

JOÃO MARCOS SOARES FERREIRA

**ÍNDICES DE SELEÇÃO BASEADOS EM VALORES GENOTÍPICOS
APLICADOS AO MELHORAMENTO DA SOJA PARA AUMENTO DO TEOR
DE PROTEÍNA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

Orientador: Felipe Lopes da Silva

Coorientador: Luiz Alexandre Peternelli

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2020**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

F383i
2020

Ferreira, João Marcos Soares, 1996-

Índices de seleção baseados em valores genotípicos aplicados ao melhoramento da soja para aumento do teor de proteína / João Marcos Soares Ferreira. – Viçosa, MG, 2020.
33 f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Felipe Lopes da Silva.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.29-33.

1. Soja - Melhoramento genético. 2. Diversidade Genética.
3. Zona da Mata (MG : Mesorregião). 4. Modelos multiníveis (Estatística). I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia. Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22 ed. 633.342


JOÃO MARCOS SOARES FERREIRA


**ÍNDICES DE SELEÇÃO BASEADOS EM VALORES GENOTÍPICOS
APLICADOS AO MELHORAMENTO DA SOJA PARA AUMENTO DO TEOR DE
PROTEÍNA**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 26 de março de 2020.

Assentimento:


João Marcos Soares Ferreira
Autor


Felipe Lopes da Silva
Orientador

Dedico essa dissertação primeiramente a Deus, aos meus pais e meus irmãos, aos demais familiares e amigos que me apoiaram nessa conquista...

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade e pela estrutura que possibilitou a realização de meu curso.

Ao Professor Felipe Lopes da Silva, pela oportunidade de trabalhar com a cultura da Soja e pelos anos de orientação, indispensáveis para meu amadurecimento e crescimento profissional e pessoal.

À toda a equipe do Programa Soja-UFV, pela ajuda na condução dos experimentos e nas análises, além da amizade e companheirismo.

Ao CNPq pelo suporte financeiro para a realização do trabalho e pela bolsa.

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

A todos os professores e funcionários da Universidade Federal de Viçosa que contribuíram para minha formação acadêmica e profissional.

Aos meus pais, Lúcia e Djalma, pelo incentivo e apoio durante toda minha jornada acadêmica, sem vocês não seria possível.

À minha família, pelo carinho e pela presença em minha vida embora tão distantes fisicamente.

Aos meus amigos que sempre me ajudaram no meu desenvolvimento pessoal e profissional.

RESUMO

FERREIRA, João Marcos Soares, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, março de 2020. **Índices de seleção baseados em valores genotípicos aplicados ao melhoramento da soja para aumento do teor de proteína.** Orientador: Felipe Lopes da Silva. Coorientador: Luiz Alexandre Peternelli.

A região da Zona da Mata de Minas Gerais apresenta participação significativa na produção mineira de aves de corte, suínos, e na produção leiteira. A alimentação proteica animal é na sua maioria à base de soja, que necessita ser importada das regiões produtoras que chega na região com alto custo. Dado o exposto, objetivou-se com o presente trabalho selecionar acessos de soja com alta porcentagem da proteína nos grãos via índice FAI-BLUP, para compor um programa de seleção recorrente de cultivares de soja adaptadas à região da Zona da Mata de Minas Gerais. Foram avaliados 162 acessos de soja nas cidades de Viçosa -MG (Local 1) e Coimbra – MG (Local 2), no delineamento de blocos aumentados (DBA) com sete blocos e seis tratamentos comuns. Foram avaliadas 14 características: a) número de dias para floração; b) número de dias para maturação; c) diâmetro de hipocótilo; d) altura de planta na maturação; e) altura de inserção de primeira vagem; f) número de nós na haste principal; g) número de hastes laterais; h) ângulo médio de acamamento; i) número de vagens por planta; j) número de sementes por vagem; k) massa de cem sementes; l) produção de grãos da parcela; m) teor de óleo nos grãos; n) porcentagem de proteína nos grãos (PRT). Foram realizadas seleção das características significativas via ANADEV. Nas variáveis significativas procedeu-se análise de trilha com posterior aplicação do índice FAI-BLUP. Ganho genético de 1,6674% foi obtido para a característica PRT ao selecionar 32 acessos de soja via índice FAI-BLUP, o que permite realizar melhoramento com esse grupo de indivíduos para PRT. Foram formados 9 grupos geneticamente distintos entre si via agrupamento de Tocher, para os 32 acessos de soja selecionados, caracterizando a presença de diversidade genética entre os acessos. Conclui-se que o índice FAI-BLUP foi eficiente na seleção de acessos de soja para PRT e esses apresentam variabilidade genética para compor um programa de seleção recorrente.

Palavras-chave: Zona da Mata de Minas.FAI-BLUP. Diversidade Genética. Alimentação animal. *Glicine max* (L.) Merr.

ABSTRACT

FERREIRA, João Marcos Soares, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, March, 2020. **Índices de seleção baseados em valores genotípicos aplicados ao melhoramento da soja para aumento do teor de proteína.** Advisor: Felipe Lopes da Silva. Co-advisor : Luíz Alexandre Peternelli.

The Zona da Mata region of Minas Gerais has a significant participation in the mining production of broilers, pigs, and dairy production. Animal protein feed is mostly soy-based, which needs to be imported from the producing regions that arrive in the region at high cost. Due to the above, the objective of this study was to select soybean accessions with a high percentage of protein in grains via FAI-BLUP index, to compose a recurrent selection program of soybean cultivars adapted to the Zona da Mata region of Minas Gerais. A total of 162 soybean accessions were evaluated in the cities of Viçosa -MG (Site 1) and Coimbra - MG (Site 2), in the design of increased blocks (DBA) with seven blocks and six common treatments. Fourteen characteristics were evaluated: a) number of days for flowering; b) number of days for maturation; c) hypocotyl diameter; d) plant height at maturation; e) first pod insertion height; f) number of nodes on the main rod; g) number of lateral rods; h) average angle of lodging; i) number of pods per plant; (j) number of seeds per pod; k) mass of one hundred seeds; l) grain production of the parcel; m) oil content in grains; n) percentage of protein in grains (PRT). Significant characteristics were selected via ANADEV. In the significant variables, the trail analysis was performed with subsequent application of the FAI-BLUP index. Genetic gain of 1.6674% was obtained for the PRT characteristic by selecting 32 soybean accessions via FAI-BLUP index, which allows improvement with this group of individuals for PRT. Nine genetically distinct groups were formed using the Tocher cluster for the 32 selected soybean accessions, characterizing the presence of genetic diversity among the accessions. It was concluded that the FAI-BLUP index was efficient in the selection of soybean accessions for PRT and these present genetic variability to compose a recurrent selection program.

Keywords: Zona da Mata de Minas.FAI-BLUP index.Genetical Diversity.Animal feed.*Glycine max* (L.) Merrill

SUMÁRIO

INTRODUÇÃO	8
2. MATERIAL e MÉTODOS	10
2.1 Material Genético	10
2.2 Execução Experimental	10
2.3. Características Avaliadas	11
2.4 Análises Estatísticas	12
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	15
4. CONCLUSÃO	28
5. REFERÊNCIAS.....	29

INTRODUÇÃO

A agricultura na região da Zona da Mata de Minas Gerais é caracterizada pelas atividades relacionadas à pecuária leiteira, à produção de suínos e de frangos de corte. O rebanho leiteiro nesta região representa 10% do total ordenhado no estado de Minas Gerais e possui 17,9% dos laticínios do estado mineiro. Esses dados fazem com que esta seja responsável por 9,0% da produção do estado. Quanto a produção de frangos de corte e suínos a região da Zona da Mata de Minas contribui com respectivamente 9,0% e 23% frente a produção do estado para o ano de 2018 segundo dados da Secretaria do Estado de Agricultura, Pecuária e Abastecimento de Minas Gerais, expressando sua importância na cadeia produtiva (SEAPA, 2020).

Visando a alimentação desses animais, a soja se destaca como a principal fonte proteica, sendo utilizada, em sua maioria, na forma de grãos ou farelo. Cuidados especiais devem ser observados quanto a alimentação de animais monogástricos, como aves e suínos, devido aos fatores antinutricionais presentes nos grãos de soja como os inibidores de proteases, as lectinas ou hemaglutininas, as saponinas e as proteínas alergênicas (LEITE, 2012). Neste caso, no processo de fabricação do farelo de soja utiliza-se a tostagem para desativação desses fatores antinutricionais.

Na alimentação de bovinos, trabalhos têm demonstrado a eficiência do uso de soja integral, (FREITAS JÚNIOR et al., 2013; ALMEIDA et al., 2016). Contudo, a utilização do grão de soja integral conjuntamente com o fornecimento de ureia deve ser evitada, devido à uréase presente no grão promover o desdobramento da mesma em amônia, que por sua vez é tóxica ao animal (TEIXEIRA, 1998; ROSTAGNO et al., 2005).

Segundo dados da Abiove (ABIOVE, 2020), o estado de Minas Gerais possui apenas cinco indústrias de processamento de soja, todas localizadas na região do Triângulo Mineiro. Isso implica que, para abastecer as propriedades produtoras da região da Zona da Mata de Minas Gerais, tanto o grão de soja quanto o farelo devem ser importados dessa ou de outras regiões fora do estado de Minas Gerais como, por exemplo, das indústrias de processamento de soja do centro do estado de São Paulo.

Neste sentido justifica-se o incentivo ao desenvolvimento da sojicultura na região da Zona da Mata Mineira, visando a produtividade de grãos e o aumento do seu teor de proteína, para atendimento à demanda do setor pecuário.

Programas de melhoramento de soja têm investido em pesquisas para o desenvolvimento de cultivares com alto teor de óleo e de proteína nos grãos (SILVA, 2015;

DEL CONTE, 2017). Atualmente, os cultivares comerciais apresentam, na composição média dos seus grãos, cerca de 40% de proteína (Lazzarotto e Hirakuri, 2010; Bezerra, 2015). Por ser uma característica de natureza quantitativa, o teor de proteína apresenta forte influência ambiental. As variações do meio no período de enchimento de grãos estão diretamente ligadas às alterações no teor de proteína, o que justifica realizar a seleção na região de destino dos futuros cultivares (BENZAIN E LANE, 1986; ÁVILA et al., 2007; ALBRECHT et al., 2008; PÍPOLO, A. E. e MANDARINO, J.M.G., 2016).

Outra justificativa para a implantação de programas de melhoramento na região alvo para aumento do teor de proteína nos grãos de soja, é o fato de que, dos fatores ambientais que mais afetam o teor de proteína, pode-se citar o estresse por temperatura e o estresse hídrico. Quanto maior a temperatura ambiental no local de cultivo, maior o aumento no teor de proteína, possivelmente relacionado ao fato de haver uma redução nos valores de matéria seca no grão e um aumento no acúmulo de proteínas de reserva, como a glicinina (Pípolo et al., 2002; GONÇALVES, C.A., 2002; RANGEL et al., 2004).

Apesar da porcentagem de proteína nos grãos ser altamente influenciada pelo meio, buscar genótipos com capacidade de expressar maior valor para tal característica é fundamental para atender as exigências do mercado consumidor. Em estudo conduzido pelos pesquisadores da Embrapa (2015) aponta que existe um decréscimo no teor de proteína nos grãos ao longo dos anos. Os cultivares plantados na década de 1990 eram capazes de produzir farelos de soja com teores de 46% de proteína. No entanto os cultivares modernos apresentam dificuldade de atender o valor mínimo de 36% de proteína nos grãos, valor considerado adequado para obter um farelo de boa qualidade.

Para realizar melhoramento sobre essas características altamente influenciadas pelo ambiente são indicadas técnicas baseadas na seleção para características com altas herdabilidade e aproveitamento da correlação com a característica alvo. Essas técnicas permitem obter ganhos indiretos de seleção à característica de interesse, ao realizar seleção sob características secundárias com menor influência do ambiente. Contudo, a tomada de decisão para selecionar um genótipo geralmente é realizada com base em várias características, sendo necessário a aplicação de índices de seleção, tais como o proposto por Smith (1936) para o melhoramento de plantas, e por Hazel (1943) para o melhoramento animal.

No entanto, selecionar com base em multicaracterísticas pode carregar o efeito de multicolinearidade entre as características, o que dificulta a aplicação dos índices de seleção simultânea, proporcionando índices menos confiáveis (CARVALHO, 1995).

O índice FAI-BLUP (*Factor analysis and ideotype-design*) proposto por Rocha et al. (2017), apresenta a capacidade de contornar problemas de multicolinearidade, bem como a da subjetividade de atribuição de pesos econômicos usados comumente nos índices de seleção. Este índice considera, primeiramente, a análise de fatores exploratória, em seguida, ocorre a determinação do ideótipo com base na combinação de características ou fatores desejáveis e indesejáveis para o objetivo do programa de melhoramento genético. Posteriormente, são estimadas as distâncias genótipo-ideótipo, que serão convertidas em uma probabilidade espacial, o que permite ranquear os genótipos. Como o índice considera as correlações obtidas dos dados é possível ter uma maior proximidade entre os genótipos selecionados e o ideótipo de interesse (ROCHA et al. 2017; NUNES, 2017).

Dado o exposto, objetivou-se com o presente trabalho selecionar acessos de soja com alta porcentagem de proteína nos grãos, na região da Zona da Mata de Minas Gerais, via índice FAI-BLUP para compor um programa de seleção recorrente.

2. MATERIAL e MÉTODOS

2.1 Material Genético

Foram submetidos à avaliação 162 acessos de soja provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de Soja (BAG) do Departamento de Agronomia (DAA) da Universidade Federal de Viçosa. Esses acessos representam uma amostra das cultivares plantadas no Brasil, com grupo de maturidade relativa que variam de 5.0 a 9.0, conforme detalhado por Alliprandini et al. (2009).

2.2 Execução Experimental

O trabalho foi conduzido no ano agrícola de 2014/2015 em dois municípios da Zona da Mata de Minas Gerais: Viçosa, coordenadas 20°45'14''S, 42°52'55''W e altitude de 648 metros; e, Coimbra, coordenadas 20° 51'24''S, 42°48'10''W e altitude de 720 metros.

Devido ao número limitado de sementes de alguns acessos e o grande número de tratamentos testados, o delineamento utilizado foi o de blocos aumentados de Federer (Federer, 1955), com sete blocos, seis acessos comuns e 156 não-comuns.

No ensaio implantado em Viçosa, as parcelas experimentais foram compostas por uma fileira de um metro de comprimento, espaçadas em 0,70 metros via sistema de plantio convencional. Já no ensaio implantado em Coimbra adotou-se o sistema de plantio direto com parcelas de um metro linear, espaçadas em 0,45 metros. A diferença entre os sistemas de cultivos e espaçamento de linhas ocorreu em virtude das práticas culturais comumente

adotadas em cada local. A densidade de plantio foi de 222 mil plantas/ha em ambos os ambientes.

As práticas e operações de manejos foram adotadas conforme surgiam as demandas pela cultura no campo, visando proporcionar o melhor desenvolvimento dos genótipos, seguindo as recomendações propostas por SEDIYAMA et al. (2015).

2.3. Características Avaliadas

Foram tomadas três plantas representativas dentro da parcela para a realização das avaliações e foram utilizadas as médias das observações da parcela para a realização das análises. As três plantas representativas foram selecionadas quatorze dias após a emergência, momento em que, apresentavam-se sadias com potencial para completar o ciclo de vegetação e reprodução.

Avaliou-se as seguintes características:

a) Número de dias para o florescimento (NDF) – contabilizado desde a emergência até o florescimento de mais de 50% das plantas da parcela.

b) Ângulo de acamamento (ACM) – foi mensurado o ângulo médio formado entre a haste principal das plantas e a superfície do solo, avaliado no momento da colheita (estádio R8). Para a mensuração foi utilizado um equipamento com cinco partições iguais somando angulação máxima de 90°.

c) Número de dias para a maturação (NDM) - número de dias contados desde a emergência até quando mais de 50% das plantas da parcela atingiram o estágio R8 segundo Fehr e Caviness (1977).

d) Diâmetro do hipocótilo na maturação (DHI) - medido, em milímetros, na região logo abaixo ao ponto de inserção dos cotilédones e acima das raízes, com auxílio de paquímetro digital.

e) Altura da planta na maturação (APM) - medida, em centímetros, da base da planta que estava em contato com o solo até a extremidade da haste principal.

f) Altura de inserção da primeira vagem (AIV) - distância, em centímetro, da base da planta que estava em contato com o solo, à primeira vagem das plantas.

g) Número de nós na haste principal (NHP) - número de nós contados a partir da marca da folha unifoliolada até o último nó da haste.

h) Número de hastes laterais (NHL) - número de hastes laterais presentes em toda extensão da haste principal.

i) Número de vagens por planta (NVP) – contagem do número de vagens presentes em uma planta.

j) Número de sementes por vagem (NSV) – número médio de sementes por vagem na planta.

k) Massa de cem sementes (MCS) - massa, em gramas, de uma amostra de 100 sementes da parcela.

l) Produção (PRD) – produção total, em gramas da parcela.

m) Teor de óleo (OLE) - porcentagem de óleo presente no grão, obtido via Ressonância Magnética Nuclear (NMR - Nuclear Magnetic Resonance MQC 2327) utilizando o aparelho da marca Oxford Instruments.

n) Teor de proteína (PRT) - determinação da porcentagem de proteína presente nos grãos utilizando o método de Kjeldahl, conforme recomendação da Association of Official Analytical Chemist (1975) e Vitt et al. (2001).

2.4 Análises Estatísticas

Os dados foram submetidos à metodologia de modelos mistos REML/BLUP (Máxima Verossimilhança Restrita/Melhor Predição Linear Não Viesada) via software SELEGEN (RESENDE, 2007b) para estimação dos componentes genotípicos, correlações genotípicas e parâmetros genéticos. Para tanto, adotou-se um modelo que fosse capaz de ajustar as informações dos tratamentos não comuns, preconizado por Resende (2007), dado por:

$$y = Xf + Zg + Wb + Ti + e, \text{ onde:}$$

y é o vetor de dados, f é o vetor dos efeitos de ambientes assumidos como fixos, b é o vetor de blocos assumidos como aleatórios, g é o vetor dos efeitos genotípicos assumidos como aleatórios, i é o vetor de dos efeitos da interação genótipos x ambientes (GxA) (aleatório), e é o vetor de erros ou resíduos (aleatório). X , Z , W e T são matrizes de incidência para os respectivos vetores de efeitos.

Posteriormente realizou-se o teste da razão de verossimilhança (LRT) para o efeito de genótipo nas quatorze variáveis analisadas. Este teste é denominado de análise de deviance (ANADEV). Ele permite avaliar a significância dos efeitos aleatórios do modelo em estudo e foi realizado conforme proposto por Resende et al. (2015).

A ANADEV é uma estatística que deriva da razão entre as deviances ou as verossimilhanças do modelo reduzido na ausência do efeito que se deseja testar (neste caso

para genótipo) e do modelo completo. A significância é testada pelo teste de Qui-quadrado a um grau de liberdade.

De posse das correlações genotípicas realizou-se uma análise de trilha via software GENES (CRUZ, 2013), apenas com as características que apresentaram significância na ANADEV.

A análise de trilha permite entender as causas envolvidas nas associações entre características. Também permite decompor as correlações em efeitos do tipo direto e indireto da característica principal, adotada neste trabalho como sendo a porcentagem de proteína nos grãos. O estudo de trilha foi realizado para a seleção das características que apresentaram efeito direto de maior magnitude sobre a porcentagem de proteína nos grãos, direcionando os esforços das análises de seleção apenas para essas variáveis.

A seleção dos melhores acessos com maiores valores de porcentagem de proteína nos grãos, foi realizado com base no índice FAI-BLUP, proposto por Rocha et al. (2017). A estimação dos melhores acessos foi procedida com as informações genotípicas da característica principal, teor de proteína (PRT) e aquelas que apresentaram efeito direto de maior magnitude com PRT. A análise foi realizada com a rotina disponibilizada por Rocha et al. (2017), com auxílio do programa R versão 3.5.1 (R CORE TEAM, 2020).

Primeiramente foi executada a análise exploratória de fator, a fim de identificar os principais fatores relacionados ao conjunto de variáveis, realizando uma redução dimensional do número de características.

Posteriormente, foi estimado o número de ideótipos possíveis, calculados conforme a seguinte função:

$$NI = 2^n \text{ em que:}$$

NI é o número de ideótipos; e, n é o número de fatores

O número de fatores (n) é igual ao número de componentes principais que apresentam autovalores maiores que a unidade (KAISER, 1958) na análise exploratória de fatores previamente estimada.

Os escores fatoriais são obtidos de uma combinação linear de padrões entre os valores genéticos (BLUP), que são ponderados por cargas canônicas obtidas da análise exploratória de fatores. Com isso, um fator é classificado como desejável ou indesejável.

Nesse sentido os NI ideótipos serão uma combinação entre os fatores. Se $n = 2$ temos então que $NI = 2^2 = 4$ ideótipos, estes são apresentados na Tabela 1.

Tabela 1. Exemplo hipotético de NI = 4, para dois fatores em questão

Ideótipo	Fator 1	Fator 2
Id1	Desejável	Desejável
Id2	Desejável	Indesejável
Id3	Indesejável	Desejável
Id4	Indesejável	Indesejável

Id1: ideótipo 1; Id2: ideótipo 2; Id3: ideótipo 3; Id4: ideótipo 4.

Como exemplo, vamos tomar as características: produtividade, número de grãos por vagem, dias para florescimento e dias para maturação em soja. Para o fator I nomeado rendimento, temos as características produtividade e números de grãos por vagem e para o fator II nomeado ciclo, temos as características dias para florescimento e dias para maturação. Um ideótipo desejável para o fator rendimento é aquele entre os genótipos avaliados, que apresentar maior valor genotípico para produtividade e para número de grãos por vagem (máximo). Para o fator ciclo o ideótipo desejável é aquele que apresentar menor valor de BLUP para dias para florescimento e dias para maturação uma vez que é desejável em um programa de melhoramento de soja a redução de ciclo.

Por fim para estimação do índice FAI-BLUP é estimada a distância genótipo-ideótipo e então convertida em probabilidade espacial segundo a função:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}}, \text{ no qual,}$$

P_{ij} é a probabilidade do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao j -ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} é a distância genótipo-ideótipo do i -ésimo genótipo ao j -ésimo ideótipo com base na distância euclidiana média padronizada.

Os valores das probabilidades espaciais foram utilizados para elaboração do ranking dos acessos superiores.

Foi aplicado ainda as características de maior efeito direto em relação a característica principal PRT, o índice de seleção aditivo genético (IAG) com intuito de comparação da informação obtida via FAI-BLUP. Para execução do IAG foi utilizado o software Selegen RELM/BLUP (Resende, 2007b), segundo o modelo 1 previamente descrito. O índice aditivo (I) construído com base na metodologia RELM/BLUP é dado por:

$$I_j = \sum_{k=1}^n [(W_k \times C_k) \times (VG_j \times C_k)], \text{ onde:}$$

k é a k -ésima característica que irá compor o índice, j é o j -ésimo genótipo, W_k é peso econômico relativo aplicado a característica na seleção, C é média da característica de interesse, VG é o valor genotípico do acesso.

Os pesos econômicos (W_k) foram adaptados da metodologia proposta por Viana e Resende (2014). Foram utilizados os efeitos diretos, obtidos das análises de trilha das características que apresentaram correlação com porcentagem de proteína nos grãos. As estimativas dos pesos econômicos foram obtidas por:

$$W_k = \frac{r_{xk}}{1 + \sum_{k=1}^n r_{xk}}$$

Em que,

r_{xk} é o valor do efeito direto, em módulo, da k -ésima característica sob porcentagem de proteína nos grãos (x), sendo $k \neq x$.

O peso econômico adotado para a característica principal foi obtido por:

$$W_x = \frac{1}{1 + \sum_{k=1}^n r_{xk}}$$

Para verificar a existência de diversidade genética entre os acessos selecionados quanto às características utilizadas na triagem, foi obtida a matriz de distância euclidiana média para os 32 acessos selecionados. O método de otimização de Tocher, descrito por Cruz, Regazzi e Carneiro (2012) foi utilizado visando quantificar a diversidade entre os acessos selecionados. A obtenção da matriz de distância, bem como o agrupamento de Tocher descrito por Cruz et al. (2014) foram realizados com o auxílio do programa Genes (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O resultado da análise de deviance (ANADEV) para as características avaliadas são apresentados na Tabela 2. Verificou-se que apenas as características número de dias para maturação e acamamento não apresentaram variabilidade genética entre os acessos em estudo. Desta forma essas características foram descartadas a fim de uso na sequência das análises, uma vez que, para que seja possível realizar seleção deve existir variabilidade da característica entre os genótipos.

As características número de dias para floração e teor de proteína nos grãos apresentaram diferença significativa a 5% e 10% de probabilidade (Qui-quadrado igual a 5,83 e 3,64 respectivamente; g.l. = 1). As demais características apresentaram significância a 1%. Esses resultados indicam que os respectivos componentes de variância genética das características são significativamente diferentes de zero o que permite realizar seleção de genótipos dentro desse conjunto de características (PIMENTEL, 2014).

Tabela 2. Análise de Deviance (ANADEV) para quatorze características agronômicas avaliadas na cultura da soja

Características	NDF	NDM	DHI	APM	AIV	NHP	NHL
Mod. completo	2217,06	2396,58	1062,86	2758,99	1737,97	1666,15	1159,16
Mod. reduzido	2222,89	2397,36	1072,65	2860,7	1762,77	1686,81	1166,22
LRT	5,83*	0,78 ^{ns}	9,79**	101,71**	24,8**	20,66**	7,06**
σ_g^2	18,37*	12,14 ^{ns}	1,35**	407,51**	13,68**	4,65**	1,58**
Características	ACM	NVP	NSV	MCS	PRD	OLE	PRT
Mod. completo	2617,23	3564,55	-738,19	1524,56	6273,47	716,46	1418,42
Mod. reduzido	2617,28	3583,76	-726,92	1540,89	6281,02	742,19	1422,06
LRT	0,05 ^{ns}	19,21**	11,27**	16,33**	7,55**	25,73**	3,64 ⁺
σ_g^2	1,85 ^{ns}	764,32**	0,01**	4,29**	463137,2**	0,95**	1,54 ⁺

⁺, *, ** significativo estatisticamente (χ^2 ; g.l. = 1) a 10%, 5% e 1% de probabilidade respectivamente; NDF: número de dias para floração; NDM: número de dias para maturação; DHI: diâmetro de hipocótilo; APM: altura de planta na maturação; AIV: altura de inserção de primeira vagem; NHP: número de nós na haste principal; NHL: número de hastes laterais; ACM: ângulo médio de acamamento; NVP: número de vagens por planta; NSV: número de sementes por vagem; MCS: massa de cem sementes; PRD: produção de grãos da parcela; OLE: teor de óleo nos grãos; PRT: porcentagem de proteína nos grãos.

Para estimar as correlações genéticas entre as características foram utilizados os valores genotípicos (BLUP's) extraídos da ANADEV (Tabela 3). Foi observado uma correlação positiva de 0,55 entre número de dias para floração (NDF) e altura de planta na maturação. Essa correlação é esperada, dado que em soja, para genótipos do tipo de crescimento determinado o crescimento é interrompido finalizando a haste principal com um racemo floral. Para genótipos do tipo indeterminado o crescimento se prolonga mesmo após o florescimento, uma vez que, ao entrar em estágio reprodutivo os gastos energéticos são direcionados para a produção de flores e frutos o crescimento vegetativo torna-se reduzido justificando uma correlação positiva (SEDIYAMA et al., 2015; TAIZ et al., 2017).

Em contrapartida, foi encontrado uma correlação de mesma magnitude, porém negativa (-0,57) entre NDF e massa de cem sementes. Genótipos com maiores valores de NDF implicam em maior probabilidade de sofrerem algum tipo de estresse biótico ou abiótico durante sua fase reprodutiva. Como exemplo, estresse por calor é justificativa

plausível a menor massa de grãos e a correlação negativa, uma vez que o calor se relaciona inversamente a massa seca dos grãos (PÍPOLO et al., 2002).

Uma correlação de alta magnitude foi encontrada entre altura de plantas na maturação (APM) e número de nós na haste principal (NHP). Este valor de correlação é condizente, haja vista que, em condições de cultivo seguindo os critérios agrônômicos o crescimento da planta é adequado e as plantas não sofrem estiolamento. Logo, se um acesso apresenta maior APM espera-se que o mesmo apresente maior NHP.

Um valor de correlação de -0,41 é observado entre número de vagens por planta e teor de proteína nos grãos. Essa correlação negativa pode estar associada a formação de vagens apresentar maior importância evolutiva para a planta em relação a proteína. Tal fato pode ser justificado por Sales, et al. (2016) que avaliou o teor de proteína em diferentes posições da planta de soja e observou maiores valores de proteína no terço superior, quando do enchimento de grãos deste terço da planta já não ocorre formação de vagens e competição energética por produção de proteína. Outra observação é o maior número de cultivares do tipo de crescimento indeterminado apresentando menor teor médio de proteína nos grãos para as cultivares modernas em relação àquelas cultivadas na década de 1990 que apresentavam maior teor de proteína e um maior número de cultivares do tipo de crescimento determinado (EMBRAPA, 2015).

Tabela 3. Coeficientes de correlação genética entre oito características agrônômicas, avaliadas na cultura da soja.

Caract.	DHI	APM	AIV	NHP	NHL	NVP	NSV	MCS	PRD	OLE	PRT
NDF	0,3481	0,5529	0,3666	0,4683	0,0600	0,3706	0,0355	-0,5781	-0,0609	-0,1635	-0,2678
DHI		0,4051	0,1492	0,3673	0,3315	0,5700	0,1461	-0,2479	0,1831	0,0459	-0,2385
APM			0,5640	0,8139	0,0207	0,3328	0,0966	-0,5757	0,0638	-0,0178	-0,2092
AIV				0,4229	-0,0249	0,0026	0,0307	-0,4016	-0,0991	-0,0922	-0,0903
NHP					0,0196	0,3768	0,126	-0,5238	0,0624	-0,0411	-0,1436
NHL						0,2832	-0,2873	0,0279	0,1505	-0,003	-0,0214
NVP							0,0632	-0,4134	0,5109	0,114	-0,4182
NSV								-0,1815	0,1318	0,1956	-0,1213
MCS									0,1183	0,0831	0,2617
PRD										0,1997	-0,2313
OLE											-0,5114

NDF: número de dias para floração; DHI: diâmetro de hipocótilo; APM: altura de planta na maturação; AIV: altura de inserção de primeira vagem; NHP: número de nós na haste principal; NHL: número de hastes laterais; NVP: número de vagens por planta; NSV: número de sementes por vagem; MCS: massa de cem sementes; PRD: produção de grãos da parcela; OLE: teor de óleo nos grãos; PRT: porcentagem de proteína nos grãos.

Produção de grãos (PRD) correlacionou-se positivamente com número de vagens por planta (NVP), o que é esperado, uma vez que, em condições favoráveis de desenvolvimento todas as vagens produzidas pela planta tendem a ser preenchidas por grãos. Lima et al.,

observou em seu trabalho que independentemente do modo de cultivo, ao apresentar maior NVP é encontrado maior PRD.

Na Tabela 4 são apresentados os coeficientes de correlação genética e efeitos diretos das características sob teor de proteína nos grãos (PRT). Verificou-se que as características NDF, NVP, MCS e teor de óleo nos grãos (OLE), apresentaram efeito direto significativo e no sentido favorável a seleção sobre a característica principal PRT. Essas variáveis foram selecionadas para compor o índice FAI-BLUP, uma vez que ao praticar seleção com base nessas características implica-se em seleção indireta na característica principal PRT.

A característica NDF apresentou correlação negativa de -0,2678 sobre a característica principal PRT (Tabela 3). Contudo, selecionar genótipos para PRT com base em NDF é praticável, uma vez que é de interesse selecionar genótipos com menor NDF. Apesar de NDF apresentar uma correlação negativa com uma magnitude relativamente baixa, o efeito direto sobre a característica principal PRT foi de -0,2290, representando 85,51% do efeito total. Em trabalho realizado por Miranda (2006) foi obtido correlação de -0,2620 entre NDF e PRT bem como efeito direto de -0,2430 o que corrobora com os valores encontrados no presente estudo.

Tabela 4. Coeficientes de correlação genotípica e efeitos diretos de 11 características sobre a característica teor de proteína nos grãos

Características	NDF	DHI	APM	AIV	NHP	NHL
Correlações	-0,2678	-0,2385	-0,2092	-0,0903	-0,1436	-0,0214
Efeito direto	-0,2290	-0,0153	-0,0169	-0,0633	0,1424	0,0856
Características	NVP	NSV	MCS	PRD	OLE	
Correlações	-0,4182	-0,1213	0,2617	-0,2313	-0,5114	
Efeito direto	-0,2735	0,0444	0,1063	-0,0430	-0,5259	
R ²	0,4677					
Efeito residual	0,7295					

NDF: número de dias para floração; DHI: diâmetro de hipocótilo; APM: altura de planta na maturação; AIV: altura de inserção de primeira vagem; NHP: número de nós na haste principal; NHL: número de hastes laterais; NVP: número de vagens por planta; NSV: número de sementes por vagem; MCS: massa de cem sementes; PRD: produção de grãos da parcela; OLE: teor de óleo nos grãos; PRT: porcentagem de proteína nos grãos.

Para a característica diâmetro de hipocótilo (DHI), esta apresenta uma correlação de baixa magnitude de -0,2385 e um efeito direto de -0,0153. O mesmo é observado para altura de plantas na maturação (APM) que apresenta correlação de baixa magnitude (-0,2092) e efeito direto nulo (-0,0169). Para altura de inserção de primeira vagem (AIV) foi obtido correlação de -0,0903 e efeito direto de -0,0633, seguido de produção de grãos (PRD) com correlação (-0,2313) e efeito direto (-0,0430) com a característica principal, teor de proteína nos grãos (PRT). Quando as características não apresentam alta correlação favorável e efeito

direto baixo, o uso dessas características para seleção indireta não é viável, sendo indicado descartá-las na seleção simultânea de características (CRUZ et al., 2012).

As características número de nós na haste principal, número de hastes laterais e número de sementes por vagem não apresentaram relação de causa e efeito sobre a característica PRT, uma vez que, apresentaram correlação em sentido oposto ao efeito direto, não implicando em ganho indireto de seleção para PRT (CRUZ et al., 2012).- Em trabalho realizado por Miranda (2006) NHP e PRT não apresentaram relação de causa e efeito corroborando com a informação obtidas pelo presente trabalho.

A correlação entre NVP e PRT foi de -0,4182 e um efeito direto de -0,2735. A literatura propõe que sejam usadas, para seleção indireta, características que apresentem alta correlação e efeito direto em mesmo sentido implicando em relação de causa e efeito sobre a característica principal (CRUZ et al. 2012; NOGUEIRA et al., 2012). Para as características em estudo, NVP não apresenta correlação de alta magnitude com PRT, porém apresentam relação de causa e efeito pelo fato de a correlação e o efeito direto estarem em mesma direção e sentido. É observado também 65,39% de representatividade do efeito direto sobre o efeito total, o que implicou em selecionar NVP para compor o índice de seleção.

A característica MCS apresentou correlação no mesmo sentido de seleção que PRT com valor de 0,2617 e um efeito direto de 0,1063, representando relação de causa e efeito, sendo também selecionada para compor o índice de seleção.

Por fim, a característica teor de óleo nos grãos (OLE) foi a característica que apresentou maior correlação com PRT (-0,5114), bem como um efeito direto de -0,5259. Por apresentar uma correlação alta e efeito direto sobre PRT, a característica OLE apresenta representatividade em um índice de seleção. Um programa de melhoramento genético de soja com foco em proteína consequentemente irá diminuir os valores de óleo nos grãos, uma vez que independente do ambiente de cultivo e das condições climáticas, valores de correlação com magnitude alta e negativa são encontradas na literatura. Em trabalho realizado por Bonato et al. (2000) foi encontrado um valor de correlação fenotípica entre OLE e PRT de -0,56. Já em estudo conduzido por Del Conte (2017) um valor de -0,69 de correlação para as características em questão foi observado ao avaliar progênies F1s de soja. Os resultados de correlação obtidos no presente estudo estão de acordo com os encontrados na literatura e a causa é justificada por OLE e PRT competirem pelos esqueletos de carbono. Mudanças no balanço de carbono e nitrogênio disponíveis, influenciam essa competição por esqueletos carbônicos na biossíntese de OLE e PRT, dado que com um aumento da disponibilidade de nitrogênio, um aumento de glutamina ocorre e a rota biossintética

favorecida e a de produção de proteína (HANSON et al., 1991; PÍPOLO et al., 2002; ALBRECHT et al., 2008; LIANG et al., 2010; HWANG et al., 2014).

Para selecionar genótipos superiores, é necessário que este reúna uma série de características favoráveis ao objetivo do programa. Portanto, praticar seleção simultânea de um conjunto de variáveis de importância econômica e agrônômica, permite maximizar as chances de sucesso de seleção de um programa de melhoramento (VOLPATO, 2016). De posse dos valores genotípicos dos acessos de soja em estudo, realizou-se a predição do ganho genético com a seleção, via índice aditivo genético (IAG), considerando os pesos 0,107, 0,128, 0,050, 0,246, 0,468, para as respectivas características NDF, NVP, MCS, OLE e a característica principal PRT (Tabela 5).

Após aplicar os índices de seleção foi praticado uma pressão de seleção de 20% sobre o total de acesso a fim de selecionar os de melhor potencial para compor um programa de seleção recorrente para teor de proteína nos grãos.

Tabela 5. Seleção dos 32 melhores acessos de soja, via Índice Aditivo Genético (IAG), de acordo com os valores genotípicos para as variáveis número de dias para florescimento (NDF), número de vagens por planta (NVP), massa de cem sementes (MCS), teor de óleo nos grãos (OLE), porcentagem de proteína nos grãos (PRT).

Ordem	Acesso	Valores genotípicos em cada características					IAG
		NDF	NVP	MCS	OLE	PRT	
1	63	58,2011	114,2293	13,3193	18,6958	46,2317	27,7337
2	37	60,8838	110,8661	11,9248	17,5387	45,0427	27,0248
3	119	54,0466	98,2767	15,0740	18,7703	44,6650	26,8244
4	47	55,4509	107,5403	16,2188	19,1534	44,5028	26,4768
5	109	55,4048	102,6293	15,3595	19,7125	44,7320	26,4757
6	149	57,5454	139,1069	14,2521	19,9402	45,1576	26,3331
7	8	53,7556	118,4629	13,8766	19,9808	44,6659	26,2331
8	64	55,6355	102,9064	12,6919	18,7257	44,0720	26,1679
9	154	51,3579	119,0827	15,9767	20,3132	44,4827	26,1572
10	33	57,7146	109,8432	15,3352	18,5544	44,0299	26,1489
11	68	57,4465	123,5064	14,1311	19,3956	44,4089	26,0326
12	25	58,7357	105,2209	16,7024	19,8202	44,3279	25,9976
13	13	54,0574	128,5710	16,2247	19,7439	44,2599	25,9904
14	89	58,7658	125,3873	14,2056	19,4670	44,4475	25,9688
15	148	59,0545	129,0007	13,5646	19,8313	44,6177	25,9174
16	10	54,9629	126,4599	16,1839	20,0489	44,3279	25,9144
17	4	62,3576	110,3373	13,3930	19,1095	44,2610	25,8583
18	95	53,4839	118,2231	14,7378	20,5699	44,3795	25,8504
19	18	55,4156	137,5909	13,1910	19,7984	44,3959	25,8376
20	84	57,7094	120,0137	14,4523	19,9790	44,3795	25,8368
21	108	54,9521	115,3570	18,5485	20,8479	44,3270	25,8144
22	49	53,0363	94,7454	16,1722	20,8608	44,0979	25,773

Continua...

23	79	58,1622	163,4514	12,5529	19,0477	44,3795	25,7419
24	12	54,2083	122,3012	15,6673	20,5146	44,1929	25,6927
25	146	59,9600	127,0797	13,6811	19,1559	44,0778	25,6921
26	116	57,8194	108,4500	14,4700	20,2897	44,1931	25,6623
27	29	55,3000	122,8300	18,1319	19,6381	43,6930	25,6312
28	121	57,6685	124,1869	13,0619	20,2870	44,3270	25,6082
29	113	56,7631	116,9575	14,7069	20,4395	44,1921	25,6049
30	7	55,4156	154,7979	15,3624	19,7712	44,1260	25,5875
31	11	54,3592	113,5365	17,5570	19,7576	43,5180	25,5389
32	134	56,5554	120,5261	14,5681	20,1075	43,9916	25,535
Média dos selecionados		56,4433	119,7336	14,8530	19,6833	44,3907	26,0207
Média geral		58,1423	133,6530	13,8424	20,3684	43,5993	24,9366
Ganho (%)		-2,9221	-10,4146	7,3006	-3,3645	1,8152	4,3473

A seleção via IAG favoreceu o ganho de aproximadamente -3% na característica NDF. Essa redução no NDF favoreceu a redução no número de dias para maturação (NDM) visto que essas características possuem alta correlação positiva. Miranda (2006) encontrou correlação de 0,74 entre NDF e NDM, o que possibilita ter ganhos em redução de ciclo o que é desejável em um programa de melhoramento da soja. Vale ressaltar a utilização de cultivares de soja de ciclo reduzido na Zona da Mata de Minas Gerais pode se tornar uma fonte de proteína mais barata para a alimentação animal na região, possibilitando ainda à prática de plantio de milho de 2ª safra para produção de silagem.

A característica NVP apresentou um ganho negativo de -10,4146% sendo o maior ganho em termos absolutos obtido, o que implicou em redução de uma média geral entre genótipos de aproximadamente 134 para uma média entre os acessos selecionados de 120. NVP está diretamente correlacionado com PRD que por sua vez está inversamente correlacionado com PRT. Isso implica que, para ter ganhos positivos em porcentagem de proteína nos grãos, ganhos negativos serão observados em produtividade de grãos. Por outro lado, a correlação entre PRD e PRT foi de -0,23, o que implica que, com melhoramento genético, é possível obter ganhos futuros para ambas as características ao inserir os melhores acessos a um programa de seleção recorrente.

Para a característica MCS observou-se uma média genotípica para os acessos selecionados de 14,8530 e um ganho de seleção de 7,3006%, esse ganho em MCS permite ganho indireto em PRD, uma vez que as duas características estão correlacionadas positivamente. Desta forma, uma contribuição indireta dos alelos que controlam a expressão de MCS podem contribuir em PRD. A média obtida entre os acessos selecionados estão de acordo com os valores observados no estudo com quatro cultivares comerciais realizado por Silva et al. (2015), onde observou-se médias de MCS entre 13,06 (gramas) e 16,34 (gramas).

Entretanto, a média de MCS dos acessos selecionados no presente trabalho foi superior ao observado por CRUZ et al. (2010), em que a média de cinco cultivares para quatro épocas de semeadura variou de 10,18 (gramas) a 11,49 (gramas). Essa diferença pode estar relacionada com o efeito do ambiente e as épocas de semeadura sobre a característica, uma vez que, por se tratar de um caractere quantitativo este é altamente influenciado pelo meio.

Para o caráter OLE foi encontrado um ganho negativo de -3,3645%, esse valor negativo era esperado, haja vista que OLE e PRT apresentam alta correlação negativa, (-0,5114) (Tabela 3). Por competirem por esqueletos carbônicos essas duas características sempre serão correlacionadas negativamente, como foi observado por Del Conte (2017) ao encontrar correlação de -0,69 e Bonato et al. (2000) -0,56. Praticar seleção simultânea para aumento de óleo e proteína é impraticado. Todavia, no presente trabalho deseja-se selecionar genótipos com o maior PRT e menor OLE, por se tratar de um programa de melhoramento de soja com foco em genótipos com altos teores de proteína nos grãos.

A característica principal PRT apresentou um ganho de seleção entre os acessos selecionados de 1,82% e uma média genotípica de 44,3907 (% de PRT). O desejável é que os cultivares comerciais de soja apresentem um mínimo de 36% de proteína nos grãos, para que seja obtido uma produção de farelo de soja com teores de proteína adequados conforme apresentado por Mandarino (2015), que também demonstrou que PRT varia entre as unidades federativas produtoras de soja, com valores em média de 37% de PRT. Além disso, Faria et al. (2018) em estudo com sete cultivares comerciais de soja observou valor médio de PRT de 34,3%, abaixo do mínimo desejável, indicando que esforços devem ser direcionados para o melhoramento genético de tal característica.

A prática de seleção simultânea de características com base no índice aditivo genético (IAG) apresentam a necessidade de utilizar pesos econômicas ou agronômicas para as características trabalhadas, ora estimado por meio do coeficiente de variação genética, ora pela herdabilidade, ou pelas correlações genotípicas (CERÓN-ROJAS et al., 2006; BHERING et al., 2012; STEPHENS et al., 2012). Assim, o uso do índice FAI-BLUP torna-se importante, pois avalia a distância genótipo-ideótipo e a transforma em probabilidade espacial, o que permite ranquear os melhores genótipos em relação ao ideótipo preidealizado pelo melhorista. Além disso, o uso do índice permite eliminar os problemas de multicolinearidade e atribuição de pesos devido à aplicação da análise fatorial, dando um sentido biológico a seleção (ROCHA et al., 2017).

A Tabela 5 mostra os autovalores e a variância acumulada para cinco componentes principais obtidos a partir da matriz de correlação genética para as cinco variáveis

selecionadas a partir da análise de trilha. Os dois primeiros componentes principais apresentaram autovalores superiores a um, desta maneira, os dados podem ser reduzidos em apenas dois fatores (KAISER, 1958; ROCHA et al., 2017). A variância acumulada para os dois primeiros componentes principais foi de 72,6686% o que indica ser capaz de representar aproximadamente 73% da variabilidade total, o que está de acordo com Ferreira (2018) que propõe um valor de corte de 70%.

Tabela 5. Estimativas de autovalores por componentes principais para as características número de dias para florescimento (NDF), número de vagens por planta (NVP), massa de cem sementes (MCS), teor de óleo nos grãos (OLE), porcentagem de proteína nos grãos (PRT).

Componentes	Autovalores	Variância acumulada
PC1	2,1869	43,7385
PC2	1,4465	72,6686
PC3	0,5925	84,5195
PC4	0,4405	93,3300
PC5	0,3335	100,0000

Foram observadas elevadas correlações genéticas entre o primeiro fator e as variáveis NDF, NVP, MCS, desta forma esse fator foi nomeado como fator agrônômico (Tabela 6). Para o segundo fator as variáveis OLE e PRT foram as que apresentaram alta correlação genética, sendo nomeado de fator qualidade.

Tabela 6. Cargas fatoriais e comunalidades para dois fatores referentes as variáveis número de dias para florescimento (NDF), número de vagens por planta (NVP), massa de cem sementes (MCS), teor de óleo nos grãos (OLE), porcentagem de proteína nos grãos (PRT).

Variáveis	Fator		
	Agrônômico	Qualidade	Comunalidade
NDF	-0,8502	0,0691	0,7276
NVP	-0,6561	-0,372	0,5688
MCS	0,8426	0,0032	0,7100
OLE	0,2069	-0,8899	0,8347
PRT	0,3613	0,8134	0,7922

Os ideótipos foram construídos com base no objetivo do programa, considerando um sentido desejável e indesejável para as características tomadas para construção do índice FAI-BLUP. As características utilizadas no índice foram: NDF, NVP, MCS, OLE e a característica principal PRT, selecionadas pela análise de trilha. Os sentidos de seleção para as cinco variáveis podem ser observados na Tabela 7.

Para a característica NDF o valor mínimo é desejável, uma vez que, nos programas de melhoramento de soja preconizam-se por genótipos que apresentam ciclo precoce e como

a característica NDF apresenta correlação alta e positiva com NDM o ideótipo desejável é aquele que apresenta menor NDF. O nível aplicado para a característica NVP foi o mínimo por este apresentar correlação negativa com a característica PRT, desta forma, espera-se que genótipos de boa porcentagem de proteína nos grãos sejam selecionados indiretamente.

Tabela 7. Níveis relativos a cada característica para estabelecimento dos ideótipos desejáveis e indesejáveis utilizados como critérios no índice FAI-BLUP

Ideótipo	NDF	NVP	MCS	OLE	PRT
Desejável	Mínimo	Mínimo	Máximo	Mínimo	Máximo
Indesejável	Máximo	Máximo	Mínimo	Máximo	Mínimo

NDF: número de dias para floração; NVP: número de vagens por planta; MCS: massa de cem sementes; OLE: teor de óleo nos grãos; PRT: porcentagem de proteína nos grãos.

A característica MCS apresenta uma correlação positiva e um efeito direto sobre a característica PRT, neste sentido, o valor máximo para MCS foi atribuído por possibilitar ganhos em PRT ao selecionar para MCS. Na cultura da soja a correlação entre óleo e proteína é alta e negativa, no presente trabalho também foi observado alta correlação e negativa, para tanto, selecionar acessos com alta porcentagem de proteína nos grãos implica em selecionar indiretamente genótipos com baixo teor de óleo nos grãos (LIANG et al., 2010; HWANG et al., 2014). Dessa maneira o nível mínimo foi atribuído a característica OLE, com intenção de que genótipos com maior valores de PRT sejam selecionados. Para a característica principal o valor máximo foi atribuído, haja vista, que cultivares com maior valor de proteína nos grãos são desejáveis nesse estudo.

A partir dos dois fatores de maior contribuição na variação total, foram projetados os ideótipos para o fator agrônomico e qualidade de acordo com a Tabela 8. O ideótipo um é aquele que atende aos sentidos de seleção para todas as características avaliadas, apresentando comportamento desejável em relação as características agrônomicas (NDF, NVP e MCS), ou seja, é aquele que terá menor valor para NDF e NVP e maior valor para MCS.

Tabela 8. Ideótipos atribuídos aos fatores agrônomico e qualidade respectivamente

Ideótipo	Agrônomico	Qualidade
Id1	Desejável	Desejável
Id2	Desejável	Indesejável
Id3	Indesejável	Desejável
Id4	Indesejável	Indesejável

Id1: ideótipo 1; Id2: ideótipo 2; Id3: ideótipo 3; Id4: ideótipo 4.

Este ideótipo apresenta comportamento desejável também ao fator dois com menor valor para OLE e maior valor para PRT, sendo considerado o de maior interesse para o programa de melhoramento com foco em proteína. O ideótipo três também pode ser utilizado como fonte de alelos favoráveis para PRT.

Posterior ao ranqueamento dos índices FAI-BLUP foram selecionados 32 acessos e estimado o ganho de seleção, para as cinco características em estudo (Tabela 9).

Os acessos selecionados via FAI-BLUP tiveram uma coincidência de 93,75% aos acessos selecionados via IAG. Dos 32 acessos selecionados apenas dois diferiram entre métodos de seleção, contudo estes foram responsáveis por variações consideráveis nos ganhos de seleção para todas as características em questão.

Os ganhos de seleção via FAI-BLUP em valores absolutos foram superiores aos obtidos via IAG para as características, com exceção de PRT, que apresentou via índice FAI-BLUP um valor de 1,6674, já via IAG apresentou um ganho de 1,8152 (Tabelas 8 e 9). Essa diferença no valor de ganho de seleção pode estar relacionada ao peso atribuído a PRT em IAG, que foi de 0,468, superior a todos os demais, o que permite priorizar seleção para PRT em relação as demais características.

Tabela 9. Índice FAI-BLUP na seleção dos 32 melhores acessos de soja de acordo com os valores genéticos ($g + u$) para as variáveis número de dias para florescimento (NDF), número de vagens por planta (NVP), massa de cem sementes (MCS), teor de óleo nos grãos (OLE), porcentagem de proteína nos grãos (PRT)

Ordem	Genótipo	Características					Índice FAI-BLUP
		NDF	NVP	MCS	OLE	PRT	
1	119	54,0466	98,2767	15,0740	18,7703	44,6650	0,4209
2	47	55,4509	107,5403	16,2188	19,1534	44,5028	0,3765
3	63	58,2011	114,2293	13,3193	18,6958	46,2317	0,3701
4	109	55,4048	102,6293	15,3595	19,7125	44,7320	0,3628
5	33	57,7146	109,8432	15,3352	18,5544	44,0299	0,3328
6	25	58,7357	105,2209	16,7024	19,8202	44,3279	0,3242
7	8	53,7556	118,4629	13,8766	19,9808	44,6659	0,3139
8	64	55,6355	102,9064	12,6919	18,7257	44,0720	0,3138
9	13	54,0574	128,571	16,2247	19,7439	44,2599	0,3027
10	149	57,5454	139,1069	14,2521	19,9402	45,1576	0,2970
11	154	51,3579	119,0827	15,9767	20,3132	44,4827	0,2952
12	68	57,4465	123,5064	14,1311	19,3956	44,4089	0,2943
13	10	54,9629	126,4599	16,1839	20,0489	44,3279	0,2930
14	84	57,7094	120,0137	14,4523	19,979	44,3795	0,2840
15	29	55,3000	122,8300	18,1319	19,6381	43,6930	0,2839
16	89	58,7658	125,3873	14,2056	19,4670	44,4475	0,2836

Continua...

17	116	57,8194	108,4500	14,4700	20,2897	44,1931	0,2778
18	95	53,4839	118,2231	14,7378	20,5699	44,3795	0,2757
19	11	54,3592	113,5365	17,5570	19,7576	43,5180	0,2740
20	148	59,0545	129,0007	13,5646	19,8313	44,6177	0,2685
21	113	56,7631	116,9575	14,7069	20,4395	44,1921	0,2681
22	18	55,4156	137,5909	13,1910	19,7984	44,3959	0,2674
23	134	56,5554	120,5261	14,5681	20,1075	43,9916	0,2658
24	12	54,2083	122,3012	15,6673	20,5146	44,1929	0,2657
25	62	54,7301	117,5570	14,4845	19,7768	43,5321	0,2622
26	49	53,0363	94,7454	16,1722	20,8608	44,0979	0,2617
27	50	55,3000	120,7823	15,1662	20,2236	43,8279	0,2590
28	108	54,9521	115,3570	18,5485	20,8479	44,3270	0,2583
29	7	55,4156	154,7979	15,3624	19,7712	44,1260	0,2571
30	4	62,3576	110,3373	13,3930	19,1095	44,2610	0,2566
31	146	59,9600	127,0797	13,6811	19,1559	44,0778	0,2560
32	121	57,6685	124,1869	13,0619	20,2870	44,3270	0,2548
Média dos selecionados		56,1616	118,6093	15,0146	19,7900	44,3263	0,2930
Média Geral		58,1423	133,6530	13,8424	20,3684	43,5993	0,2191
Ganho (%)		-3,4068	-11,2558	8,4684	-2,8397	1,6674	33,7479

Este peso atribuído a PRT em IAG favoreceu a seleção de dois acessos distintos entre os métodos de seleção. Os acessos 37 e 79 foram selecionados via IAG (Tabela 5), contudo não foram selecionados em FAI-BLUP. Já os acessos 62 e 50 foram selecionados em FAI-BLUP (Tabela 9) e não selecionados em IAG. O valor genotípico PRT entre os acessos 37 e 79 selecionados em IAG foram superiores aos acessos 62 e 50 selecionados em FAI-BLUP, apresentando os respectivos valores 45,05, 44,37, 43,53 e 43,82. Essas diferenças fizeram com que o ganho de seleção em IAG superasse o ganho em FAI-BLUP.

Para as demais características NDF, NVP, MCS e OLE a diferença entre acessos (37 e 79) para IAG e (62 e 50) para FAI-BLUP, levaram a ganhos superiores no sentido da seleção praticada, quando utilizado o segundo método.

O índice FAI-BLUP não atribui peso às variáveis, mas sim, trabalha atribuindo sentido de seleção em relação a cada característica aproveitando das correlações genéticas existentes entre as mesmas, que permite dar sentido biológico ao índice e implica em maiores ganhos genéticos em termos gerais. Rocha et al. (2017) encontraram ganhos superiores quando utilizado o FAI-BLUP em comparação ao uso do índice de Smith-Hanzel para a grande maioria das características em estudo.

Utilizar FAI-BLUP para selecionar em relação a PRT permitiu obter ganhos de seleção indiretos em NDF com valor de -3,4068, permitindo explorar esses acessos quanto à precocidade obtendo ganhos genéticos satisfatórios. Segundo Sedyama (2005), a maioria

dos cultivares demoram 120 dias para alcançar o estágio de maturação fisiológica. Contudo, selecionar para precocidade é foco da maioria dos programas de melhoramento genético da soja, haja vista que, diminuir ciclo apresenta ser um escape para a pressão da incidência de ferrugem asiática no final do ciclo, além de contribuir para a entrada do milho em segunda safra (LIMA et al., 2013; MELO et al., 2015; GUIMARÃES et al., 2017), objetivo dos produtores na região da Zona da Mata de Minas Gerais.

Ganho de seleção negativo para NVP de -11,26 foi obtido com o uso do FAI-BLUP, sendo maior que o obtido pelo IAG. Isso já era esperado, visto que o índice FAI-BLUP utiliza das correlações entre características com fundamento para selecionar os genótipos e a correlação entre NVP e PRT é negativa (Tabela 3). Essa correlação pode estar associada ao fato de a formação de vagens depender de um alto custo energético, isso implica em menor investimento em proteína. Tal fato pode ser justificado por Sales, et al. (2016) que avaliou o teor de proteína em diferentes posições da planta de soja e observou maiores valores de proteína no terço superior, quando do enchimento de grãos deste terço da planta já não ocorre formação de vagens e competição energética por produção de proteína.

Estudos têm mostrado que a sojicultura brasileira apresenta uma base genética estreita, sendo originada de um grupo muito pequeno de cultivares de soja (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Ao avaliar 444 cultivares brasileiras de soja, Wysmiersky e Vello (2013), observaram que quatro cultivares contribuíam com cerca de 55,26% da base genética desses cultivares elucidando o fato de que, é necessário realizar estudo de diversidade genética de antemão a realização de hibridações nos programas de melhoramento genético de soja.

Foi observada diversidade genética entre os 32 acessos de soja selecionados pelo índice FAI-BLUP, com formação de 9 grupos geneticamente distintos (Tabela 10). O primeiro grupo apresentou 20 dos 32 acessos selecionadas, sendo o maior grupo formado. Seguido pelo grupo dois com três acessos, grupo três e quatro com dois acessos cada e os demais grupos com um acesso cada.

A análise de agrupamento via Tocher descrito por Cruz et al. (2014) tem por finalidade reunir indivíduos geneticamente similares, de tal forma que acessos dentre de um mesmo grupo são homogêneos ou geneticamente similares e acessos de grupos distintos são geneticamente distintos ou dissimilares (CRUZ et al., 2012; FERREIRA, 2018). O uso da diversidade genética é fundamental em um programa de melhoramento genético de plantas, haja vista, que cruzar indivíduos geneticamente desejáveis e com divergência genética

permite maior chance de recuperar progênies superiores nas gerações segregantes (CRUZ et al., 2012).

Tabela 10. Diversidade genética entres os 32 acessos selecionados via FAI-BLUP, considerando todas as 12 características significativas (χ^2 ; g.l. = 1)

Grupo	Nº de acessos	Acessos
1	20	12, 50, 95, 8, 13, 109, 11, 68, 62, 25, 29, 10, 33, 113, 89, 148, 134, 154, 84, 116
2	3	4, 146, 149
3	2	18, 121
4	2	63, 119
5	1	64
6	1	49
7	1	47
8	1	7
9	1	108

Distância calculada via Mahalanobis e Agrupamento via Tocher

O uso de seleção recorrente para melhoramento de características quantitativas é desejável, uma vez que através de processos cíclicos existe um aumento de alelos favoráveis sem que a herdabilidade diminua. Contudo, a população base para o início do processo de seleção recorrente é peça chave para que essa variabilidade não diminua. O presente estudo proporcionou a seleção de uma população base com variabilidade genética a ser explorada em um programa de seleção recorrente para aumento da porcentagem de proteína nos grãos.

4. CONCLUSÃO

Foram observados ganhos genéticos para PRT de 1,6674% ao selecionar 32 acessos de soja via índice FAI-BLUP, que podem dar início a um programa de seleção recorrente para a Zona da Mata Mineira.

O índice FAI-BLUP apresentou ganhos genéticos superiores em valores absolutos quando comparado ao índice aditivo genético (IAG).

5. REFERÊNCIAS

ALBRECHT, L. P. et al. Teores de óleo, proteínas e produtividade de soja em função da antecipação da semeadura na região oeste do Paraná. **Bragantia**, v. 67, n. 4, p. 865-873, 2008.

ALLIPRANDINI, L. F. et al. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009.

ALMEIDA, G.F.; et al. Effects of whole raw soybean or whole cottonseed on milk yield and composition, digestibility, ruminal fermentation and blood metabolites of lactating dairy cows. **Animal Production Science**, v. 57, n.1, p.122-128, 2016.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDUSTRIAS DE ÓLEOS VEGETAIS. **Estatísticas do complexo soja**. Disponível em: <http://abiove.org.br/estatisticas>. Acesso em 17 mar. de 2020.

ASSOCIAÇÃO DOS PRODUTORES DE SOJA. **Boletim técnico**, 2015. Disponível em: <https://aprosojabrasil.com.br>. Acesso em 17 mar. de 2020.

BEZERRA, A., R., G. et al. Importância Econômica. In: SEDIYAMA, Tuneo; SILVA, Felipe; BORÉM, Aluizio. **Soja: do plantio à colheita**. Viçosa: Editora UFV, 2015. Cap. 1, p. 13.

BHERING, L.L.; LAVIOLA, B.G.; SALGADO, C.C.; SANCHEZ, C.F.B.; ROSADO, T.T.; ALVES, A.A. Genetic gains in physic nut using selection indexes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, 402–408p, 2012.

BONATO, E.R.; BERTAGNOLLI, P.F.; LANGE, C.E.; RUBIN, S.A.L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, 2391-2398p, 2000.

CÂMARA, G. M. S. **Ecofisiologia da soja e rendimento**. In: CÂMARA, G.M.S. Soja: tecnologias da produção. Piracicaba: ESALQ, 1998. p.256-77.

CARVALHO, Samuel Pereira de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção, sob multicolinearidade**. Orientador: Cosme Damião Cruz. 1995. 163f. Tese (Doutorado Genética e Melhoramento) – Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, MG, 1995. Versão impressa e eletrônica

CERÓN-ROJAS, J.J.; CROSSA, J.; SAHAGÚN-CASTELLANOS, J.; CASTILLO-GONZÁLEZ, F.; SANTACRUZ-VARELA, A. A selection index method based on eigen analysis. **Crop Science**, 2006. v. 46. 1711–1721p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético** – ISBN 8572691510. 3.ed. Viçosa, MG: UFV, 2014. v. 2 668p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético** - ISBN 9788572694339. 4. ed. Viçosa, MG: Editora UFV, 2012. v. 1. 514p.

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

CRUZ, T.V.; PEIXOTO, C.P.; MARTINS, M. C.; PEIXOTO, M.F.S.P. Componentes de produção de soja em diferentes épocas de semeadura, no oeste da Bahia. **Bioscience Journal**. Uberlândia, MG, v. 26, n. 5, p. 709-716, 2010.

DEL CONTE, Murilo Vioto. In: **Uso de modelos mistos no melhoramento da soja para teores de óleo e proteína nos grãos**. Orientador: Felipe Lopes da Silva. 2017. 60f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, MG, 2017.

FARIA, L.A.; PELUZIO, J.M.P.; SANTOS, W. F. S.; SOUZA, C.M.; COLOMBO, G.A.; AFFÉRI, F.S. Oil and protein content in the grain of soybean cultivars at different sowing seasons. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**., Recife, v.13, n.2, e5518, 2018.

FEDERER, W.T. **Experimental design: Theory and application**. New York: MacMillan, 1955. 544p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. 1977.

FERREIRA, D.F., **Estatística Multivariada**, 3ªed, Editora UFLA, p.642, 2018.

FREITAS JÚNIOR, J.E.; et al. Nutrients balances and milk fatty acid profile of mid lactation dairy cows supplemented with unsaturated fatty acid. **Rev. Bras. Saúde Prod. Anim.**, Salvador, v.14, n.2, p.322-335, 2013.

GONÇALVES, C.A. **Influência da temperatura no acúmulo de proteínas de reserva em sementes de soja**. Orientador: Everaldo Gonçalves de Barros. 2002. 41f. Dissertação (Mestrado Fisiologia Vegetal) – Departamento de Biologia Vegetal, Universidade Federal de Viçosa, MG, 2002. Versão impressa e eletrônica.

GUIMARÃES, S. A. et al. Comportamento agrônomo e ganhos por seleção em híbridos experimentais de milho em condições de safrinha. In: **XIV Seminário Nacional de Milho Safrinha**. Cuiabá-MT. p538-543, 2017.

HANSON, W. D. Modified seed maturation and seed yield potentials in soybean. **Crop Science**, Madison, v.32, n.4, p.972-976, 1992.

HARRIS, H.C.; McWILLIAM, J.R.; MASON, W.K. Influence of Temperature on Oil Content and Composition of Sunflower Seed. **Australian Journal of Agricultural Research**, Collingwood, v. 29, n.3, p.1203-1212, 1978.

HAZEL, L. N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v. 28, n. 1, p. 476-490, 1943.

HWANG, E. Y. et al. A genome-wide association study of seed protein and oil content in soybean. **BMC genomics**, v. 15, n. 1, p. 1, 2014.

KAISER, H. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, n. 3, p. 187–200, 1958.

KOMORI, E.; HAMAWAKI, O. T. SOUSA, M. P.; SHIGIHARA, D.; BATISTA, A. M. **Influência da época de semeadura e população de plantas sobre as características agronômicas na cultura da soja.** Bioscience Journal, Uberlândia, v.20, n.3, p.13-19, 2004.

KUSSANO, M.R. & BATALHA, M.O. Custos logísticos agroindustriais: avaliação do escoamento da soja em grão do Mato Grosso para o mercado externo. **Gestão da Produção.**, São Carlos, v. 19, n. 3, p. 619-632, 2012.

LAZZAROTTO, J. J.; HIRAKURI, M. H. Evolução e perspectivas de desempenho econômico associadas com a produção de soja nos contextos mundial brasileiro. Londrina: **Embrapa Soja**, p. 46, 2010. (Embrapa Soja. Documentos, 319).

LEITE, P.R.S.C. et al. Limitações da utilização da soja integral e farelo de soja na nutrição de frangos de corte. **Enciclopédia Biosfera**, Centro Científico Conhecer, Goiânia, v.8, n.15; p. 1138, 2012.

LIANG, H. Z. et al QTL mapping of isoflavone, oil and protein contents in soybean (*Glycine max* L. Merr.). **Agricultural Sciences in China**, v. 9, n. 8, p. 1108-1116, 2010.

LLIMA, E.V.; et al. Características agronômicas, produtividade e qualidade fisiológica da soja “safrinha” sob semeadura direta, em função da cobertura vegetal e da calagem superficial. **Revista Brasileira de Sementes**, vol. 31, n 1, p.69-80, 2009.

MELO, C.L.P.; ROESE, A.D.; GOULART, A.C.P. Tolerance of soybean genotypes to Asian rust. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.45, n.8, p.1353-1360, 2015.

MIRANDA, Fábio Demolinari. **Produção, conteúdo de proteína e óleo no grão de soja: herdabilidades, correlações e seleção de genótipos superiores.** Orientador: Everaldo Gonçalves de Barros. 2006. 91f. Tese (Doutorado Genética e Melhoramento) – Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, MG, 2006. Versão impressa e eletrônica.

MIRANDA, Z. F. S.; et al. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using efficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-369, 2007.

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

NOGUEIRA, A.P.O. et al. Path analysis and correlations among traits in soybean grown in two dates sowing. **Bioscience Journal**, Uberlândia, MG, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NUNES, Kharenn Vailant. **Seleção de famílias de feijão carioca visando extração de linhagens por modelos mistos.** Orientador: Pedro Crescêncio Souza Carneiro. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa - Viçosa, MG. f.31-36, 2017.

PIMENTEL, A.J.B.; et al., Estimativa de parâmetros genéticos e predição de valor genético aditivo de trigo utilizando modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. Brasília, v.49, n.11, p.882-890, 2014.

PÍPOLO, A. E.; MANDARINO, J.M.G. Os teores de proteína da soja e a qualidade para a indústria. Boletim técnico da SBCS. **Sociedade Brasileira de Ciência do Solo**. v.42, n. 2, 2016.

PÍPOLO, A.E. **Influência da temperatura sobre as concentrações de proteína e óleo em sementes de soja (*Glycine max* (L.) Merrill)**. Orientador: Gil Miguel de Sousa Câmara. 2002. 128p. Tese (Doutorado Agronomia) Departamento de Agronomia- Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, SP, 2002. Versão impressa e eletrônica.

PRIOLLI, R. H. G.; et al. Genetic Diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.53, n. 3, p 519-531, 2010.

PRIOLLI, R. H. G.; et al. Genetic Diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.53, n. 3, p 519-531, 2010.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. Disponível em: <<https://www.Rproject.org/>>. Acesso em 18 de mar.de 2020.

RANGEL, M. A. S. et al. Efeito do genótipo e do ambiente sobre os teores de óleo e proteína nos grãos de soja, em quatro ambientes da Região Sul de Mato Grosso do Sul, safra 2002/2003. **Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste**, 2004. (Boletim de pesquisa e desenvolvimento, 17).

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

RESENDE, M. D. V., M. A. P. RAMALHO, P. C. S. CARNEIRO, J. E. S. CARNEIRO, L. G. BATISTA, and I. B. Gois. 2015. Selection Index with Parents, Populations, Families, and Generations Effects in Autogamous Plant Breeding. **Crop Sci.**, 56:530-546.

RESENDE, M. D. V., RAMALHO, M. A. P., GUILHERME, S. R., ABREU, A. F. B. Multigeneration index in the within families bulk method for breeding of self-pollinated plants. **Crop Sci.**, 55 2015, p. 1202-1211.

ROCHA, J. R. A. S. MACHADO, J. C. AND CARNEIRO, P. C. S., Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. **GCB Bioenergy**. v. 95, n.1, p. 27-32, 2017.

ROSTAGNO, H. S.; et al., **Tabelas brasileiras para aves e suínos: composição de alimentos e exigências nutricionais**. Viçosa: UFV Imprensa Universitária,187p., 2005.

SALES, V. H.G.; et al., Teor de óleo e proteína em grãos de soja em diferentes posições da planta. **Revista Agroambiente On-line**, v. 10, n. 1, p. 22 - 29, 2016.

SECRETARIA DE ESTADO DE AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO DE MINAS GERAIS. **Relatórios da Agricultura, 2020**. Belo Horizonte, MG: SEAPA, 2020.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. **Soja: do plantio a colheita**. Viçosa. Editora UFV, 2015. 333 p.

SILVA, A.; et al. Desempenho agrônômico de cultivares de soja sob diferentes densidades de plantio. In: VII Congresso Brasileiro de Soja. **Mercosoja**, 2015.

SILVA, Alisson Santos Lopes da. **Diversidade genética entre genótipos de soja e estabelecimento de coleções nucleares e de melhoramento para teores de óleo e de proteína**. Orientador: Felipe Lopes da Silva. 2016. 50f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) – Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, MG, 2016.

SMITH, H. F. A. discriminant function for plant selection. **Annals of Eugenics**, v. 7, n. 1, p. 240-250, 1936.

STEPHENS, M.J.; ALSPACH, P.A.; BEATSON, R.A.; WINEFIELD, C.; BUCK, E.J. Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. **Journal of the American Society of Horticultural Science**, 2012. v. 137, 236–242p.

TAIZ, L.; ZEIGER, E.; MOLLER, I.M.; MURPHY, A. *Fisiologia e Desenvolvimento Vegetal*. Artmed, 6ª ed. Porto Alegre- RS, 888 p. 2017.

TEIXEIRA, A.S. **Alimentos e alimentação dos animais**. Lavras, UFLA - FAEPE, 402 p., 1998.

VIANA, A.P.; RESENDE, M.D.V., **Genética Quantitativa no Melhoramento de Fruteiras**. 1. Ed. Rio de Janeiro: Editora Interciência, v. 300. 282p., 2014.

VOLPATO, Leonardo. In: **Seleção de progênies de soja para produção de grãos com uso de modelos mistos**. Orientador: Felipe Lopes da Silva. 2016. 78f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Departamento de Biologia Geral, Universidade Federal de Viçosa, 2016. Versão eletrônica e impressa.

WYSMIERSKI, P.T.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 36, n. 4, p. 547-555, 2013.