safras 2023/24 e 2024/25, com base na distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento UPGMA.

A predominância de tons claros observados no heatmap (Figura 5), indicou que a maior parte das combinações apresentou valores inferiores a 3,41, evidenciando alta similaridade entre os tratamentos. Este comportamento é coerente com os resultados individuais de cada ano, nos quais as distâncias médias também indicaram redução progressiva da variabilidade genética entre as populações avaliadas. Os grupos formados pelo método Tocher apresentaram baixa divergência intragrupo e maior dissimilaridade intergrupo (Tabela 18). Este resultado indicou que, embora as populações apresentem maior similaridade, há variabilidade entre os tratamentos podendo ser utilizada dentro do programa.

Os pares recíprocos com maiores distâncias de Mahalanobis, na safra 2024/25, como observado entre os recíprocos T:2 x T:6 e T:3 x T:7 (Tabela 12) foram alocados em grupos distintos de Tocher (Tabela 13) e apresentaram contrastes significativos para ciclo (T:2 x T:6) e ciclo e altura de planta (T:3 x T:7) (Tabela 7). Por outro lado, pares de recíprocos com distâncias de Mahalanobis baixas como tratamento T:1 x T:5 foram alocados no mesmo grupo de Tocher na safra 2023/24 (Tabela 10) e em 2024/25 foram alocados em grupos distintos (Tabela 14), o que demonstrou alta influência ambiental e o limite para formação de grupos, na safra 2024/25 diminuiu significativamente, se comparado com a safra 2023/24, o que demonstrou uma redução significativa da variabilidade. Esta conclusão corroborou com a

análise de contrastes e convergiram para reciprocidade pouco expressiva, sendo confirmada apenas para a variável ciclo.

5 CONCLUSÕES

Diante da pesquisa realizada e dos experimentos conduzidos, chegou-se às seguintes conclusões:

As estimativas dos parâmetros avaliados, sugerem efeito recíproco para alguns tratamentos, entretanto, a não persistência deste efeito na safra 2024/25 sugere que para a maioria dos caracteres o efeito é de natureza fenotípica. Os resultados obtidos para os recíprocos 65488 (T:3) e 141022 (T:7) para as variáveis ciclo e altura de planta sugerem que há efeito recíproco para estas variáveis neste experimento.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AL-KHAYRI, J.; JAIN, S.; JOHNSON, D. (Eds.). **Advances in plant breeding strategies: Legumes**. Cham: Springer, 2019. p. 431-516. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/978-3-030-23400-3>. Acesso em: 10 fev. 2025.

ANDERSON, E. J. *et al.* Soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] breeding: history, improvement, production and future opportunities. In: AL-KHAYRI, J.; JAIN, S.; JOHNSON, D. (Eds.). **Advances in plant breeding strategies: Legumes**. Cham: Springer, 2019. p. 431-516. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-030-23108-8_16. Acesso em: 10 fev. 2025.

BADIARAJA, P. H.; ZUBAIDAH, S.; KUSWANTORO, H. Maternal effect of agronomic and morphological characters on cluster structure of F3 soybean lines. **Biodiversitas**, v. 22, n. 2, p. 112-120, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220253>. Acesso em: 10 fev. 2025.

BOARD, J. E.; TAN, Q. Crop ecology, production and management: Assimilatory Capacity Effects on Soybean Yield Components and Pod Number. **Crop Science**, v. 35, p. 846-851, 1995. Disponível em: <https://doi.org/10.2135/cropsci1995.0011183X003500030035x>. Acesso em: 10 fev. 2025.

BOAVENTURA, K. de J. *et al.* O papel da soja no desenvolvimento agrônomo do Cerrado brasileiro. **Fronteiras** (Unievangélica), v. 5, n. 2, p. 1-13, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.21664/2238-8869.2022v1i3.p47-68>. Acesso em: 10 fev. 2025.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Brasília, DF: Conab, v. 12, safra 2024/25, n. 8, maio 2025. Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/12o-levantamento-safra-2024-25/e-book_boletim-de-safras-12o-levantamento_2025.pdf. Acesso em: 10 fev. 2025.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. Brasília, DF: Conab, v. 12, safra 2024/25, n. 10, jul. 2025. Disponível em: https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/safra-de-graos/boletim-da-safra-de-graos/10o-levantamento-safra-2024-25/e-book_boletim-de-safras-10o-levantamento-2025.pdf. Acesso em: 10 fev. 2025.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Série histórica das safras: soja**. Brasília: Conab, 2020. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras/series-historicas>. Acesso em: 10 fev. 2025.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**, Brasília, DF, v. 12, safra 2024/25, n. 12, setembro 2025. Disponível em: <https://www.gov.br/conab/pt-br/atuacao/informacoes-agropecuarias/safras>. Acesso em: 10 fev. 2025.

COSTA, M. M. *et al.* Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1102,

nov. 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2004001100007>. Acesso em: 10 fev. 2025.

CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. 3ª ed. Viçosa: UFV. p. 121–122, 2014.

CRUZ, C. D. **Programa GENES: Biometria**. Viçosa, MT: Editora UFV, 2006. 382 p.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2001. 648 p.

CRUZ, C. D. *et al.* **Biometria aplicada ao melhoramento genético**. In: SILVA, F.; BORÉM, A.; SEDIYAMA, T.; LUDKE, W. (Eds.). **Melhoramento da soja**. Viçosa: UFV, 2017. p. 249-287.

EMBRAPA SOJA. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil**. Londrina: Embrapa Soja, Londrina, 2011.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. New York: Longman, 1996. 464 p.

FALEIRO, F. G. *et al.* Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 12, p. 1675-1680, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2002001200001>. Acesso em: 10 fev. 2025.

FARIAS, J. R. B.; NEPOMUCENO, A. L.; NEUMAIER, N. **Ecofisiologia da soja**. Circular Técnica, 48. Londrina: Embrapa Soja, 2007. 9 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. 12 p.

GILSINGER, J. J.; BURTON, J. W.; CARTER, T. E. Maternal effects on fatty acid composition of soybean seed oil. **Crop Science**, v. 50, p. 1196-1206, 2010. Disponível em: <https://www.ars.usda.gov/research/publications/publication/?seqNo115=244535>. Acesso em: 10 fev. 2025.

GOOGLE. EARTH [Imagem/Mapa da região de Rio Verde, GO]. 2025. Disponível em: <https://br.somemaps.com/satellite/brasil/goias/rio-verde/rio-verde/>. Acesso em: 10 fev. 2025.

GRIFFITHS, A. J. F. *et al.* **Introdução à genética**. 11. ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2022. 2036 p.

HAMAWAKI, O. T. *et al.* Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, v. 3, p. 76-83, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.14295/cs.v3i2.192>. Acesso em: 10 fev. 2025.

HIRAKURI, M. H.; LAZZAROTTO, J. J. **O agronegócio da soja nos contextos mundial e brasileiro**. Londrina: Embrapa Soja, 2014.

HAN, D. *et al.* Multi-Environment Evaluation of Soybean Variety Heike 88: Transgressive Segregation and Regional Adaptation in Northern China. **Agriculture**, v. 15, n. 20, art. 2106, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agriculture15202106>. Acesso em: 10 fev. 2025.

ISNAINI, A.; ZUBAIDAH, S.; KUSWANTORO, H. **Maternal effect of agronomical characters of F1 soybean derived from Panderman variety and CpMMV-resistant soybean lines.** In: Proceedings of the International Conference on Life Sciences and Technology (ICoLiST). AIP Conference Proceedings, v. 2231, art. 040053, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1063/5.0002443>. Acesso em: 10 fev. 2025.

KOGA, L. J. *et al.* Análise multivariada dos componentes de resistência à ferrugem asiática em tratamentos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 43, p. 1277-1286, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2008001000005>. Acesso em: 10 fev. 2025.

LYIMO, L.D; TAMBA, M. R; MADEGE, R. R. Effects of Genotype on yield and yield component of soybean. **African Journal of Agricultural Research**, v.12, p. 1930-1939, June, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.5897/AJAR2017.12177>. Acesso em: 10 fev. 2025.

MOURTZINIS, S; CONLEY, S.P. Delineating soybean maturity groups across the United States, **Crop Ecology and Physiology**, v.109, p. 1398-1403, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.2134/agronj2016.10.0581>. Acesso em: 10 fev. 2025.

MARTOS, G.; MUÑOZ, A.; GONZÁLEZ, J. **On the generalization of the Mahalanobis distance.** In: CIARP 2013, Part I. Lecture Notes in Computer Science, v. 8258, p. 125-132, 2013. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-642-41822-8_16. Acesso em: 10 fev. 2025.

MATSUO, E. *et al.* Hibridação. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja.** Londrina: Mecenaz, 2012. p. 57-72.

MEIER, C. *et al.* Performance agronômica e correlação linear entre componentes de rendimento da soja em segunda safra. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 4, p. 933-941, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.19084/RCA18155>. Acesso em: 10 fev. 2025.

MILADINOVIĆ, J. *et al.* New trends in plant breeding – example of soybean. **Genetika**, v. 47, n. 1, p. 131-142, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.2298/GENSR1501131M>. Acesso em: 10 fev. 2025.

MILLER, R. L. *et al.* Effect of unique cytoplasm in reciprocal crosses of soybean. **Crop Science**, v. 36, p. 1196-1206, 1996. Disponível em: <https://repository.lib.ncsu.edu/server/api/core/bitstreams/701e1894-bfcc-4242-9aa3-2de938f14ebd/content>. Acesso em: 10 fev. 2025.

MÜLLER, M. *et al.* Grain yield differences of soybean cultivars due to solar radiation interception. **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 2795-2810, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.4236/ajps.2017.811189>. Acesso em: 10 fev. 2025.

NEUMAIER, N. *et al.* Ecofisiologia da soja. In: SEIXAS, C. D. S. et al. (Eds.). **Tecnologias de produção de soja. Sistemas de Produção**, 17. Londrina: Embrapa Soja, 2020. p. 33-54. Disponível em: <https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/470308/ecofisiologia-da-soja>. Acesso em: 10 fev. 2025.

NOGUEIRA, M. C. S. Contrastes ortogonais: definições e conceitos. **Scientia Agricola**, v. 61, p. 118-124, 2004. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-90162004000100020>. Acesso em: 10 fev. 2025.

PELUZIO, J. M. *et al.* Genetic divergence among soybean cultivars in irrigated lowland in the State of Tocantins. Divergência genética entre cultivares de soja em várzea irrigada no Estado do Tocantins. **Ciência Rural**, v. 42, n. 3, p. 395-400, mar. 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012000300002>. Acesso em: 10 fev. 2025.

PRIOLLI, R. H. G. *et al.* Genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967-975, out. 2004. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/bitstream/123456789/41227/1/Caracteriza%C3%A7%C3%A3oFenot%C3%ADpicaDiversidade.pdf>. Acesso em: 10 fev. 2025.

PRADO, R. B. *et al.* **Proposta metodológica para mapeamento da demanda potencial de potássio para áreas agrícolas do Sudoeste Goiano, considerando uso, manejo e textura dos solos**. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 2011. (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 195).

PRIMOMO, V. S. *et al.* Genotype and Environmental Interactions, Stability and Agronomic Performance of Soybean with Altered Faty Acid Profiles. **Crop Science**, v. 42, p. 37-44, 2002. Disponível em: <https://doi: 10.2135/cropsci2002.3700>. Acesso em: 10 fev. 2025.

ROACH, D. A.; WULFF, R. D. Maternal effects in plants. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 18, p. 209-235, 1987. Disponível em: <https://doi: 10.1146/annurev.es.18.110187.001233>. Acesso em: 10 fev. 2025.

RAMALHO, M. A. P. *et al.* **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: UFLA, 2012. 522 p.

RAMALHO, M. A. P.; MARQUES, T. L.; LEMOS, R. C. Plant breeding in Brazil: retrospective of the past 50 years. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 21, supl. 1, e383021S3, 2021. Disponível em: <https://doi: 10.1590/1984-70332021v21Sa1>. Acesso em: 10 fev. 2025.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, 2000. Disponível em: <https://doi: 10.1590/S0100-204X2000001000010>. Acesso em: 10 fev. 2025.

RIGON, J.P.G. *et al.* Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v.59, n.2, p.233-240, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0034-737X2012000200012>. Acesso em: 10 fev. 2025.

RODRIGUES, J. I. da S. *et al.* Genetic divergence of soybean genotypes in relation to grain components. **Ciência Rural**, v. 47, p. 1-6, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20151258>. Acesso em: 10 fev. 2025.

ROCHA, C. G.; SANTANA, A. C.; SILVA, S. C. Territórios e fronteiras na conquista agrônômica do Cerrado brasileiro. **Fronteiras: Journal of Social, Technological and Environmental Science**, v. 11, n. 3, p. 47-68, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.15448/1980-864X.2025.1.46696>. Acesso em: 10 fev. 2025.

SANTANA, B.S.F., AMARAL, F.G. & CRUZ, C.B.M. 2022, 'Spatial Analysis of Soybean and Sugarcane Monocultures in the Goiás Landscape', **Anuário do Instituto de Geociências**, 45 :44825. https://doi.org/10.11137/1982-3908_45_44825.

SANTOS, E. R. *et al.* Divergência genética entre tratamentos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, v.7, n.2, p.247-254, 2012. Disponível em: <https://doi: 10.5039/agraria.v7i2a1560>. Acesso em: 10 fev. 2025.

SEDIYAMA, T. (Ed.). **Melhoramento genético da soja**. 1. ed. Londrina: Mecnas, 2015. p. 33-56.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C.; SEDIYAMA, H. A. **A soja**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Produtividade da soja**. Londrina: Mecnas, 2016. 310 p.

SILVA, A. C. *et al.* Genetic diversity, population structure in a historical panel of Brazilian soybean cultivars. **PLoS One**, v. 20, n. 1, e0313151, 2025. Disponível em: <https://doi: 10.1371/journal.pone.0313151>. Acesso em: 10 fev. 2025.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A. **Economic importance and evolution of breeding**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Soybean breeding**. 1. ed. Cham: Springer, 2017. p. 1–15.

SINGH, R. J.; HYMOWITZ, T. Soybean genetic resources and crop improvement. **Genome**, v. 42, p. 605-616, 1999. Disponível em: <https://doi: 10.1139/gen-42-4-605>. Acesso em: 10 fev. 2025.

SYUKUR M, SUJIPRIHATI S, YUNianti R. 2015. **Plant Breeding Techniques**. Bogor Agricultural University (IPB), Bogor. Disponível em: <https://doi: 10.1088/1755-1315/196/1/012009>. Acesso em: 10 fev. 2025.

SLEPER, D. A.; SHANNON, J. G. Role of public and private soybean breeding programs in the development of soybean varieties using biotechnology. **AgBioForum**, v. 6, p. 27-32, 2003. Disponível em: https://agbioforum.org/wp-content/uploads/2021/02/AgBioForum_6_12_27.pdf. Acesso em: 10 fev. 2025.

SCARTON, V. D. B. *et al.* Influence of meteorological variables and geographic factors in the selection of soybean lines. **Revista de Agricultura Neotropical**, v.10, n.3, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.32404/rean.v10i3.7246>. Acesso em: 10 fev. 2025.

TODESCHINI, M. H. *et al.* Superiority index based on target traits reveals the evolution of Brazilian soybean cultivars over the last half-century. **Ceres**, v. 68, n. 4, p. 343-352, jul./ago. 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/0034-737X202168040012>. Acesso em: 10 fev. 2025.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **Soybean Production, Marketing Costs, and Export Competitiveness in Brazil and the United States**. Dec, 2023. Report No. 262. 33 p. Disponível em: <https://www.usda.gov/>. Acesso em: 10 fev. 2025.

UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE (USDA). **Oilseeds and Products Annual – Brazil**. Brasília, 22 mar. 2024. Report No. BR2024-0003. 52 p. <https://www.usda.gov/>. Acesso em: 10 fev. 2025.

VARGAS-ALMENDRA, A. *et al.* Advances in soybean genetic improvement. **Plants**, v. 13, n. 3073, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13213073>. Acesso em: 10 fev. 2025.

VASCONCELOS, E. S. *et al.* Método alternativo para análise de agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, 2007. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2007001000008>. Acesso em: 10 fev. 2025.

YANG, Q. *et al.* Environmental and genetic regulation of plant height in soybean. **BMC Plant Biology**, v. 21, p. 1-15, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-021-02836-7>. Acesso em: 10 fev. 2025