

BELIZA QUEIROZ VIEIRA MACHADO

DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE
RESISTÊNCIA AO *Sclerotinia sclerotiorum*, CORRELAÇÕES, ANÁLISE DE
TRILHA E POPULAÇÃO DE PLANTAS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

Orientadora

Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema de Bibliotecas da UFU, MG, Brasil.

M149d Machado, Beliza Queiroz Vieira, 1990
2017 Diversidade genética em soja com diferentes níveis de resistência ao
Sclerotinia sclerotiorum, correlações, análise de trilha e população de
plantas / Beliza Queiroz Vieira Machado. - 2017.
103 p.

Orientadora: Ana Paula Oliveira Nogueira.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Uberlândia,
Programa de Pós-Graduação em Agronomia.
Inclui bibliografia.

1. Agronomia - Teses. 2. Soja - Doenças e pragas - Teses. 3.
Sclerotinia sclerotiorum - Teses. 4. Soja - Melhoramento genético -
Teses. I. Nogueira, Ana Paula Oliveira. II. Universidade Federal de
Uberlândia. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. III. Título.

BELIZA QUEIROZ VIEIRA MACHADO

DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA COM DIFERENTES NÍVEIS DE
RESISTÊNCIA AO *Sclerotinia sclerotiorum*, CORRELAÇÕES, ANÁLISE DE
TRILHA E POPULAÇÃO DE PLANTAS

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Uberlândia, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Agronomia – Mestrado, área de concentração em Fitotecnia, para obtenção do título de “Mestre”.

APROVADA em 27 de janeiro de 2017.

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki UFU

Prof^a. Dr^a. Larissa Barbosa de Sousa UFU

Prof^a. Dr^a. Abadia dos Reis Nascimento UFG

Prof^a. Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira
INGEB-UFU
(Orientadora)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

Aos meus pais, Sandra e Eduardo.

Ao meu namorado, Gabriel.

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Primeiramente, agradeço a Deus, por ter me concedido força e perseverança nos momentos em que pensei em desistir.

Aos meus pais Sandra e Eduardo, por todo carinho, apoio e dedicação na minha formação pessoal e profissional, por sempre confiarem em meus sonhos e escolhas sem nenhum questionamento. Por aguentarem minhas constantes mudanças de humor e por estarem ao meu lado ao longo da jornada da vida, compreendendo os momentos em que precisei estar longe mesmo estando perto.

Ao meu namorado, amigo e companheiro, pela dedicação aos experimentos e por estar comigo tanto nos momentos felizes quanto nos de crise, me amparando e fazendo acreditar que tudo daria certo.

À professora Dr^a. Ana Paula, por ter confiado na minha capacidade quando nem eu mesma acreditava que conseguiria. Pelo suporte e tempo dedicado para a realização deste trabalho, além da paciência e sabedoria para orientar e transmitir os conhecimentos.

Ao professor Dr. Osvaldo, pela oportunidade de trabalhar no Programa de melhoramento genético da soja na Universidade Federal de Uberlândia, e por ter disponibilizado os recursos e materiais necessários para a realização do trabalho.

Aos estagiários do programa de melhoramento de soja da UFU, os quais deixaram o trabalho mais divertido e tranquilo e por toda a colaboração na execução dos experimentos. Sem eles, esses resultados não seriam possíveis.

À professora Dr^a. Larissa, que se tornou uma amiga querida, apesar das diferenças que enfrentamos no início. Por estar ao meu lado desde a graduação me escutando, aconselhando nos momentos difíceis e sendo tão importante no meu amadurecimento profissional. Agradeço, ainda, por ter aceitado compartilhar mais um momento tão importante na minha vida.

Às minhas amigas do coração, Jessica, Karina, Nathália, Rebeca e Tassiana que, apesar da distância, sempre ouviram minhas lamentações e entenderam meu sumiço durante a realização do mestrado, sem deixaram de ser o que sempre foram: verdadeiras amigas/irmãs.

Às mais novas amigas que a “soja” proporcionou, Anna Regina (e Laurinha), Fernanda e Silvia, que fizeram com que esse último ano fosse mais leve e tranquilo, me apoiando de todas as formas. Serão levadas comigo para toda vida.

À “tia” Marilde, por me receber de braços abertos quase todas as tardes e escutar minhas angustias diárias, me fazendo acreditar que tudo daria certo. Por me fazer ver as coisas de uma forma diferente, me tornando uma pessoa mais leve e compreensiva.

À minha priminha do coração “Manu”, que mesmo sem saber da importância que tem na minha vida foi essencial para a conclusão do trabalho, ao me distrair de forma tão carinhosa nos momentos em que a cabeça estava cheia e me cativando com a inocência de ser criança.

À “prima” Caroline, por me deixar fazer parte da vida da “Manu”, pela amizade e por estar sempre presente.

Ao meu cunhado Gregório, pelo apoio na condução dos experimentos.

Ao casal amigo, Lilian e Alexandre, que aturaram as reclamações da “soja” quase diariamente e, em especial, por me fazerem enxergar que não era tão ruim assim. Por estarem sempre dispostos a ouvirem minhas angústias e me distraírem nos exercícios.

Aos colegas de pós-graduação Ernane pelo auxílio no preparo e condução dos experimentos e Adílio por todo carinho nos tempos difíceis e pelos ensinamentos fundamentais para a instalação dos experimentos.

Aos funcionários da secretaria do ICIAG, Maria Auxiliadora, Sandra, Iara, por sempre atenderam minhas duvidas e solicitações de forma paciente e carinhosa.

Aos funcionários da Fazenda Capim Branco, Lukinha, Frederico, Ramon, Willian e Wilson, sem os quais não seria possível a realização dos trabalhos.

À Universidade Federal de Uberlândia e ao Programa de Pós-Graduação em Agronomia, pela oportunidade na realização do mestrado.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes), pela concessão das bolsas de estudo que possibilitaram a realização desta pesquisa.

À professora Dr^a. Abadia Reis do Nascimento, pela disponibilidade de participação e contribuição na melhoria do trabalho.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, pelos conhecimentos transmitidos.

Muito obrigada!!!

RESUMO

MACHADO, BELIZA QUEIROZ VIEIRA. **Diversidade genética em soja com diferentes níveis de resistência ao *Sclerotinia sclerotiorum*, correlações, análise de trilha e população de plantas**, 2017, 103p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) - Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brasil¹.

O desenvolvimento de tecnologias de produção e o melhoramento genético da cultura da soja foram essenciais para a elevada produção nacional e expansão das fronteiras agrícolas. Os programas de melhoramento têm como objetivo a obtenção de genótipos produtivos e resistentes às pragas e doenças, como o mofo branco, causado pelo *Sclerotinia sclerotiorum*. Pesquisas têm apontado que a base genética da soja brasileira é estreita, evidenciando a importância dos estudos de diversidade genética com a finalidade de auxiliar a escolha de genitores para hibridação. Outro ponto importante é a seleção de linhagens superiores, pois a maioria dos caracteres alvos no melhoramento da soja é de natureza quantitativa. Nessa perspectiva, informações sobre correlações entre caracteres e análise de trilha auxiliam o melhorista na definição das estratégias de melhoramento. Uma vez selecionadas, as linhagens superiores são lançadas como novas cultivares, tornando fundamentais as informações acerca do manejo da cultura, como o tamanho adequado da população de plantas. Nesse contexto, os objetivos deste estudo foram avaliar a divergência genética de soja com diferentes níveis de resistência ao mofo branco; estudar as correlações entre os caracteres e análise de trilha; e avaliar a influência da densidade de semeadura em genótipos de soja em relação à produtividade de grãos e os caracteres morfo-agronômicos. Realizaram-se dois experimentos em condições de campo, na fazenda experimental Capim Branco da Universidade Federal de Uberlândia. No primeiro, avaliaram-se 24 genótipos de soja, em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições. Verificou-se existência de variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos. Os genótipos UFU B7, UFU B14, UFU B16, Msøy-6101 e UFU B5 foram classificados como genótipos de ciclo precoce e os genótipos UFU B1, UFU B3, UFU B8 e UFU B16 apresentaram elevada produtividade de grãos. Quanto ao comprimento da lesão de *S. sclerotiorum*, foram classificados como resistentes os genótipos UFU B1, UFU B2, UFU B3, UFU B4, UFUS 7910, UFU B6, UFU B7, UFU B9 e UFU 20. Pelo método de Tocher e UPGMA, os genótipos foram distribuídos em quatro grupos. O número de dias para floração foi o caráter que mais contribuiu com a diversidade genética. Os estudos das correlações fenotípicas e genotípicas e a análise de trilha identificaram o número de vagens com três grãos com maior efeito favorável na produção de grãos. No segundo experimento, foram avaliados os genótipos UFUS LVR, UFUS 7910 e UFUS 8301 nas densidades populacionais (12; 14; 16; 18 pl m⁻²) em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições. Observaram-se interações significativas entre os genótipos e as densidades para a maioria dos caracteres. Para os três genótipos, houve redução na produtividade de grãos com o aumento da densidade de semeadura. A densidade de 16 pl m⁻² favoreceu os caracteres agronômicos e a obtenção de produtividade de grão superiores para o genótipo UFUS LVR. A cultivar UFUS 7910 apresentou caracteres agronômicos favoráveis e melhor produtividade de grãos em densidade de semeadura de 12 pl m⁻². A cultivar UFUS 8301 apresentou número de vagem e produtividade superiores nas densidades 12 e 14 pl m⁻².

¹ Orientadora: Professora Dr^a. Ana Paula Oliveira Nogueira

ABSTRACT

MACHADO, BELIZA QUEIROZ VIEIRA. **Genetic diversity in soybean with different levels of resistance to *Sclerotinia sclerotiorum*, correlations, path analysis and plant population**, 2017, 103p. Dissertation (Master Program Agronomy/Crop Science) - Federal University of Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.¹

Currently, due to the agro-industrial complex established in the country, soy is among the main crops of Brazilian agribusiness. The production technologies development and genetic improvement of those species have led to expansion of agricultural frontiers and increase of the national yield. Breeding programs have aimed to obtain genotypes that are also productive and resistant against pests and diseases, such as white mold caused by *Sclerotinia sclerotiorum*. The narrow genetic basis of Brazilian soybean has been pointed by researches that highlight the importance of genetic diversity studies with the purpose of assisting selection of parents aiming hybridizations. Selection of superior lines is another important point since the majority of target features in soybean breeding have a quantitative nature. From this perspective, information on correlations between characters and path analysis helps to improve breeding strategies definition. Once superior lines are selected, they are released as new cultivars. In addition, knowledge about crop management, such as the adequate size related to plant population density, is fundamental. In this context, this study aimed to evaluate the soybean genetic divergence regarding different levels of resistance to white mold; to study correlations between characters and path analysis and to evaluate influence of sowing density on grain yield and on morph agronomic features of soybean. Two experiments were carried out under field conditions in the Capim Branco farm of the Federal University of Uberlândia. The first experiment was made up by 24 soybean genotypes evaluated in a randomized complete block design with three replicates. All agronomic traits have shown genetic variability. Genotypes UFU B7, UFU B14, UFU B16, Msoy-6101 and UFU B5 were verified as early-cycle; UFU B1, UFU B3, UFU B8 and UFU B16 genotypes have showed high grain yield. Genotypes UFU B1, UFU B2, UFU B3, UFU B4, UFUS 7910, UFU B6, UFU B7, UFU B9 and UFU 20 were resistant regarding the length of lesion caused by *S. sclerotiorum*. The Genotypes were placed within four groups by the Tocher and UPGMA methods. Feature that most contributed to genetic diversity was the number of days to the blooming. Phenotypic and genotypic correlations and path analysis have indicated the number of pods with three grains as the feature of better effect on grains yield. In the second experiment genotypes UFU LVR, UFUS 7910 and UFUS 8301 were evaluated regarding population densities by a randomized complete block, design with four replications (12, 14, 16, 18 pl m⁻¹). Interactions between genotypes and densities were significant for most characters. Plants height at maturity with increasing sowing density was reduced for cultivar UFUS 7910, as well for the three genotypes, there was a reduction in grain yield with increasing sowing density. Regarding UFUS LRV line, the most indicated plant population density is between 12 and 16 pl m⁻¹. Recommended population density for UFUS 7910 is 12 pl m⁻¹. In relation to the sowing of UFUS 8301 is indicated population sizes between 12 to 14 pl m⁻¹.

SUMÁRIO

RESUMO	i
ABSTRACT	ii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 Aspectos botânicos, morfologia e desenvolvimento da soja	4
2.2 Origem e expansão da soja	6
2.3 Importância econômica da soja.....	7
2.4 Melhoramento e parâmetros genéticos em soja	8
2.5 Doença da soja – Mofo Branco	10
2.6 Diversidade genética.....	12
2.7 Metodologias para a avaliação da diversidade genética e sua aplicação em soja	13
2.8 Correlações entre caracteres	15
2.9 Análise de trilha.....	16
2.10 Manejo da cultura da soja.....	17
3. REFERÊNCIAS	21
CAPÍTULO 1. Desempenho agronômico e diversidade genética em linhagens e cultivares de soja com diferentes níveis de resistência a <i>Sclerotinia sclerotiorum</i>	27
RESUMO	27
ABSTRACT	28
1. INTRODUÇÃO.....	29
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	31
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4. CONCLUSÕES.....	51
5. REFERÊNCIAS	52
CAPÍTULO 2. Correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos em soja e análise de trilha.....	57
RESUMO	57
ABSTRACT	58
1. INTRODUÇÃO.....	59
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	61
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	65
4. CONCLUSÕES.....	72
5. REFERÊNCIAS	73
CAPÍTULO 3. Desempenho agronômico de genótipos de soja submetida a diferentes densidades populacionais no município de Uberlândia - MG	75
RESUMO	75

ABSTRACT	76
1. INTRODUÇÃO.....	77
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	79
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	83
4. CONCLUSÕES.....	91
5. REFERÊNCIAS	92

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja (*Glycine max* L. Merrill), originária do continente asiático, precisamente da região da antiga China, é considerada a espécie vegetal que mais expandiu o cultivo nos últimos anos e ocupa a maior área cultivada no Brasil. Sua importância se deve aos teores de óleo e proteína do grão, os quais são amplamente utilizados pela indústria brasileira, principalmente para o consumo humano e alimentação animal (BEZERRA et al., 2015; RIGON et al., 2012).

A produção mundial de soja na safra 2015/2016 foi de 312 milhões de toneladas, sendo que o Brasil contribuiu com 30% dessa produção (95 milhões de toneladas de grãos), em uma área cultivada de 33 milhões de hectares, o que coloca o país como segundo maior produtor (CONAB, 2016).

Atualmente, a soja é cultivada em praticamente todo o território nacional em razão do desenvolvimento de tecnologias de produção para as condições brasileiras e, também, em virtude do melhoramento genético da espécie, com a disponibilização de cultivares de alta produtividade de grãos, tolerantes às pragas e doenças e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas.

Dentre as doenças que acometem a cultura da soja, o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, tem ganhado importância em função dos prejuízos ocasionados. É considerada a segunda doença mais importante na cultura, atrás apenas da ferrugem asiática (JULIATTI; SAGATA; JULIATTI, 2013). Pimenta et al. (2010) relataram que o mofo branco afetou cerca de 45% da área cultivada no estado do Goiás na safra de 2009/2010. Na safra de 2015/2016, estima-se que a área de produção de soja infestada por esse patógeno seja de aproximadamente 7,7 milhões de hectares (CONAB, 2016). Há relatos de reduções médias de 21% na produtividade da soja, podendo chegar até a 70% em lavouras isoladas (MEYER et al., 2015).

O mofo branco é manejado por métodos de controle integrado, entre eles a resistência genética. Apesar da resistência do hospedeiro ser o método de controle mais seguro, mais econômico para o agricultor e o que menos afeta o meio ambiente, a sua utilização no controle de *S. sclerotiorum* é limitada pela escassez e pelo desconhecimento do germoplasma brasileiro em relação a essa doença (JULIATTI; SAGATA; JULIATTI, 2013).

Para o contínuo sucesso da soja brasileira e alta produção nacional, é essencial o investimento em programas de melhoramento por instituições públicas ou privadas,

visando o desenvolvimento de linhas puras de elevado potencial produtivo e com resistência aos fatores bióticos e abióticos. No processo de melhoramento, estão envolvidas várias fases, desde a escolha dos genitores para a obtenção de populações segregantes, avanço de gerações, processos de avaliação e seleção, testes de resistência a pragas e doenças até a recomendação de cultivares (ALMEIDA e KIIHL, 1998).

A escolha adequada de genitores para a hibridação é de fundamental importância, visto que a base genética da soja brasileira é restrita (HIROMOTO e VELLO 1986; MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010). Em pesquisas com 444 cultivares brasileiras, Wysmierski e Vello (2013) observaram a contribuição de 60 ancestrais na diversidade, no entanto apenas quatro deles representavam 55,26% da base genética.

Uma alternativa aos melhoristas para a escolha de genitores em soja são os estudos de diversidade genética, os quais são realizados por meio de caracteres agronômicos, morfológicos, coeficiente de parentesco ou ainda moleculares, pois permitem identificar genitores para a formação de uma população segregante e com maior possibilidade de surgimento de segregantes transgressivos (ODA et al., 2015; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Após a seleção de genitores divergentes e a obtenção da população segregante, a etapa seguinte é o avanço de gerações e seleção de genótipos superiores. Um dos principais objetivos do melhoramento genético da soja é o aumento da produtividade de grãos, que é um caráter de natureza quantitativa, cujos valores fenotípicos resultam da associação e expressão de vários componentes, além de serem altamente influenciados pelo ambiente (BARONA; COLOMBARI-FILHO; GERALDI, 2009).

Considerando a natureza quantitativa dos caracteres objetivados no melhoramento, informações das correlações entre caracteres são úteis ao melhorista por auxiliar na definição das estratégias de seleção. É possível praticar a seleção indireta de um caráter quantitativo de baixa herdabilidade e de difícil seleção, por meio de outro diretamente a ele correlacionado de que tenha maior ganho genético ou de seja fácil seleção visual (BARBARO et al., 2007; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

A quantificação e a interpretação da magnitude de uma correlação entre caracteres podem resultar em equívocos na estratégia de seleção, pois uma correlação elevada pode ser resultado do efeito de um terceiro ou de um grupo de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Nesse contexto, a análise de trilha

desenvolvida por Wright (1921) permite desdobrar os coeficientes de correlação nos efeitos diretos e indiretos sobre uma variável básica.

De acordo com Cabral et al. (2011), a análise de trilha é uma alternativa para entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor a correlação existente em efeitos diretos e indiretos, por meio de uma variável principal e das variáveis explicativas.

Sabe-se que a obtenção de elevada produtividade de grãos em soja ocorre em função da constituição genética da linha pura, desenvolvida via melhoramento e, também, das condições ambientais às quais os genótipos são submetidos. Nessa perspectiva, entende-se como ambiente todas as condições externas que influenciam o fenótipo de uma planta, tais como o local de cultivo, as épocas de semeadura, a fertilidade do solo, as populações de plantas, entre outros.

Até a década de 1980, era comum produzir soja com 400 mil plantas ha⁻¹, ou até com populações superiores, no entanto a melhoria na precisão das semeadoras e na qualidade das sementes produzidas permitiu a redução da população de plantas para cerca de 230 mil plantas ha⁻¹ (EMBRAPA, 2013). Contudo, a população de planta ideal de cada cultivar depende das características relacionadas ao ciclo biológico, altura da planta, tipo de crescimento, índice de acamamento e do período juvenil, destacando-se a importância de estudos fitotécnicos das novas cultivares obtidas por programas de melhoramento genético.

Diante do exposto, esta dissertação está subdividida em três capítulos, os quais abordam o estudo de diversidade genética, a resistência ao mofo branco, as correlações e a análise de trilha e a determinação de população de plantas em soja.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos botânicos, morfologia e desenvolvimento da soja

A soja pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). É uma planta autógama e cleistógama, cuja taxa da polinização cruzada geralmente é menor que 1% (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A planta de soja é herbácea, anual, ereta, de crescimento morfológicamente diversificado e apresenta hastes e vagens pubescentes. A altura média das cultivares comerciais situa-se entre 60 e 120 cm, no entanto a altura ideal é de 70 a 80 cm, pois contribui para uma eficiente colheita mecanizada, já que plantas com alturas superiores a 100 cm tendem ao acamamento (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O ciclo de desenvolvimento da soja varia de 70 dias, para as cultivares mais precoces, a 200 dias, para as mais tardias. Em geral, as cultivares brasileiras têm ciclo entre 100 a 160 dias, dependendo da região e da época de semeadura (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O sistema radicular da soja é constituído por uma raiz axial principal e por raízes secundárias, nas quais se formam os nódulos resultantes da simbiose com as bactérias *Bradyrhizobium japonicum* e *Bradyrhizobium elkanii*, que fixam o nitrogênio do ar atmosférico presente no solo para a planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O caule é do tipo herbáceo, ereto, pubescente e com ramificações diversificadas de acordo com a cultivar. O seu desenvolvimento parte do eixo embrionário, que produz folhas em seus internódios e gemas laterais nas axilas que podem se modificar em ramificações ou inflorescência (NOGUEIRA et al., 2009; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

A planta de soja apresenta três tipos de folhas ao longo do desenvolvimento: as cotiledonares ou embrionárias, as simples ou unifolioladas e as folhas trifolioladas ou compostas, as quais são compostas por três folíolos (um terminal e dois laterais). As flores são completas, ou seja, são formadas por cálice, corola, androceu e gineceu. Ademais, as flores apresentam coloração branca ou roxa de diferentes tonalidades (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O fruto é do tipo vagem ou legume e contém de uma a cinco sementes. A forma pode ser achatada, ovalada, reta, pouco curvada e até quase cilíndrica, conforme a forma das sementes. A coloração da vagem depende da presença de caroteno ou xantofila e da presença ou ausência de pigmentos antociânicos (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). O seu comprimento varia de 2 a 7 centímetros dependendo da cultivar e das condições ambientais de cultivo das plantas.

O número de vagens por planta e o número de sementes por vagens são características que variam em função da cultivar e do ambiente de produção, influenciando na produtividade da lavoura. Uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, mas em média as cultivares brasileiras desenvolvem de 30 a 80 vagens por planta (CÂMARA, 1998; SEDIYAMA et al., 2009).

A semente da soja possui forma variável, podendo ser esférica, esférica-achatada, alongada e alongada-achatada. Além disso, apresenta tamanho médio, variando de 2 a 53 g por 100 sementes. As cultivares, normalmente utilizadas para a produção de óleo e farelo, apresentam tamanho médio entre 12 a 20 g por 100 sementes, e as destinadas especificamente para o consumo humano tendem a ter tamanho igual ou acima de 20 g por 100 sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As cultivares de soja são classificadas em três tipos de crescimento: determinado, semideterminado e indeterminado. Dois genes ($Dt1/dt1$ e $Dt2/dt2$) controlam o caráter tipo de crescimento, sendo assim, o genótipo $dt1dt1$ é responsável pelo crescimento determinado e o $Dt1Dt1$ causa o tipo indeterminado, enquanto que $Dt1dt1$ expressa fenótipo semideterminado. O gene dominante $Dt2$, independente do loco ($Dt1$), também causa o fenótipo semindeterminado na presença de $Dt1_$; $dt1$ é epistático em relação a $Dt2dt2$ (BERNARD, 1972).

Cultivares com crescimento determinado possuem uma gema terminal que se transforma em uma inflorescência terminal ou racemos florais no florescimento, cessando a emissão de nós e o crescimento. A maturação das vagens nessas cultivares ocorre de cima para baixo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005; NOGUEIRA et al., 2009). As cultivares com tipo de crescimento semideterminado apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, semelhante às de crescimento determinado, porém, ao florescer, apresentam cerca de 70% de altura final (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As cultivares de tipo de crescimento indeterminado se caracterizam por apresentarem caule alongado, no qual a gema terminal se mantém em atividade

vegetativa mesmo após o florescimento, desenvolvendo nós e resultando em altura maior e maior número de nós na haste principal, podendo dobrar de altura após o florescimento. No que concerne à maturação das vagens, tem-se que ela começa na parte inferior da planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é uma planta de dias curtos, cuja indução floral ocorre quando o fotoperíodo do dia for menor ou igual ao fotoperíodo crítico específico de cada cultivar. Desse modo, a indução floral provoca a transformação dos merismos vegetativos em reprodutivos, determinando o tamanho final das plantas (número de nós) e, portanto, seu potencial de rendimento (SILVA; SEDIYAMA; BORÉM, 2015).

Na cultura da soja, existe uma diversidade de cultivares com exigências fotoperiódicas diferentes. Do ponto de vista agrícola, isso é muito importante, pois possibilita ao melhoramento genético grande variabilidade de respostas das plantas, adaptando, então, os genótipos às disponibilidades de cada região (SILVA; SEDIYAMA; BORÉM, 2015). Assim, para uma mesma latitude, as cultivares são classificadas em ciclo precoce, médio e tardio.

2.2 Origem e expansão da soja

A soja constitui a base alimentar do povo chinês há mais de 5000 anos, portanto é difícil estabelecer com precisão sua origem e sua história. Nessa época, era considerado um grão sagrado, juntamente com arroz, trigo, cevada e milho (BONETTI, 1983). Um dos primeiros registros da soja encontra-se no livro "Pen Ts'ao Kong Mu", que descrevia as plantas da China ao Imperador Sheng-Nung (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Estudos apontam o início da domesticação da soja na região do Norte da China, considerada o centro primário de diversidade genética da cultura. Já a região da Manchúria, no Nordeste da China, é considerada o centro secundário de diversidade (CHUNG; SINGH, 2008; HYMOWITZ, 2004).

A partir da China, a soja foi levada inicialmente para Coréia, Japão e Ásia. Embora seja conhecida e consumida pela civilização oriental por milhares de anos, só foi introduzida na Europa no final do século XV, após a chegada dos primeiros navios europeus, pelos quais as sementes foram distribuídas para os jardins botânicos e as estações experimentais da Alemanha, Inglaterra, Áustria, Holanda, Suíça, França e

Itália. Nesses países, foram feitos experimentos para obter informações acerca do desenvolvimento e da produtividade da planta (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Os Estados Unidos iniciaram a exploração comercial da soja como forrageira e, por volta de 1920, começaram a produção de grãos. Outros locais do mundo, como a Rússia, Inglaterra e Alemanha, também tentaram o cultivo na mesma época, mas fracassaram, provavelmente em virtude das condições climáticas desfavoráveis (MIYASAKA e MEDINA, 1981; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Em 1882, Gustavo Dutra introduziu a soja no estado da Bahia, entretanto as plantas não se adaptaram agronomicamente em razão da baixa latitude. Posteriormente, em 1981, o grão foi introduzido no estado de São Paulo e no Rio Grande do Sul, onde apresentou bom desempenho agronômico por causa da latitude favorável e boa adaptação às condições climáticas da região, as quais eram semelhantes às condições do sul dos EUA de onde advinham os genótipos introduzidos no país na época (SEDYAMA, 2014).

Na década de 1950, observou-se elevado incremento na produção de grãos de soja no Brasil em virtude dos incentivos do governo federal, visto que essa leguminosa foi considerada ideal para fazer a rotação com o trigo, principalmente pela facilidade de cultivo, colheita e pelo uso dos mesmos equipamentos. Com isso, houve um aumento na produção brasileira de soja: de 0,5% da produção mundial em 1954 passou a 16% da produção mundial em 1976 (CÂMARA, 1998) e atualmente representa 30% da produção mundial (CONAB, 2016).

A partir da década de 1970, a soja passa a ser um dos principais produtos agrícolas do país. Os investimentos no melhoramento da cultura permitiram a adaptação da soja para as diferentes regiões do país, o que levou o Brasil a uma posição de destaque entre os principais produtores de soja no mundo (BEZERRA et al., 2015) e o principal exportador do grão (CONAB, 2016).

2.3 Importância econômica da soja

Apesar de não ser considerada como alimento básico da população, a soja é uma das culturas mais importantes do mundo, principalmente como fonte de proteína e óleo vegetal. O grão de soja é rico em proteínas e óleo, cujos teores médios das cultivares brasileiras são de 40% e 20%, respectivamente (BEZERRA et al., 2015).

Os altos teores de óleo e proteína e a ampla adaptação de cultivares aos climas tropicais e subtropicais possibilitaram o desenvolvimento da cultura e a formação de um complexo industrial destinado ao seu processamento no Brasil (BEZERRA et al., 2015; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Os derivados provenientes do processamento industrial dos grãos apresentam inúmeras utilizações, como: alimentação humana, nutrição animal, usos industriais com grande potencial para produção de materiais plásticos, além da produção de biodiesel (CÂMARA, 1998; FREITAS et al., 2001).

Os maiores produtores de soja no mundo são os Estados Unidos, Brasil e Argentina, os quais são responsáveis por mais de 80% da produção mundial do grão. No Brasil, os estados do Mato Grosso, Paraná e Rio Grande do Sul são os principais produtores de soja. Atualmente, o país é o segundo maior produtor do grão e apresenta uma área cultivada de 33,23 milhões de hectares com produção de 95,57 milhões toneladas, o que equivale a uma produtividade média nacional de 2870 kg ha⁻¹ (CONAB, 2016).

O complexo da soja ocupa um lugar de destaque na pauta de exportações brasileiras, movimentando, no ano de 2015, US\$ 27,96 o que corresponde a 14% do total das exportações do país. Além disso, tem a maior participação no produto interno bruto agrícola e apresenta perspectivas de crescimento contínuo (ABIOVE; SECEX, 2016).

O sucesso do agronegócio da soja brasileira pode ser atribuído ao sofisticado pacote tecnológico desenvolvido para o cultivo da cultura no país, resultado dos esforços realizados por instituições de pesquisa. Ademais, deve-se destacar os programas de melhoramento genético de soja do Brasil, que ao longo dos anos já disponibilizaram centenas de cultivares no mercado (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

2.4 Melhoramento e parâmetros genéticos em soja

A expansão da soja no Brasil deve ser atribuída em grande parte aos investimentos públicos e privados em pesquisas na área de melhoramento genético da cultura, o que possibilita a constante disponibilidade de cultivares adaptadas a todas as regiões do país. Os programas de melhoramento genético de soja têm como objetivo o desenvolvimento de cultivares mais produtivas, resistentes a pragas e doenças, estáveis

e adaptadas às diferentes regiões e sistemas de cultivos, bem como melhores qualidades nutricionais (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

No processo de melhoramento, estão envolvidas várias fases, desde a escolha dos genitores para a obtenção de populações segregantes, avanço de gerações, processos de avaliação e seleção, testes de resistência a pragas e doenças até a recomendação de cultivares (ALMEIDA e KIIHL, 1998).

Uma das principais etapas do programa de melhoramento é a escolha dos genitores para hibridação artificial e, consequentemente, para a obtenção de populações segregantes com variabilidade necessária para o sucesso dos processos de seleção, visando atender aos diversos objetivos do programa de melhoramento (BERTAN; CARVALHO; OLIVEIRA, 2007; PEREIRA et al., 2007).

As populações segregantes são submetidas a várias gerações de autofecundação para restauração da homozigose. Para tanto, podem ser empregados os seguintes métodos de população segregante: método da população, método genealógico, método descendente de uma única semente (*Single Seed Descendente* - SSD), método descendente de uma única vagem (*Single Pod Descendent* - SPD) e teste de geração precoce (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015). A partir de populações em gerações mais avançadas, são selecionadas as plantas para o estabelecimento de testes de progêneres e seleção de linhagens com características agronômicas desejáveis (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

As estimativas de parâmetros genéticos, como herdabilidades, correlações genéticas e fenotípicas e ganhos de seleção, tem grande importância em programas de melhoramento genético, possibilitando tomadas de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (HEIKO, 2002). A variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio dessas estimativas as quais refletem a natureza do material genético e a ação do ambiente, permitindo assim, a predição dos ganhos decorrentes da seleção e a definição das estratégias de melhoramentos a serem adotadas.

A herdabilidade (H^2) reflete a proporção do valor fenotípico que pode ser herdada, ou seja, quantifica a confiabilidade do valor fenotípico como guia para o valor genético. Apenas o valor fenotípico de um indivíduo pode ser mensurado, porém, é o valor genético que influenciará a próxima geração (RAMALHO et al., 2012). Em gerações avançadas no processo de melhoramento, o parâmetro H^2 é denominado como

coeficiente de determinação genotípico, por se tratar de genótipos já fixados e que foram pré-selecionados (VASCONCELOS et al., 2012; YOKOMIZO; VELLO, 2000).

Assim, Leite et al. (2015), ao analisarem 28 genótipos de soja tardia no sul do Piauí, encontraram uma estimativa para esse parâmetro acima de 70% para os caracteres estudados, sendo que para a produção de grãos o valor foi de 81,77% indicando que as diferenças entre os genótipos foram predominantemente de natureza genética.

A razão entre o coeficiente de variação genético (cVg) e o coeficiente de variação ambiental (cVe) é um parâmetro genético que pode ser empregado como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de genótipos para cada caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), valores acima de uma unidade são considerados ideais para a seleção.

Leite et al. (2016) ao estudarem estimativas de parâmetros genéticos para caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja observaram cVg/cVe acima de uma unidade para altura de plantas na floração e na maturidade, altura de inserção de primeira vagem e numero de nos produtivos, indicando que podem obter, na seleção de genótipos superiores, ganhos genéticos expressivos.

2.5 Doença da soja – Mofo Branco

As doenças da soja, causadas tanto por agentes de origem biótica quanto abiótica, são uma das principais barreiras à produção do grão, causando danos irreparáveis à produção e gerando sérios prejuízos aos produtores. Para que o controle dessas doenças seja eficiente, é importante a adoção de um controle integrado de doenças, o que sugere a aplicação conjunta de práticas de controle cultural, biológico, químico e genético (CASTRO; LEMES; ASSIS, 2015).

Com ênfase no controle genético de doenças, os programas de melhoramento dos setores privado e público brasileiros estão unidos para o desenvolvimento de cultivares resistentes, ou parcialmente resistentes a essas doenças. Essas tecnologias, dentro do cenário econômico, comportam-se como uma estratégia de liderança no controle de custos, e o conhecimento desses princípios e tecnologias contribuem de forma decisiva para o sucesso da sojicultura (CASTRO; LEMES; ASSIS, 2015).

Dentre as principais doenças que acometem a cultura da soja, o mofo branco é considerado a segunda doença mais importante na cultura, atrás apenas da ferrugem asiática. No Brasil, as epidemias de mofo branco, causadas por *Sclerotinia sclerotiorum*,

estão amplamente distribuídas em várias regiões produtoras, tendo sua incidência aumentada na soja a partir da década de 90 (FURLAN, 2015).

Estima-se que aproximadamente 23% da área cultivada de soja no Brasil e 100% da área irrigada por pivô central estejam contaminadas pela presença de escleródios do patógeno (MEYER et al., 2014). Esses autores afirmam que o *Sclerotinia sclerotiorum* é responsável por perdas de até 30% em lavouras de soja. Plantas doentes podem ter a produção reduzida em até 37% considerando uma incidência de 50% na lavoura.

As condições macroclimáticas favoráveis a uma epidemia são precipitações elevadas, irrigações frequentes e temperaturas amenas entre 18°C e 24°C. Regiões com altitudes acima de 700 m são mais propícias ao desenvolvimento do patógeno, principalmente por causa do período de molhamento e das temperaturas noturnas menores. A frequência de dias nublados também afeta a severidade da doença (FARLAN, 2015).

Antes do aparecimento dos sintomas nas plantas, é comum, na superfície do solo, surgir um crescimento micelial branco e cotonoso, originado da germinação dos escleródios, com maior frequência nos locais sombreados pelo fechamento das ruas, logo no início do período reprodutivo da soja. Esse micélio pode, por contato, alcançar a parte aérea e afetar ramos, folhas e vagens (FARLAN, 2015).

A partir das infecções das flores, consideradas a fonte inicial de inóculo, os sintomas evoluem para as axilas das folhas e ramos laterais. Estes são caracterizados por pequenas manchas aquosas que rapidamente evoluem para uma podridão mole dos tecidos, onde, sob condições favoráveis, há o crescimento típico do micélio de aspecto conotoso. O micélio origina, interna e externamente aos tecidos das hastes e vagens, os escleródios, que são estruturas rígidas, de coloração preta. Em consequência, surgem os sintomas de murcha, seca e morta das áreas afetadas, podendo ocorrer em toda a planta (FARLAN, 2015).

O inóculo, após ser introduzido na área, é de difícil erradicação, portanto a melhor forma de controle da doença é a preventiva. Assim, as principais práticas de prevenção do mofo branco se constituem no uso de sementes sadias, no tratamento das sementes e na limpeza de implementos e máquinas que transitam em lavouras vizinhas.

No entanto, para as áreas já infectadas, devem ser incluídas outras medidas, como a racionalização do volume de água na lavoura, a semeadura em épocas menos favoráveis ao patógeno, a rotação de cultura com gramíneas, o uso de microorganismos antagônicos a base de *Trichoderma* e *Bacillus*, a redução do adensamento de plantas,

aumento do espaçamento, uso de cultivares com porte e dossel que proporcionem menores acamamentos e maior aeração, controle químico, entre outras medidas (FERRAZ et al., 1999).

2.6 Diversidade genética

O conhecimento da diversidade genética é essencial para a utilização, conservação e gerenciamento dos recursos genéticos. Estudos sobre esse tema têm sido empregados na identificação de combinações híbridas adequadas, bem como na avaliação da evolução de plantas, identificação de conjunto gênico mais amplo e a viabilidade de cruzamentos (MIRANDA, 1998).

A divergência genética pode ser baseada em caracteres agronômicos, morfológicos, coeficiente de parentesco ou ainda moleculares, empregando técnicas multivariadas, as quais permitem unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres (ODA et al., 2015; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Embora seja possível adotar informações de genealogia para estudos de diversidade genética em soja, estes são limitados, pois as empresas de melhoramento não têm publicado os genitores das cultivares mais recentes. É possível também empregar informações obtidas por meio de marcadores moleculares, todavia, a disponibilidade de recursos financeiros e laboratórios de biologia molecular não é uma realidade em todos os programas de melhoramento. Nesse contexto, uma alternativa são os estudos de divergência genética com o uso de informações fenotípicas.

O estudo da diversidade genética tem sido realizado com o intuito de selecionar genitores divergentes e com características de interesse para a formação de híbridos para a obtenção de populações segregantes. O uso de genitores divergentes resulta em maior variabilidade genética e em uma maior probabilidade de rearranjar os alelos em novas combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011).

Estudos têm evidenciado que a soja brasileira apresenta base genética estreita, ou seja, originou-se de poucas linhagens, fato que dificulta a escolha dos genitores nos programas de melhoramento (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

70% das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul na década de 1980 descendiam das cultivares americanas Hill, Hood ou de ambas (BONETTI, 1983). Hiromoto e Vello (1986), ao estudarem a base genética das cultivares brasileiras na

época, relataram que apenas onze ancestrais contribuíram com 89% do conjunto de genes de todo germoplasma brasileiro de soja. Ao estimarem o coeficiente de parentesco de 90 cultivares de soja adaptadas aos diferentes ambientes brasileiros, Miranda et al. (2007) concluíram que o coeficiente de parentesco entre elas é alto, indicando o alto grau de similaridade entre as principais cultivares indicadas para o Brasil na época.

Em pesquisas mais recentes, Wysmierski e Vello (2013) avaliaram a divergência genética de 444 cultivares brasileiras e concluíram que, apesar de serem constituídas por 60 ancestrais comuns, apenas quatro deles representavam 55,26% da base genética. Os autores também relatam que, com o passar do tempo, houve um aumento no número de ancestrais, no entanto os quatro principais ancestrais foram os mesmos em todos os períodos estudados.

2.7 Metodologias para a avaliação da diversidade genética e sua aplicação em soja

No estudo de diversidade genética, podem ser empregadas diversas metodologias, sendo a escolha do método mais adequado determinada de acordo com os objetivos do pesquisador, pela facilidade de análise e pela forma em que os dados foram obtidos. Entre os métodos mais empregados, destacam-se os métodos de agrupamentos (hierárquico e otimização), as variáveis canônicas e os componentes principais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os métodos de agrupamento têm o propósito de dividir um grupo original de observações em vários subgrupos, para que se tenha homogeneidade dentro dos grupos e heterogeneidade entre os grupos, sendo que os métodos hierárquicos e os de otimização os mais empregados pelos melhoristas de plantas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Os agrupamentos são feitos com base na utilização de medidas de dissimilaridade previamente estimada, entre as quais se encontram a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Esta última é obtida a partir de dados quantitativos, com repetição, empregada em estudos de divergência em diferentes culturas (MULATO et al., 2010).

Nos métodos hierárquicos, os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até que seja estabelecido um dendrograma. As delimitações são estabelecidas por um exame visual do mesmo, os quais se avaliam pontos de alta

mudança de nível, tomando-se, em geral, como delimitadores do número de genótipos para determinado grupo (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Os métodos de otimização fundamentam-se na partição do conjunto de genótipos em subgrupos não vazios e mutuamente exclusivos, por meio da maximização ou minimização de alguma medida de dissimilaridade preestabelecida. No método de otimização de Tocher, é adotado o critério de manter a distância média intra grupos sempre inferior a qualquer distância intergrupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Almeida, Peluzio e Afférri (2011), ao avaliarem a divergência genética entre doze cultivares de soja em condições de várzea irrigada, no Sul do Estado do Tocantins, observaram semelhança no agrupamento dos genótipos nos métodos de otimização de Tocher e vizinho mais próximo. Villela et al. (2014), ao estimarem a diversidade genética em 74 cultivares de soja transgênica de diferentes programas de melhoramento brasileiro, baseadas em técnicas estatísticas multivariadas a partir de características fenotípicas e marcadores moleculares de microsatélites (SSR), concluíram que os métodos UPGMA (*Unweighted Pair Group Method With Arithmetic Mean*) e de otimização de Tocher separaram os genótipos em sete grupos distintos.

A análise por variáveis canônicas tem como objetivo avaliar a similaridade entre genótipos por meio de uma dispersão gráfica, considerando tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica dos caracteres avaliados. Essa técnica permite a simplificação no conjunto de dados, resumindo as informações, originalmente contidas em um grupo de variáveis, em poucas variáveis, que apresentam as propriedades de reterem o máximo da variação disponível e serem independentes entre si (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Santos et al. (2011), avaliando por meio de técnicas multivariadas a divergência genética entre 48 genótipos de soja, no estado do Tocantins, relataram a concordância entre os métodos de Tocher, UPGMA e as variáveis canônicas na constituição de grupos de genótipos.

Em estudos de diversidade genética, a identificação dos caracteres que mais contribuem para a diferenciação dos genótipos é uma informação relevante, pois possibilita identificar os caracteres essenciais em estudos dessa natureza. Por intermédio dessa análise, pode-se reduzir o número de caracteres e eliminar aqueles que contribuem pouco para o estudo, facilitando a interpretação dos dados sem a perda de informações (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Pela contribuição relativa de Singh (1981), Torres et al. (2015) identificaram os caracteres de número total de vagens e de altura de inserção de primeira vagem, os quais contribuíram respectivamente com 25 e 24% para a diversidade genética em soja cultivada no Mato Grosso do Sul. Por outro lado, Santos et al. (2011) verificaram que o caráter de número de vagens com três grãos contribuiu mais para diversidade genética, contando com 32%.

2.8 Correlações entre caracteres

O desenvolvimento de cultivares superiores às existentes no mercado é o objetivo dos programas de melhoramento, mas agregar vantagens adicionais é um desafio constante para os melhoristas. E isso porque o mercado exige, além de altas produtividades, características que reduzem os custos de produção, como tolerância às pragas e doenças, uso eficiente de nutrientes, bem como arquitetura adequada das plantas para facilitar o manejo (RAMALHO et al., 2012).

Em virtude do grande número de caracteres melhorados ao mesmo tempo, os programas de melhoramento têm encontrado dificuldades na seleção de genótipos com várias características superiores, em função da existência de correlação entre os caracteres. Além disso, essa correlação pode ser positiva ou negativa (RAMALHO et al., 2012).

Os estudos das correlações entre caracteres permitem o conhecimento das alterações que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro que lhe é correlacionado. Essa informação é útil ao melhorista especialmente quando a seleção para um caráter é dificultada por causa da baixa herdabilidade, ou empecilho na sua mensuração e identificação (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Podem ser estimadas correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação fenotípica é estimada com base em dados diretamente mensurados, podendo ser de causa genética ou ambiental. A causa da correlação genética é, principalmente, o pleiotropismo, fenômeno pelo qual um gene influencia dois ou mais caracteres. As ligações gênicas também podem ser a causa de correlação genética, no entanto essa correlação é transitória e ocorre principalmente em populações derivadas de cruzamentos entre linhagens divergentes (FALCONER; MACKAY, 1996).

O ambiente é a causa de correlações entre caracteres quando estes são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais. Se o ambiente favorece

um caráter em detrimento do outro, as estimativas de correlação ambiental são negativas e serão positivas se dois caracteres forem beneficiados ou prejudicados pelas mesmas condições ambientais (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

O valor absoluto dos coeficientes de correlações não ultrapassa uma unidade e são adimensionais. Vale enfatizar que coeficientes iguais a zero evidenciam a falta de relação linear entre os caracteres e não a ausência de relação ou dependência entre eles (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Estudos de correlação entre caracteres têm sido amplamente realizados na cultura da soja. Almeida, Peluzio e Afférri (2010), ao estimarem as correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente para a cultura da soja, concluíram que a seleção de plantas de florescimento tardio e com maior altura de inserção de primeira vagem possibilita a seleção indireta para o caráter de produção de grãos, em virtude da correlação positiva e significativa entre esses caracteres e a produção de grãos.

Ao investigarem as correlações entre os caracteres agronômicos em plantas de soja infectadas naturalmente com *Phakopsora pachyrhizi*, Rodrigues et al. (2015) relataram correlações positivas e de elevada magnitude entre o número total de vagens e o número de vagens com dois ou três grãos, indicando que o primeiro é um caráter útil para a seleção indireta de genótipos de soja para grãos de altos rendimentos.

2.9 Análise de trilha

De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), apesar dos coeficientes de correlações serem úteis na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, eles não dão a exata importância relativa aos efeitos diretos e indiretos desses fatores.

Para contornar esse problema, utiliza-se a análise de trilha, a qual consiste no estudo dos efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre uma variável básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, nas quais as variáveis são previamente padronizadas (WRIGHT, 1921).

Verifica-se o emprego da análise de trilha em diversas culturas, como no feijão (CABRAL et al., 2011), no trigo (GONDIM et al., 2008), na cana-de-açúcar (ESPÓSITO et al., 2011; SILVA et al., 2009), no algodão (HOOGERHEIDE et al., 2007), na pimenta (MOREIRA et al., 2013) e também na cultura da soja (NOGUEIRA et al., 2012; TEODORO et al., 2015; ALCANTARA NETO et al., 2011).

O desdobramento das correlações depende do conjunto de caracteres estudados, os quais, normalmente, são estabelecidos pelo conhecimento do pesquisador, pela sua importância e pelas possíveis inter-relações expressas em diagramas de trilha (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Nesse contexto, a análise de trilha é uma ferramenta que permite ao melhorista compreender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor a correlação existente em efeitos diretos e indiretos. Essa decomposição é feita por meio de uma variável principal e das variáveis explicativas. Basicamente, a análise de trilha é utilizada na formulação do relacionamento causa-efeito entre os caracteres (SCHUSTER, 1996; LI et al., 2013).

Rigon et al. (2012), ao realizaram a análise de trilha para averiguar as contribuições diretas e indiretas de caracteres agronômicos sobre o rendimento de grãos, observaram que a maturação fisiológica, o índice de acamamento, a altura de planta e a altura de inserção da primeira vagem pouco influenciaram o rendimento dos grãos, contudo, tiveram relação direta significativa com a massa de 100 grãos. Nogueira et al. (2012), estudando a análise de trilha em soja em duas épocas de semeadura, concluíram que o número de vagens por planta, independentemente da época de semeadura, foi o caráter mais favorável à produtividade de grãos.

2.10 Manejo da cultura da soja

O principal objetivo dos produtores de soja é alcançar a máxima lucratividade na lavoura comercial. No entanto, a produtividade da soja é definida pela interação da planta com o ambiente e o manejo. Assim, além da necessidade de clima favorável, várias técnicas de manejo devem ser empregadas para garantir o máximo desempenho da lavoura (CRUZ et al., 2016; PEREIRA et al., 2011).

Devido à sua fácil adaptação ao sistema de plantio direto, a cultura da soja é considerada a principal cultura para compor os sistemas de rotação lavoura-pastagem, não só devido a aspectos econômicos, mas também por ser eficiente fixadora de nitrogênio atmosférico (PEREIRA et al., 2011). Segundo a Embrapa (2013) estima-se que esse sistema é adotado em 75% da área ocupada por lavouras anuais de grãos no Brasil.

No que diz respeito à adubação, o nutriente mais requerido em quantidade pela soja é o nitrogênio, cerca de 70 a 94% da demanda desse nutriente é suprida pela

fixação biológica, e o restante fornecido pelo solo, principalmente pela matéria orgânica. Desse modo a adubação de manutenção com N mineral não é recomendada, devido ao antagonismo com o sistema biológico da fixação biológica. Caso a adubação seja realizada, esta não deve ultrapassar 20 kg ha⁻¹ de N mineral (CAMÂRA, 2015).

A recomendação de adubação de fósforo e potássio para a cultura da soja é baseada na disponibilidade dos referidos nutrientes no solo e a partir de uma análise do solo. Assim sendo, a recomendação de P segue a classificação dos níveis de fertilidade do solo, e implica que em níveis entre médio e bom a adubação deve ser realizada com 20 kg ha⁻¹ de P₂O₅ para cada tonelada de soja que se espera produzir. A recomendação de potássio, porém, é gerida pela quantidade mensurável do nutriente, e implica que com a presença de 50 mg dm⁻³ de K a adubação deve ser realizada com 20 kg ha⁻¹ de K₂O para cada tonelada de grãos de soja produzidos, no entanto se a dose recomendada de potássio ultrapassar 50 kg ha⁻¹, sugere-se a aplicação parcelada (EMBRAPA, 2013).

Outro fator limitante nas lavouras de soja é a presença de plantas daninhas. Assim, o manejo eficiente de plantas daninhas na cultura da soja deve ser realizado a partir da supervisão constante da lavoura por um profissional capacitado, desenvolvendo programas específicos para as situações detectadas.

Competição com plantas daninhas principalmente nos estádios iniciais de desenvolvimento da cultura, resultando em perdas na produtividade, que podem ser superior a 80% ou, até mesmo em casos extremos, inviabilizar a colheita (AGOSTINETTO et al., 2015).

O período crítico de competição da cultura da soja é de 30 a 50 dias após a emergência, dependendo do genótipo. Acker et al. (1993), porém, constataram que em média, a cultura da soja deve estar livre de competição dos 9 aos 38 dias após a emergência, período em que se encontra entre os estádios V2 e R3.

Para se obter um controle eficiente de plantas daninhas, devem-se conhecer aquelas com maior infestação na área para escolher as práticas e/ou herbicidas adequados para serem utilizados. Os herbicidas pré-emergentes, atuam após a semeadura da cultura e antes da emergência das plantas daninhas, e os pós-emergentes, têm efeito sobre plantas daninhas já emergidas. Para a correta opção, deve-se atentar para a espécie e o estádio de desenvolvimento das plantas daninhas (AGOSTINETTO et al., 2015). O número de herbicidas disponíveis no mercado que controlam plantas daninhas de folhas largas e estreitas na cultura da soja convencional é grande (mais de 40 ingredientes ativos).

Para se aproximar ao máximo de uma produtividade que atenda a todo o potencial da cultura, é necessário uma disponibilidade hídrica de 450 a 850 mm por ciclo (EMBRAPA, 2013). No período de germinação e emergência tanto o excesso como o déficit de água são prejudiciais à obtenção de uma boa uniformidade na população de plantas. Nestas fases, o conteúdo de água no solo não deve exceder 85% do total de água disponível, nem ser inferior a 50%.

No período vegetativo há o aumento da exigência hídrica, chegando a 6 mm/dia, ocasionado pelo desenvolvimento da área foliar. Secas severas nesse período determinam plantas de pequena estatura, devido à diminuição no número de nós e comprimento dos entrenós, raquíticas e com folhas pequenas (BONATO, 2000).

A necessidade máxima de água na cultura da soja atinge-se durante a floração e enchimento de grãos (7 a 8 mm/dia), decrescendo após esse período. Déficit hídrico expressivo durante esses períodos provocam alterações fisiológicas na planta, causando queda prematura de flores e abortamento de vagens, prejudicando o enchimento de grãos.

Antes da instalação da lavoura é necessário decidir a densidade de semeadura, pois a associação de arranjos espaciais e população de plantas tem se destacado como uma ferramenta para o aumento da produtividade (BRACHTVOGEL et al., 2009). Em virtude da plasticidade fenotípica da cultura, a soja possui a capacidade de se adaptar às condições ambientais e de manejo, por meio de modificações na morfologia e nos componentes de rendimento (PIRES et al., 1998).

A densidade de semeadura interfere na competição inter e intra específica por recursos do solo, especialmente por luz, água e nutrientes, além de provocar mudanças morfológicas nas plantas, como altura e ramificação, influenciando no crescimento da planta de soja (ARGENTA et al., 2001; MARTINS et al., 1999). A população ideal de plantas está relacionada ao ciclo biológico, à altura da planta, ao tipo de crescimento, ao índice de acamamento e ao período juvenil de cada cultivar (GILIOLI, 2000).

Ao realizar um levantamento de resultados de pesquisa sobre população de plantas em soja, Dutra et al. (2007) concluíram que o genótipo tem influência direta na resposta de diferentes populações, ou seja, alguns aumentam o rendimento, outros o mantém estável e outros reduzem-no com o aumento da população de plantas.

No entanto, a redução e o aumento da população de plantas em função da população indicada pelos obtentores das cultivares devem ser bem estudados, pois as

características intrínsecas ao genótipo e as condições ambientais interferem no desempenho agronômico (LUDWIG et al., 2011).

Ao estudarem o aumento na população de plantas de soja, Martins et al. (1999) relataram redução na emissão de ramos da haste principal de soja com o aumento da densidade de plantas de 10 para 30 plantas por metros quadrados. Ludwing et al. (2011), por sua vez, ao avaliarem o comportamento de cultivares de soja convencionais e transgênicas quando cultivadas com diferentes populações, concluíram que o número de vagens por planta e o número de grãos por vagem reduziu com o aumento do número de plantas por área.

3. REFERÊNCIAS

- AGOSTINETTO, D.; VARGAS, L.; GAZZIERO, D. P., SILVA, A. A. Manejo de plantas daninhas. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 234-255p.
- ALCANTARA NETO, F.; et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Guruguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALMEIDA, L. A.; KIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil - desafios e perspectivas. In: **Soja: Tecnologia da Produção**. Gil. M. S. Câmara (ed.). Piracicaba, SP, USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.
- ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Biosciense Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M.; AFFÉRRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.
- ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado-da-arte. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.31, n.6, p.1075-1084, 2001.
- ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DAS INDÚSTRIAS DE OLÉO VEGETAL – ABIOVE. **Estatística**. São Paulo, 2016. Disponível em:
http://www.abiove.org.br/site/_FILES/Portugues/09062016-170618-exp_201605.pdf. Acesso em: 15 dez. 2016.
- BÁRBARO I. M.; et al. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v.35, n.2, p.136-145, 2007.
- BARONA, M. A. A.; COLOMBARI FILHO, J. M.; GERALDI, I. O. Epistasia para a produção de grãos em soja. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.2, p.313-318, 2009.
- BERNARD, R. L. Two genes affecting stem termination in soybean. **Crop science**, v. 12, p. 235-239, 1972.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.; OLIVEIRA, A. C. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, Seoul, v. 10 n. 4, p. 211-222, 2007.
- BEZERRA, A. R. G.; et al. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. UFV, Viçosa, 2015, p. 09-26.
- BONATO, E. R. **Estresse em soja**. Passo Fundo, RS: Embrapa Trigo, 2000. 254 p.
- BONETTI, L. P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.

- BRACHTVOGEL, E. L.; PEREIRA, F. R. S. da; CRUZ, S. C. S.; BICUDO, S. J. Densidades populacionais de milho em arranjos espaciais convencional e equidistante entre plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n.8, p. 2334-2339, 2009.
- CABRAL, P. D. S.; et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris L.*) e seus componentes. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 132-138, 2011.
- CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia de produção**. Piracicaba: Publique, 1998. 293 p.
- CÂMARA, G. M. S. Preparo do solo e plantio. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 66-109p.
- CHUNG,G.; SINGH, R.J. Broadening the genetic base of soybean: a multidisciplinary approach. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v.27, n. 5, p.295-341, 2008.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: primeiro levantamento, outubro, 2016**. Brasília: CONAB, 2016. Disponível em <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 1 out. 2016.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- CRUZ, S.C.S.;et al. Cultivo de soja sob diferentes densidades de semeadura e arranjos espaciais. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia, v. 3, n. 1, p. 1–6, 2016.
- DUTRA, L. M. C.; et al. População de plantas em soja. In. REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO SUL, 35, 2007, Santa Maria. **Anais...** Santa Maria: Universidade Federal de Santa Maria, 2007, p. 95.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja: região central do Brasil, 2014**. - Londrina: Embrapa Soja, 2013. 266p.
- ESPÓSITO, D. P.;et al. Análise de trilha usando valores fenotípicos e genotípicos para componentes do rendimento na seleção de famílias de cana-de-açúcar. **Ciência Rural**, Santa Maria, 2011.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**, 4.ed. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996, 464p.
- FERRAZ, L. C. L.; CAFÉ FILHO, A. C.; NASSERB, L. C. B.; AZEVEDO, J. Effects of soil moisture, organic matter and grass mulching on the carpogenic germination of sclerotinia and infection of bean by *Sclerotinia sclerotiorum*. **Plant Pathology**, v. 48, p. 48, 77–82, 1999
- FREITAS, S. M.; MARGARIDO, M. A.; BARBOSA, M. Z.; FRANCA, T. J. F. **Análise da dinâmica de transmissão de preços no mercado internacional de farelo de soja, 1990-99**. Agricultura em São Paulo, v.48, n.1, p.1-20, 2001.

FURLAN, S. H. Mofo branco. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 53-72.

GILIOLOI, J. L. **Agricultura tropical: desafios, perspectivas e soluções**. Brasília: ABCBSB, 2000, 128 p.

GONDIM, T. C. O.; et al., Análise de trilha para componentes do rendimento e caracteres agronômicos de trigo sob desfolha. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.4, p.487-493, 2008.

HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brasilian soybean (*Glycine max* L. Merrill) cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 9, n. 2, p. 295-306. 1986.

HOOGERHEIDE, E. S. S.; et al. Correlações e análise de trilha de caracteres tecnológicos e a produtividade de fibra de algodão. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.42, n.10, p.1401-1405, 2007.

HYMOWITZ, T. Speciation and cytogenetics. In: BOERMA, H.R.; SPECHT, J.E. (Ed.). **Soybeans: improvement, production and uses**. 4th ed. Madison: American Society of Agronomy, Crop Science Society of America and Soil Science Society of America, 2004, p. 97-136.

JULIATTI, F. C.; SAGATA, E.; JULIATTI, B. C. M. Ranqueamento de genótipos de soja com resistência parcial por diferentes métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* submetidos à análise de correlação. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 681-689, 2013.

LEMES, E. M.; CASTRO, L. H. S.; ASSIS, R. T. **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas, SP: Millennium Editora, 2015, 363p.

LI, Y.S.; et al. Correlation and path coefficient analysis for yield components of vegetable soybean in northeast China. **Legume Research**, v. 36, n. 4, p. 284-288, 2013.

LUDWIG, M. P.; et al. Populações de plantas na cultura da soja em cultivares convencionais e *Roundup Ready*. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n.3, p. 305-313, 2011.

MARTINS, M. C.; et al. Épocas de semeadura, densidades de plantas e desempenho vegetativo de cultivares de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba-SP, v. 56, n. 4, p. 851-858, 1999.

MATSUO, E.; FERREIRA, S. C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. UFV, Viçosa, 2015, p. 27-53.

MAUAD, M.; SILVA, T. L. B.; ALMEIDA NETO, A. I.; ABREU, V. G. Influência da densidade de semeadura sobre características agronômicas na cultura da soja. **Revista Agrarian**, Dourados-MS, v. 3, n. 9, p. 175-181, 2010.

MEYER, M.C.; et al. Eficiência de fungicidas para controle de mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) em soja, na safra 2014/2015: resultados summarizados dos

ensaios cooperativos. Londrina: Embrapa Soja, 2015. 4 p. (Embrapa Soja. Circular Técnica, 114).

MEYER, M.C.; et al. **Ensaio corporativo de controle de mofo branco na cultura da soja: safras 2009 a 2012.** Documentos 345. Londrina: Embrapa Soja, 2014. 100 p.

MIRANDA, G. V. **Diversidade genética e desempenho de cultivares de soja como progenitores.** 1998. 117f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 1998.

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

MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. **A soja no Brasil.** Instituto de Tecnologia de Alimentos – ITAL, Campinas, 1061p, 1981.

MOREIRA, S. O.; et al. Correlações e análise de trilha sob multicolinearidade em linhas recombinadas de pimenta (*Capsicum annuum L.*). **Agrária**, Recife, v.8, n.1, p.15-20, 2013.

MULATO, B.M.; et al. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

NOGUEIRA, A. P. O. ; et al. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja.** Londrina: Mecenas, 2009, 7-16p.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja.** Viçosa, 2011. 139f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, 2011.

NOGUEIRA, A. P. O.; et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, A. P. O; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas ultimas décadas. In: LEMES, E; CASTRO, L.; ASSIS, R. (Org.) **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo.** Campinas: Millennium Editora, 2015, p. 159-178.

ODA, M. C.; et al. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 1-9, 2015.

PEREIRA, H. S.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; COUTO, K. R. Informações fenotípicas e marcadores microssatélites de QTL na escolha de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, p.707-713, 2007.

PEREIRA, R. G.; ALBUQUERQUE, A. W.; SOUZA, R. O.; SILVA, A. D.; SANTOS, J. P. A.; BARROS, E. S.; MEDEIROS, P. V. Q. Sistemas de manejo do solo: soja

[*Glycine max* (L.)] consorciada com *Brachiaria decumbens* (STAPF). **Pesquisa Agropecuária Tropical**, Goiânia, v. 41, n. 1, p. 44-51, 2011.

PIMENTA, C. B.; et al. Avaliação da eficiência de fungicidas no manejo do mofo branco na cultura da soja em Goiás. In: REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL, 31. 2010, Brasília. **Anais...** Brasília: Embrapa Soja, 2010. P. 186.

PIRES, J. L.; COSTA, J. A.; THOMAS, A. L. Rendimento de grãos de soja influenciado pelo arranjo de plantas e níveis de adubação. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v. 4, n. 2, p. 183-188, fev. 1998.

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.

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

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.

RODRIGUES, B.; et al. Correlations between traits in soybean (*Glycine max* L.) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 17718-17729, 2015.

SANTOS, E. R.; et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n.6, p. 755-764, 2011.

SCHUSTER, I. **Correlações, coeficientes de trilha, composição de gluteninas e qualidade do trigo para panificação**. Viçosa: UFV, 1996. 98p.

SEDIYAMA, T. Melhoramento genético da soja no Brasil central. In. Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas, 18, 2014, Lavras. **Anais...** Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2014, p. 27.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja: do plantio à colheita. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R de C.; REIS, M. S. Melhoramento da Soja. In: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-604.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009, p. 1-5.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Produtividade da Soja**. Mecenas: Londrina, 2016. p. 11-18.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SILVA, F. L.; et al. Análise de trilha para os componentes de produção de cana-de-açúcar via blup. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 56, n. 3, p. 308-314, 2009.

SINGH, D. The relative importance of characteres affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic Plant Breeding**, New York, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

TEODORO, P. R.; et al. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 3, p. 794-799, 2015.

TORRES, F.E.; et al. Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, Lisboa, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

VILLELA, O.T.; et al. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**, Lagos, v. 13 n. 26, p. 2613-2625, 2014

WRIGHT, S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 20, p. 557-585, 1921.

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.

CAPÍTULO 1. Desempenho agronômico e diversidade genética em linhagens e cultivares de soja com diferentes níveis de resistência a *Sclerotinia sclerotiorum*

RESUMO

O conhecimento da diversidade genética é de grande importância para o melhoramento de plantas, pois auxilia os melhoristas na escolha de genitores para formação de populações segregantes, especialmente na cultura da soja que é de base genética estreita. O objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho agronômico e a diversidade genética de linhagens e cultivares de soja com diferentes níveis de resistência ao mofo branco, com potencial de serem utilizados como genitores em programas de melhoramento genético. O primeiro experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, na safra de 2015/2016. Avaliaram-se 24 genótipos de soja, sendo 22 linhagens e duas cultivares, em delineamento de blocos completos casualizados, nos quais foram avaliados 23 caracteres morfo-agronômicos. Os genótipos foram agrupados pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade. A dissimilaridade genética foi estimada pela distância generalizada de Mahalanobis e os genótipos agrupados pelos métodos UPGMA, Tocher e variáveis canônicas. O segundo experimento, para avaliar a reação dos genótipos ao *Sclerotinia sclerotiorum* foi conduzido em casa de vegetação utilizando os mesmos genótipos. Após a inoculação do fungo, avaliou-se o tamanho da lesão na haste da planta. Houve variabilidade genética para todos os caracteres agronômicos. Os genótipos UFU B7, UFU B14, UFU B16, Msoy-6101 e UFU B5 foram classificados como genótipos de ciclo precoce, com duração variando de 107,3 a 111 dias. Os genótipos UFU B1, UFU B3, UFU B8 e UFU B16, por sua vez, apresentaram produtividades elevadas em relação aos demais com valores superiores à média nacional, que é de 2870 kg ha⁻¹. Em função do tamanho da lesão nove dos genótipos avaliados apresentaram resistência ao mofo branco, três foram susceptíveis e os restantes considerados moderadamente resistentes. Os genótipos foram agrupados pelos métodos UPGMA, Tocher e variáveis canônicas. Tanto pelo método UPGMA e Tocher foram formados quatro grupos distintos. O NDF foi o caráter que mais contribuiu com a diversidade genética. Hibridações dos genótipos UFU B3, UFU B8 e UFU B16 com o genótipo UFU B1 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética superior. Desse modo, concluiu-se que o uso de caracteres agronômicos permitiu detectar genitores potenciais para o programa de melhoramento de soja da UFU.

Palavras - chave: *Glycine max*; Hibridação; Genitores; Melhoramento Genético.

ABSTRACT

Knowledge of genetic diversity is of great importance to the contribution of plant breeding as it helps plant breeders to select better parents for establishment of segregating populations. This knowledge is especially important to crops that presents a narrow genetic base such as soybean. The objective of this work was to assess agronomic performance and genetic diversity of lines and soybean cultivars, in order to find those ones with potential to being using as parents on breeding programs. Experiment was carried out during 2015/2016 season in the Federal University of Uberlândia farm known as Capim Branco. A randomized complete block design was applied in order to assess twenty-three morpho-agronomic features on twenty-four soybean genotypes. Significant genetic variability for all agronomic traits was found. Genotypes UFU B7, UFU B14, UFU B16, Msoy-6101 and UFU B5 were set early maturity soybean, with life cycle duration ranging from 107.3 to 111 days. Genotypes UFU B1, UFU B3, UFU B8 and UFU B16 presented productivity values higher than national average of 2,870 kg ha⁻¹. Genotypes were clustered by UPGMA, Tocher and canonical variables methods. Both UPGMA and Tocher methods formed four groups. NDF was the major contributor to genetic diversity. Hybridizations between UFU B3, UFU B8, UFU B16 genotypes with UFU B1 genotype might be promising for establishment of segregating populations with superior genetic variability. Under these circumstances, it was concluded that agronomic features assessed were useful on detection of parents with potential to UFU's soybean breeding program.

Keywords: *Glycine max*; Hybridization; Parents, Breeding.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L. Merrill) tem como centro de origem o continente asiático, precisamente a região da antiga China. É considerada a espécie vegetal que mais expandiu o cultivo nos últimos anos, colocando o Brasil como o segundo maior produtor mundial dessa leguminosa (RIGON et al., 2012). O país produziu 95,43 milhões de toneladas de grãos em uma área cultivada de 33,25 milhões de hectares com produtividade média de 2870 kg ha⁻¹ (CONAB, 2016).

A expansão da soja em território brasileiro se deve em grande parte ao melhoramento genético da espécie, com desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas com elevado potencial produtivo e tolerantes a pragas e doenças.

Dentre as doenças que acometem a cultura da soja, o mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, tem ganhado importância na cultura, em virtude dos prejuízos causados. Atualmente, é considerada a segunda doença mais importante na cultura (JULIATTI; SAGATA; JULIATTI, 2013). Meyer et al. (2015) relatam reduções médias de 21% na produtividade da soja, podendo chegar até a 70% em algumas lavouras isoladas. Apesar da resistência do hospedeiro ser o método de controle mais confiável e mais econômico para o agricultor e o que menos afeta o meio ambiente, a sua utilização no de *Sclerotinia sclerotiorum* é limitada pela escassez e desconhecimento do germoplasma brasileiro em relação a essa doença (JULIATTI; SAGATA; JULIATTI, 2013).

Entre os fatores determinantes para o sucesso do melhoramento genético, a seleção de genitores constitui a primeira e a mais importante etapa no processo de melhoramento (BERTAN et al., 2007; PIMENTEL et al., 2013). Desse modo, o estudo da diversidade genética com base em caracteres agronômicos, principalmente quantitativos, tem se mostrado como uma boa ferramenta para auxiliar o melhorista na orientação da escolha dos parentais (VILLELA et al., 2014).

Estudos têm evidenciado que a soja brasileira apresenta base genética estreita, ou seja, originou-se de poucas linhagens, fato que restringe a escolha dos genitores nos programas de melhoramento (MIRANDA et al., 2007; PRIOLLI et al., 2010; WYSMIERSKI; VELLO, 2013). Wysmierski e Vello (2013) avaliaram a divergência genética de 444 cultivares brasileiras e concluíram que, apesar de serem constituídas por 60 ancestrais comuns, apenas quatro deles representavam 55,26% da base genética.

A divergência genética pode ser baseada em caracteres agronômicos, morfológicos, coeficiente de parentesco, ou ainda moleculares, permitindo identificar genitores para a formação de uma população segregante e com maior possibilidade de surgimento de segregantes transgressivos (ODA et al., 2015; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Análises multivariadas são amplamente utilizadas em estudo de diversidade genética. As técnicas mais empregadas são as medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamentos, componentes principais e variáveis canônicas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). O conhecimento das dissimilaridades entre genótipos é útil em programas de melhoramento genético, pois propicia informações acerca do grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos.

As medidas de dissimilaridade podem ser obtidas por meio da distância generalizada de Mahalanobis. Esses estudos normalmente são complementados pelos métodos aglomerativos e hierárquicos de agrupamento. O método de otimização de Tocher adota um critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre qualquer outro grupo (RAO, 1962). Já a metodologia de ligação média entre os grupos (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* - UPGMA) agrupa os genótipos por um processo que se repete em vários níveis até formar um dendrograma (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Em estudos de diversidade com soja no Estado do Tocantins, Almeida, Peluzio e Afférrri (2011) observaram que os agrupamentos pelo método de otimização de Tocher e o método UPGMA foram coincidentes na formação dos grupos. O autor relata que o número de dias para a maturidade, o peso de 100 sementes e o número de dias para o florescimento contribuíram com 39,49%, 26,56% e 13,59% respectivamente, para a dissimilaridade genética entre cultivares de soja.

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar o desempenho agronômico e a diversidade genética de genótipos de soja desenvolvidos no Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia. Além disso, objetivou-se também determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja e selecionar os genitores de soja de ampla diversidade fenotípica para o programa de melhoramento. E por fim determinar a resistência dos genótipos ao fungo *Sclerotinia sclerotiorum*.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O primeiro experimento foi conduzido na safra de 2015/2016, em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco ($18^{\circ}52'S$; $48^{\circ}20'W$ e 805 m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais.

Os dados meteorológicos da área experimental durante a condução do experimento estão representados na figura abaixo.

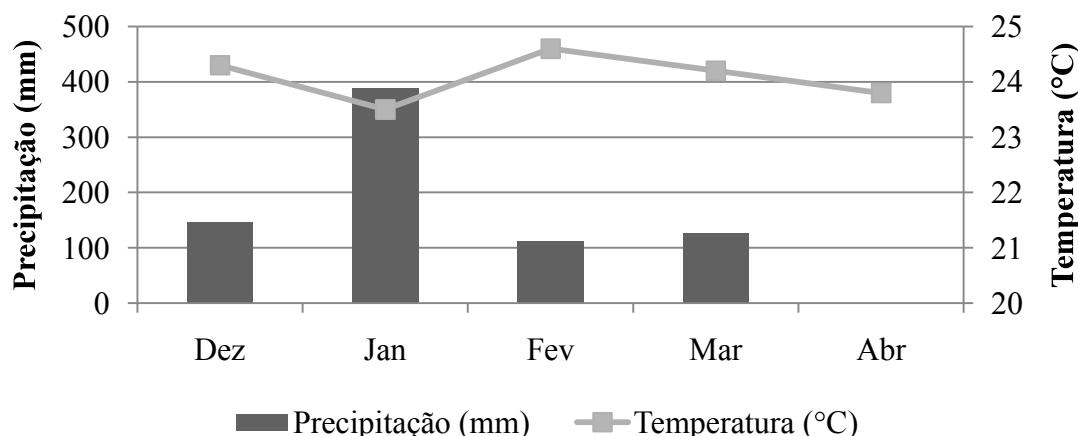


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação na Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, safra 2015/16, durante os meses de dezembro de 2015 a abril de 2016. Fonte: Estação meteorologia da Fazenda Capim Branco e IMET.

Avaliaram-se 22 linhagens em fase final de avaliação desenvolvidas no Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia e duas cultivares (Tabela 1) em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições.

TABELA 1. Características das cultivares utilizadas como testemunha no experimento. Uberlândia – MG, 2016.

Genótipo	Ciclo	Cor de Flor	Cor de Hilo	Tipo de Crescimento
UFUS Guarani	7.8	Branca	Preto	Semideterminado
Msoy-6101	6.1	Branca	Preto	Indeterminado

A parcela experimental constituiu-se de quatro linhas de plantas de soja, com cinco metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas duas fileiras centrais desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, resultando em $4m^2$ para cada parcela.

A área experimental situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro distrófico. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme a Tabela 2.

TABELA 2. Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia, MG.

pH em H ₂ O	M.O (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg dm ⁻³)					V (%)
			K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	
6,2	2,5	16,6	0,4	3,4	1,3	0	1,5

M.O: Matéria Orgânica; V: Saturação por bases.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram (Protreat®) e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*, contendo duas estirpes da bactéria.

A semeadura manual ocorreu em 05 de dezembro de 2015, adotando 16 sementes por metro linear. O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida S-Metolacloro (Dual Gold®), logo após a semeadura, e Haloxifope-P-Metílico (Verdict®) 20 dias após semeadura, complementada com capinas manuais.

Aos 30 dias, após emergência, foram aplicados cobalto e molibdênio (Nectar®) na dosagem 100 mL ha⁻¹ para auxiliar na fixação biológica de nitrogênio. Para o controle de *Phakopsora pachyrhizi* foram realizadas aplicações com Trifoxistrobina e Protoconazol (Fox®) na dosagem de 0,4 L ha⁻¹ e para o controle de pragas, quando necessário, usou-se o Acefato (Achero®) na dosagem de 0,4 kg ha⁻¹ e Tiametoxam e Lambda-Cialotrina (Platinum Neo®) com 200 mL ha⁻¹.

Na parcela útil, foram amostradas cinco plantas aleatoriamente, nas quais foram identificados, por meio de observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura, proposto por Fehr; Caviness (1977), com fita colorida e mensurados os seguintes caracteres:

- Altura da planta na floração (APF) e na maturidade (APM): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal quando as plantas encontravam no estádio reprodutivo R1 e R8.
- Número de nós na haste principal na floração (NNF) e na maturidade (NNM): determinado pela contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.

c) Número de dias para a floração (NDF) e para a maturidade (NDM): definido como número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1) e quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

d) Número de vagens com um grão (NV1), com dois grãos (NV2) e com três grãos (NV3): após a colheita, realizou-se a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos.

e) Número total de vagens por planta (NTV): obtido pela soma do número de vagens com um, dois, três e quatro grãos.

f) Peso médio de 100 grãos (PCG): após a colheita e beneficiamento das plantas da área útil da parcela, realizou-se a determinação do peso de cem grãos de acordo com a metodologia indicada na Regra de análise de sementes (BRASIL, 2009). O peso de cada amostra foi corrigido para umidade de 13%.

g) Produtividade de grãos (kg ha^{-1}): obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha^{-1} , sendo essa produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

$$\text{PF} = \text{PI} \times \frac{100-\text{UI}}{100-\text{UF}}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

Para a avaliação da resistência dos genótipos ao mofo branco foi instalado um experimento em uma casa de vegetação pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no *campus* Umuarama. Foram semeadas quatro sementes dos 24 genótipos em copos de 500 mL preenchidos com substrato à base de solo e areia na proporção 1:1. O delineamento utilizado foi o de blocos casualizados com quatro repetições. Dez dias após a emergência foi realizado um desbaste deixando duas plantas por copo.

Ao atingiram o estádio V3 as plantas foram transferidas para o Laboratório de Melhoramento de Plantas da UFU, onde foram inoculadas pelo método “straw test”.

Esse método consiste em inserir discos de micélio do fungo no interior de ponteiras de 200 µL e estas dispostas em ápice seccionadas de hastes das plantas de soja. A avaliação foi realizada 80 horas após a inoculação medindo-se o tamanho da lesão (mm) com auxílio de um paquímetro (PETZOLT; DICKSON, 1996; SINGH; TERÁN, 2008).

Com o intuito de avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, realizaram-se análises de variância, conforme o modelo abaixo, adotando-se os efeitos fixos para genótipos:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + B_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} : é o valor de cada caráter para o i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : erro aleatório.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípico (H^2), conforme o estimador abaixo:

$$H^2 = \frac{\widehat{\phi}_g}{QMT/r}$$

$$\widehat{\phi}_g = \frac{(QMT - QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

$\widehat{\phi}_g$: componente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio do resíduo; e

r: número de repetições.

Os genótipos foram agrupados com base no teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade.

Foi estimada a dissimilaridade genética entre todos os pares de genótipos pela Distância generalizada de Mahalanobis ($D_{ii'}^2$), conforme o estimador abaixo:

$$D_{ii'}^2 = \delta' \Psi^{-1} \delta$$

Em que:

$D^2_{ii'}$: distância generalizada de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

δ' : $[d_1 \ d_2 \ ... \ d_v]$ sendo $d_j = Y_{ij} - Y_{i'j}$;

Y_{ij} : média do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima variável.

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foi feito o agrupamento destes pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupos (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1962).

Com base no método hierárquico de Ligação Média entre Grupo (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* – UPGMA), obteve-se dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade, sendo que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j é dado por:

$$d_{(ij)k} = \frac{d_{ik} + d_{jk}}{2}$$

Utilizando a matriz de dissimilaridade, procedeu-se ao método de agrupamento de otimização de Tocher (RAO, 1962). O primeiro grupo foi constituído por genótipos cuja medida de dissimilaridade era menor; posteriormente, outros genótipos foram incluídos nesse grupo por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e um nível máximo permitido pré-estabelecido (θ) da medida da dissimilaridade encontrado no conjunto de menores distâncias que envolvem cada genótipo. A inclusão ou não de cada genótipo foi determinada por:

$\frac{d_{(grupo)k}}{n} \leq \theta$ inclui-se o genótipo k no grupo;

$\frac{d_{(grupo)k}}{n} > \theta$ o genótipo k não é incluído;

Em que:

n: número de genótipos do grupo original.

A distância entre o genótipo k e o grupo formado pelos genótipos i e j foi dado por:

$$d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$$

Foi determinada a contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos pela Metodologia de Sing (1981) conforme a estatística S_{ij} :

$$D_{ii'}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{j=1}^n \sum_{j'=1}^n \omega_{jj'} d_j d_{j'}$$

Em que:

ω_{jj}' : elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variâncias e covariâncias residuais.

Com o intuito de avaliar o padrão de agrupamento em um plano cartesiano, as análises de variáveis canônicas foram realizadas. Para essa análise, utilizaram-se as matrizes de variância e covariância fenotípicas e residuais entre os caracteres (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2016).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres morfo-agronômicos (Tabela 3), o que indica a possibilidade de seleção de linhagens. Almeida, Peluzio e Afferri (2011), Barros et al. (2016) e Cantelli et al. (2016) também verificaram a existência de variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados quando estudaram a divergência genética em linhagens de soja.

TABELA 3. Variabilidade fenotípica, parâmetros genéticos e coeficiente de variação de caracteres morfo-agronômicos em linhagens e cultivares de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, safra de 2015/2016.

Caracteres	QMG	H ² (%)	cVg/cVe	CV(%)
Altura da planta na floração	255,67 *	82,25	1,24	9,71
Altura da planta na maturidade	268,42 *	85,26	1,39	7,15
Número de nós na floração	6,06 *	73,02	0,94	11,57
Número de dias na floração	96,15 *	96,42	2,99	3,27
Número de dias na maturidade	114,78 *	94,35	2,36	2,13
Números de nós na maturidade	4,60 *	87,32	1,51	4,49
Número de vagens com um grão	5,68 *	78,53	1,10	47,01
Número de vagens com dois grãos	191,06 *	64,75	0,78	44,84
Número de vagens com três grãos	89,81 *	47,55	0,54	56,50
Número total de vagens	1277,49 *	67,27	0,82	28,86
Número de sementes por vagem	0,07 *	87,29	1,51	3,99
Produtividade de grãos	4349859,71 *	87,01	1,49	29,76
Peso de cem grãos	5,84 *	84,85	1,36	8,61

*: significativo ao nível de 5% de significância pelo teste de F. CV(%): coeficiente de variação; H²: coeficiente de determinação genotípico; cVg/cVe: razão entre o coeficiente de variação genético e o coeficiente de variação ambiental (cVe).

O coeficiente de variação (CV) oscilou entre 2,13 % (NDM) a 56,50 % (NV3). Valores altos para CV de componentes de produção são aceitáveis nas condições em que foi avaliado por ser quantitativo e, portanto bem influenciado pelo ambiente (LEITE et al., 2015).

Considerando que o caráter produtividade de grãos é de grande complexidade e sujeito a uma ampla gama de interferências na parte experimental, podendo, portanto obter CVs% mais elevados. Os valores obtidos foram satisfatórios, comparados a outros trabalhos com o mesmo tipo de parcela (SANTOS et al., 2011; DORNELES et al., 2011; SOUSA et al., 2010; LEITE et al., 2015; TEODORO et al. 2015; LEITE et al., 2016)

Em gerações avançadas no processo de melhoramento, o parâmetro H^2 é denominado como coeficiente de determinação genotípico, por se tratar de genótipos já fixados e que foram pré-selecionados (VASCONCELOS et al., 2012; YOKOMIZO; VELLO, 2000).

As estimativas para H^2 oscilaram de 47,55% (NV3) a 96,42% (NDF) para os caracteres avaliados. Segundo a literatura, são considerados elevados valores acima de 70% para esse parâmetro. Assim foram elevadas para APF (82,25), APM (85,26), NNF (70,13), NDF (96,42), NDM (94,35), NNM (87,32), NSV (87,29), PROD (87,01) e PCG (84,85), o que é indicativo de que as diferenças entre os genótipos são predominantemente de natureza genética.

Leite et al. (2015), ao analisarem 28 genótipos de soja tardia no sul do Piauí, também encontraram uma estimativa acima de 70% para caracteres estudados, sendo que para a produção de grãos o valor foi de 81,77%, concordando com os dados obtidos no presente estudo. Glasenappet al. (2015), ao estudarem a diversidade de caracteres agronômicos e moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*, obtiveram coeficientes de determinação genotípica superiores a 77%.

A razão entre o coeficiente de variação genético (cVg) e o coeficiente de variação ambiental (cVe) pode ser empregada como índice indicativo do grau de facilidade de seleção de genótipos para cada caráter (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). De acordo com Vencovsky e Barriga (1992), valores acima de uma unidade são considerados ideais para a seleção.

Os valores do coeficiente cVg/cVe , obtidos de modo geral, foram superiores a uma unidade para os caracteres APF, APM, NDF, NDM, NNM, NSV, PROD e PCG, o que indica condição favorável para a seleção. Resultados semelhantes foram encontrados por Costa et al. (2008), Unêda-Trevisoli et al. (2010), Leite et al. (2015), Leite et al. (2016), Andrade et al. (2016) e Barros et al. (2016).

Na Tabela 4, verificou-se que o número de dias para florescimento (NDF) e para maturidade (NDM) permitiram separar os genótipos em cinco grupos. O genótipo com menor fase vegetativa foi o UFUS 7910 com 45,3 dias para o florescimento, enquanto os genótipos UFU B22 e o UFUS Guarani apresentaram fase vegetativa de 65 dias. Esses resultados aproximaram-se daqueles obtidos por Unêda-Trevisoli et al. (2010), Pires et al. (2012), Cunha et al. (2013) e Júnior et al. (2015).

TABELA 4. Caracteres avaliados em linhagens e cultivares de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, safra 2015/2016.

Genótipos	NDF (dias)	NDM (dias)	APF (cm)	APM (cm)	NNF	NNM
UFU B1	59,3 d	119,3 c	77,73 a	80,20 c	10,87 b	18,13 a
UFU B2	61,7 d	130,0 e	65,87 b	79,13 c	10,20 b	16,00 b
UFU B3	59,0 d	119,0 c	72,00 a	90,30 b	12,80 a	17,70 a
UFU B4	62,5 e	125,5 d	75,80 a	94,00 b	10,20 b	16,70 a
UFU B5	45,3 a	107,3 a	58,67 b	88,87 b	8,47 b	15,20 c
UFU B6	56,5 c	125,0 d	64,30 b	83,23 c	11,60 a	16,87 a
UFU B7	46,7 a	108,0 a	54,47 b	88,50 b	8,47 b	18,50 a
UFU B8	60,6 d	121,1 c	72,50 a	91,73 b	13,90 a	17,80 a
UFU B9	55,3 c	119,0 c	80,20 a	97,67 a	12,47 a	18,20 a
UFU B10	55,7 c	123,0 d	74,00 a	95,73 a	12,60 a	17,20 a
UFU B11	63,3 e	123,3 d	86,87 a	100,27 a	11,47 a	17,57 a
UFU B12	54,0 c	123,5 d	64,30 b	87,30 b	9,30 b	16,70 a
UFU B13	54,3 c	121,0 c	67,93 b	88,20 b	10,87 b	18,27 a
UFU B14	49,0 b	111,0 a	59,40 b	75,07 c	10,27 b	14,67 c
UFU B15	65,0 e	122,7 d	83,80 a	100,37 a	11,67 a	17,73 a
UFU B16	51,0 b	108,5 a	55,07 b	65,00 d	9,70 b	14,60 c
UFU B17	56,5 c	115,0 b	75,00 a	104,10 a	12,50 a	18,20 a
UFU B18	59,3 d	125,3 d	62,47 b	79,23 c	9,67 b	17,33 a
Msoy-6101	50,3 b	110,0 a	54,67 b	80,10 c	10,33 b	14,53 c
UFU B20	54,3 c	123,0 d	63,87 b	83,60 c	10,60 b	17,40 a
UFU B21	55,0 c	116,5 c	77,20 a	100,23 a	10,90 b	17,10 a
UFU B22	65,0 e	122,0 c	66,67 b	79,00 c	12,73 a	18,13 a
UFUS Guarani	65,0 e	121,0 c	73,30 a	84,27 c	12,50 a	18,00 a
UFU B24	54,0 c	118,5 c	77,30 a	92,90 b	11,20 a	16,00 b

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade; NNF e NNM: número de nós no florescimento e maturidade; NDF e NDM: número de dias para o florescimento e maturidade.

Foi possível observar uma variação de 22 dias entre o ciclo mais curto (UFU B5) para o de ciclo mais longo (UFU B2). Os genótipos UFU B7, UFU B14, UFU B16, Msoy-6101 e UFU B5 foram classificados como genótipos de ciclo precoce, com duração variando de 107,3 a 111 dias. Cunha et al. (2013), ao avaliarem cultivares de soja no município de Uberlândia observaram que a Msoy-6101 apresentou 109 dias para a maturidade, concordando com os resultados obtidos no trabalho, em que essa mesma cultivar atingiu a maturidade com 110 dias.

Atualmente, cultivares mais precoces são desejadas nos diversos programas de melhoramento de soja, visto que têm a vantagem de possibilitar uma segunda safra na mesma área, a exemplo do milho safrinha no cerrado. Além disso, são utilizadas para o escape de algumas doenças, como a ferrugem asiática, reduzindo o número de

aplicações de fungicida para o controle da mesma (SILVA; JULIATTI; SILVA, 2007; SILVA et al., 2015; UNÊDA - TREVISOLI et al., 2010).

As maiores alturas de plantas na floração e maturidade foram para os genótipos UFU B11 (86,87 cm) e UFU B17 (104,10 cm), respectivamente. A altura de planta na floração e maturidade é um caráter de grande importância, pois influencia o acamamento da planta, sendo assim alturas de plantas acima de 100 cm são inadequadas para a cultura da soja, pois tendem a acamar e dificultam a eficiência da colheita mecanizada (NOGUEIRA et al., 2009; SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Hamawaki et al.(2010), ao avaliarem o desempenho agronômico de 24 genótipos de soja nas condições de Minas Gerais, obtiveram uma média de altura da planta na floração de 86,8 cm, o que corrobora com este trabalho no qual foi encontrada uma média de altura dos 24 genótipos de 87,80 cm. Entretanto, Unêda –Trevisoli et al. (2010), Dorneles et al. (2011) e Selestino et al. (2014) observaram valores de altura de planta na maturação superiores a 100 cm.

O número de nós na haste principal na floração (NNF) variou de 8,47 (UFU B5 e UFU B7) a 13,90 (UFU B8), enquanto o número de nós na maturidade (NNM) oscilou entre 14,53 (Msoy-6101) a 18,27 (UFU B13). Segundo Sediyama, Silva e Borém (2015), uma planta de soja com alto potencial produtivo deve possuir em média 17 a 18 nós na haste principal, com isso apenas oito genótipos tiveram número de nós na maturidade abaixo do recomendado por esse autor. No entanto, Martins et al. (2011), estudando 15 cultivares em Santa Maria, observaram uma variação de 16,0 a 20,3 no número de nós na maturidade, enquanto Perini Junior et al. (2012), ao avaliarem sete cultivares, encontraram valores de 12,03 a 16,61 para o mesmo caráter.

Uma vagem de soja pode conter até cinco sementes, no entanto a maioria dos genótipos apresenta vagens com duas ou três sementes (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015). Na Tabela 5, notou-se que houve predominância de vagens com dois grãos para a maioria dos genótipos, corroborando com os resultados obtidos por Charlo et al. (2011) que, ao avaliarem genótipos de soja-hortaliça, verificaram maiores valores de vagens com dois grãos.

O número total de vagens (NTV) é um dos mais importantes componentes de produção da soja, em virtude da correlação com a produtividade (ALCANTARA NETO et al., 2011; LEITE et al., 2016; VIANNA et al., 2013). Segundo Camâra (1998), uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, no entanto em média as cultivares brasileiras apresenta de 30 a 80 vagens por planta. O NTV oscilou entre 45,10 (UFU

B7) e 112,17 (UFU B22). Resultados semelhantes foram obtidos por Almeida, Peluzio e Afférri (2011), Charlo et al. (2011), Perini et al. (2012), Cunha et al. (2013), Val et al. (2014) e Silva et al. (2014) avaliarem-na avaliação do desempenho agronômico de cultivares de soja.

TABELA 5. Componentes de produção avaliados em linhagens e cultivares de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, safra 2015/2016.

Genótipos	NV1	NV2	NV3	NTV	NSV	PROD	PCG
UFU B1	4,92 a	30,57 a	13,00 a	98,43 a	2,32 b	5020,6 a	12,53 a
UFU B2	3,25 a	16,20 b	7,57 a	62,27 b	2,28 b	2081,8 b	10,49 b
UFU B3	2,10 b	24,80 a	15,50 a	89,60 a	2,48 a	5232,9 a	11,60 a
UFU B4	0,90 b	11,20 b	10,30 a	60,70 b	2,59 a	2384,2 b	11,99 a
UFU B5	3,60 a	17,20 b	9,60 a	45,80 b	2,27 b	1757,9 b	12,99 a
UFU B6	0,67 b	21,10 a	19,28 a	90,33 a	2,58 a	3198,7 b	12,41 a
UFU B7	3,03 a	8,78 b	5,48 a	45,10 b	2,36 b	1495,4 b	13,37 a
UFU B8	3,77 a	25,08 a	24,10 a	99,23 a	2,49 a	4592,7 a	11,81 a
UFU B9	2,33 a	23,13 a	7,53 a	66,67 b	2,33 b	1913,0 b	11,64 a
UFU B10	2,33 a	14,00 b	5,47 a	52,07 b	2,31 b	1734,8 b	12,56 a
UFU B11	2,45 a	10,63 b	11,30 a	74,90 a	2,59 a	1720,0 b	10,33 b
UFU B12	0,60 b	17,30 b	9,80 a	50,40 b	2,40 b	1583,1 b	10,17 b
UFU B13	1,25 b	23,97 a	12,70 a	69,87 b	2,40 b	2211,6 b	8,66 c
UFU B14	3,87 a	15,07 b	22,80 a	93,13 a	2,49 a	1783,2 b	10,73 b
UFU B15	1,53 b	9,80 b	10,88 a	61,73 b	2,56 a	1655,0 b	10,23 b
UFU B16	3,10 a	20,30 a	18,80 a	98,00 a	2,58 a	4853,9 a	9,68 b
UFU B17	1,00 b	9,60 b	8,70 a	51,50 b	2,53 a	2018,2 b	10,37 b
UFU B18	0,56 b	13,44 b	16,49 a	53,87 b	2,57 a	1589,2 b	8,38 c
Msoy-6101	2,82 a	14,60 b	14,37 a	80,37 a	2,54 a	2465,7 b	11,05 b
UFU B20	0,53 b	19,47 b	16,00 a	63,00 b	2,48 a	3308,4 b	10,13 b
UFU B21	0,62 b	7,87 b	13,50 a	55,60 b	2,71 a	1592,2 b	10,42 b
UFU B22	3,28 a	40,22 a	8,03 a	112,17 a	2,15 c	2015,0 b	8,21 c
UFUS Guarani	2,97 a	29,97 a	7,18 a	85,00 a	2,23 c	2809,3 b	10,59 b
UFU B24	4,90 a	14,90 b	3,10 a	40,00 b	2,10 c	1592,3 b	11,77 a

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. NV1, NV2 e NV3: número de vagens com um, dois e três grãos; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos em kg ha⁻¹; PCG: peso de cem grãos em gramas.

Uma das principais características a ser considerada no melhoramento da soja é a produtividade de grãos. Nesta pesquisa, houve grande amplitude nas médias dessa característica (1495,4 a 5232,9 kg ha⁻¹). Os genótipos UFU B1, UFU B3, UFU B8 e UFU B16 apresentaram produtividade elevada em relação aos demais, inclusive das testemunhas (Msoy-6101 e UFUS Guarani) com produtividade superior à média nacional, que é de 2.870 kg ha⁻¹.

Resultados semelhantes foram encontrados por Cunha et al. (2013) ao avaliarem a variabilidade genética entre 79 progênies de soja. Os autores observaram uma variação de 1433,70 a 4393,59 kg ha⁻¹ na produtividade de grãos, o que está de acordo com os trabalhos de Almeida, Peluzio e Afférri (2011), Dorneles et al. (2011), Pires et al. (2012), Junior et al. (2015) e Marconato et al. (2015), os quais também observaram grande oscilação entre a produtividade de grãos dos genótipos avaliados.

O peso de 100 grãos é um fator determinante para alcançar elevadas produtividades, uma vez que Rigon et al. (2012) encontraram correlação direta entre este caráter e o rendimento de grãos, relatando que é possível obter ganhos de produtividade ao utilizar o PCG por meio da seleção indireta.

A variação do PCG encontrada foi de 8,21 a 13,37g. Esses valores estão em concordância com os trabalhos de Cruz et al. (2010), Cunha et al. (2013), Silva et al. (2014) e Selestino et al. (2014) no sentido de indicar a existência de grande variação entre os genótipos para essa característica.

Para que sejam lançadas, as cultivares deve possuir características agronômicas que atendam às exigências do mercado, além de potenciais produtivos elevados e tolerância e/ou resistência às principais doenças que acometem a cultura. O mofo branco, causado pelo fungo *Sclerotinia sclerotiorum*, tem causado grandes prejuízos em lavouras de soja por todo o país.

A classificação do tamanho da lesão é uma importante informação para determinar o nível de resistência dos genótipos em relação ao *S. sclerotiorum*. Garcia et al. (2015) sugeriram a seguinte classificação: resistente (0 a 30 mm); moderadamente resistente (30 a 50 mm); susceptível (50 a 70 mm) e altamente suscetível (> 7 mm).

Verificou-se que houve resposta diferenciada dos genótipos nas linhagens avaliadas (Tabela 6). Assim, a diferença de reação ao *S. sclerotiorum* entre os genótipos é um indicativo de que mecanismos de resistência genética atuam para minimizar o efeito da doença e são passíveis de utilização no manejo do mofo branco em soja.

Observou-se uma oscilação de 14,21 a 55,40 milímetros no tamanho das lesões. Dos 24 genótipos avaliados, nove deles foram classificados como resistentes ao patógeno. Doze genótipos foram considerados moderadamente resistentes e o UFU B13, UFU B15 e UFU B 24 foram classificados como suscetíveis.

TABELA 6. Tamanho médio da lesão (mm) em 24 genótipos de soja, após inoculação com *Sclerotinia sclerotiorum* em Uberlândia – MG, 2016.

Genótipo	Tamanho da lesão (mm)	Classificação
UFU B1	19,33 a	R
UFU B2	20,18 a	R
UFU B3	16,53 a	R
UFU B4	14,21 a	R
UFU B5	16,21 a	R
UFU B6	29,66 a	R
UFU B7	24,41 a	R
UFU B8	41,73 b	MR
UFU B9	27,78 a	R
UFU B10	31,56 a	MR
UFU B11	36,66 b	MR
UFU B12	44,95 b	MR
UFU B13	55,40 b	S
UFU B14	37,00 b	MR
UFU B15	50,08 b	S
UFU B16	46,53 b	MR
UFU B17	34,20 a	MR
UFU B18	47,14 b	MR
Msoy 6101	31,03 a	MR
UFU B20	20,18 a	R
UFU B21	49,63 b	MR
UFU B22	44,00 b	MR
UFUS Guarani	41,50 b	MR
UFU B24	53,25 b	S

Médias seguidas pela mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott Knott a 5% de probabilidade. R: resistente; MR: Moderadamente Resistente; S: Susceptível.

Garcia et al. (2015), ao avaliarem o comprimento da lesão causada por *S. sclerotiorum* em 40 cultivares de soja, encontraram lesões entre 21 a 86 milímetros, possibilitando a classificação dos genótipos em resistente, moderadamente resistente, susceptível e altamente susceptível.

Castro et al. (2016), quando realizaram uma avaliação dos níveis de resistência de 50 genótipos de soja, também separaram os genótipos de acordo com o tamanho da lesão, e os cultivares classificados como resistentes foram Emgopa 316 e Lager-10, os quais apresentaram lesões de 2 e 16 milímetros, respectivamente.

As medidas de dissimilaridade obtidas pela distância generalizada de Mahalanobis envolvendo 24 genótipos e 23 caracteres são apresentadas na Tabela 7.

TABELA 7. Dissimilaridade entre 24 genótipos de soja em relação a 23 características, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Genótipos	(2)	(3)	(4)	(5)	(6)	(7)	(8)	(9)	(10)	(11)	(12)	(13)	(14)	(15)	(16)	(17)	(18)	(19)	(20)	(21)	(22)	(23)	(24)
(1) UFU B1	361	245	248	927	389	793	206	511	490	272	489	496	547	279	498	506	453	766	437	377	393	190	359
(2) UFU B2		152	105	873	168	1147	244	275	286	163	206	209	456	127	420	318	165	501	159	270	114	103	217
(3) UFU B3			87	683	122	911	104	147	203	130	226	171	355	103	281	127	224	368	136	113	184	87	144
(4) UFU B4				929	181	1124	190	306	346	46	276	276	495	34	464	283	202	566	244	194	190	91	233
(5) UFU B5					397	233	584	385	358	1159	520	618	165	1084	332	482	915	214	512	464	979	793	413
(6) UFU B6						638	132	101	84	313	122	156	171	265	215	161	280	200	98	104	249	168	141
(7) UFU B7							724	675	553	1362	729	896	419	1255	699	789	1174	614	828	690	1134	882	664
(8) UFU B8								225	178	217	324	285	236	236	222	216	409	329	195	170	366	187	184
(9) UFU B9									66	411	149	93	257	320	281	63	300	226	112	93	260	220	103
(10) UFU B10										475	130	128	194	386	295	115	359	203	120	114	331	275	133
(11) UFU B11											443	383	622	32	544	370	302	699	354	286	248	142	327
(12) UFU B12												55	346	335	411	177	113	399	102	118	208	235	146
(13) UFU B13													401	289	380	102	122	409	62	112	189	228	133
(14) UFU B14														618	111	285	606	67	271	241	630	459	247
(15) UFU B15															577	304	220	674	300	230	160	91	266
(16) UFU B16																277	555	126	218	273	596	439	280
(17) UFU B17																	266	241	108	63	324	266	147
(18) UFU B18																		678	189	201	169	214	219
(19) Msoy 6101																			269	275	654	531	331
(20) UFU B20																				142	247	217	142
(21) UFU B21																					292	218	109
(22) UFU B22																						64	301
(23) Guarani																							210

As medidas de dissimilaridade genética apresentaram uma elevada magnitude (32 a 1362), indicando a presença de ampla variabilidade genética entre os genótipos avaliados. A combinação entre UFU B7 e os genótipos UFU B11 foi a mais divergente ($D_2 = 1362$). A menor distância foi obtida entre os genótipos UFU B15 e UFU B11 ($D_2 = 32$). Entre as maiores distâncias encontradas, o UFU B7 esteve presente em todas as combinações, o que indica que esse genótipo pode ser o mais divergente entre os estudados.

Almeida et al. (2013), ao estudarem a divergência genética entre cultivares de soja, observaram uma magnitude da dissimilaridade entre 2,65 a 374,06, assim como Junior et al. (2015) que, em um experimento com 41 genótipos de soja, encontraram a distância genética oscilando entre de 3,18 a 279,81 com a formação de seis grupos distintos.

O dendrograma resultante da dissimilaridade dos genótipos com base nos caracteres morfo-agronômicos está representado na Figura 2.

O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,80. As estimativas para coeficiente igual ou superior a 0,70 evidenciam um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias genéticas entre os genótipos e a sua matriz original (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Desse modo, o resultado obtido (0,80) ficou acima do limite estabelecido e corroborou com outros trabalhos que avaliaram a divergência na cultura da soja (ALMEIDA; PELÚZIO; AFERRI, 2011; RIGON et al. 2012; SOUSA et al. 2015)

A delimitação dos grupos geralmente é realizada de maneira subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma (CRUZ; CARNEIRO, 2012). Assim, se se considera a dissimilaridade de 40% no critério de delimitação dos grupos, tem-se a formação de quatro grupos distintos, sendo que o primeiro grupo absorveu mais da metade dos genótipos estudados.

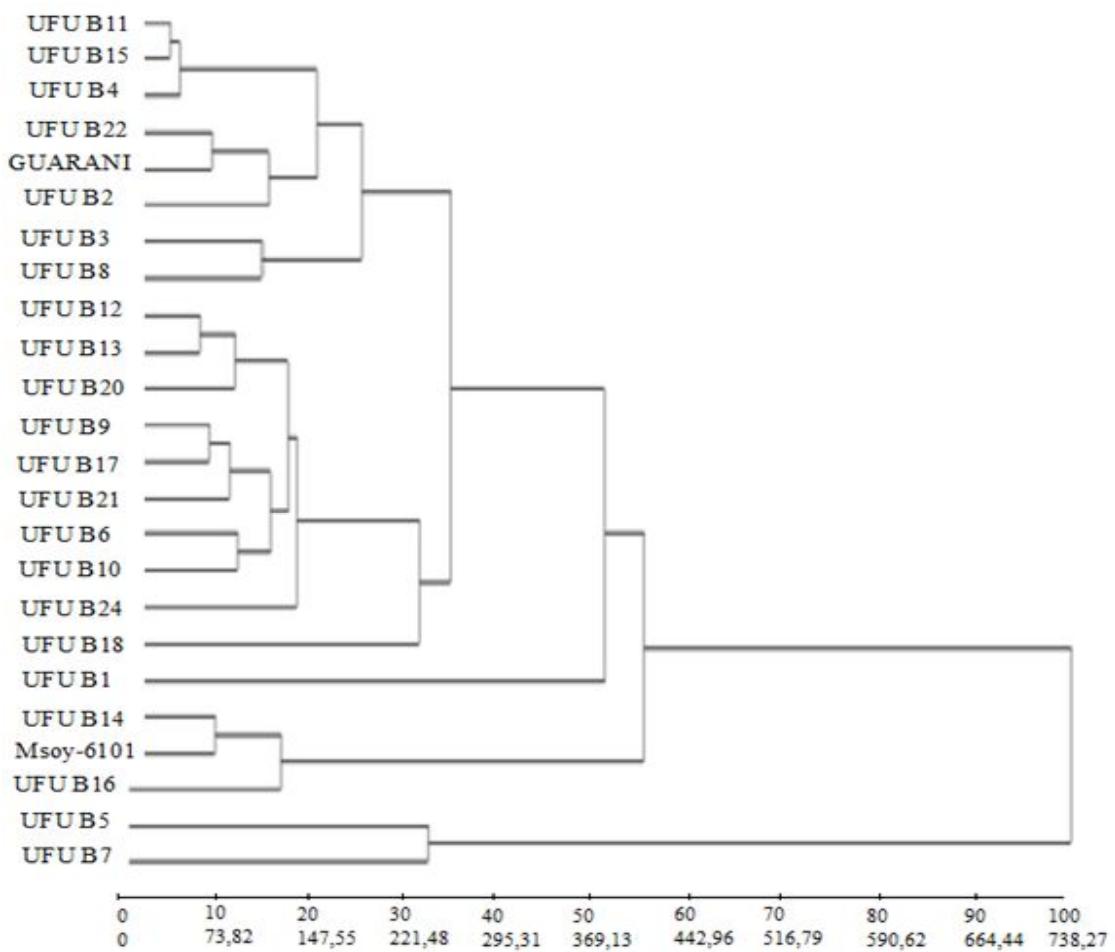


FIGURA 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 24 cultivares de soja, obtido pelo (UPGMA) utilizando a matriz generalizada de Mahalanobis.

Lopes et al. (2014), ao analisarem a variabilidade genética entre cultivares de soja quanto ao rendimento de óleo, consideraram a dissimilaridade de aproximadamente 30% no critério de delimitação dos grupos. Sousa et al. (2015), por sua vez, obtiveram a formação de oito grupos de genótipos ao realizarem um corte em 43% da distância genética. Já Reina et al. (2014), que realizou o corte no dendrograma em 52% da distância, separou os genótipos avaliados em seis grupos.

A aplicação do método de otimização de Tocher, baseada na matriz de Mahalanobis, separou os indivíduos também em quatro grupos (Tabela 8), sendo 75% dos genótipos reunidos no grupo I, três genótipos no grupo II (UFU B14; UFU B16; Msoy-6101), dois no grupo III (UFU B5; UFU B7) e apenas o genótipo UFU B1 no grupo V.

TABELA 8. Agrupamento de otimização entre 24 genótipos de soja, obtido pelo método de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis.

Grupos	Genótipos
I	UFU B2; UFU B3; UFU B4; UFU B6; UFU B8; UFU B9; UFU B10; UFU B11; UFU B12; UFU B13; UFU B15; UFU B17; UFU B18; UFU B20; UFU B21; UFU B22; UFUS Guarani; UFU B24
II	UFU B14; UFU B16; Msoy6101
III	UFU B5; UFU B7
V	UFU B1

Resultados semelhantes foram encontrados por Santos et al. (2011) que avaliaram a divergência genética entre 48 genótipos de soja e obtiveram quatro grupos pelo mesmo método, sendo que primeiro grupo absorveu mais de 60% dos genótipos analisados. Sousa et al. (2015) também observaram a alocação de 63% dos genótipos estudados em apenas um grupo.

O agrupamento dos genótipos pelos métodos UPGMA e otimização de Tocher foi idêntico, corroborando com o obtido por Almeida, Peluzio e Afférri (2011), Reina et al. (2014), Peluzio et al. (2014) e Sousa et al. (2015), os quais também relataram semelhanças nos resultados obtidos pelos dois métodos.

Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher são os mais utilizados com o objetivo de agrupar os genótipos mais semelhantes, no entanto existem outros métodos, dentre os quais se pode citar as variáveis canônicas.

As variáveis canônicas são utilizadas em estudos de dissimilaridade genética, com o propósito de identificar progenitores similares em gráficos de dispersão bi ou tridimensionais. Para esse tipo de estudo, as primeiras variáveis canônicas devem envolver, no mínimo, aproximadamente 80% da variação total dos progenitores, em que cada variável é uma combinação linear das variáveis originais analisadas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

As três primeiras variáveis canônicas explicaram quase 80% da variância total contida no conjunto das características (Tabela 9). Assim, é possível explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos e interpretar o fenômeno com considerável simplificação, por meio de uma representação gráfica bidimensional (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

TABELA 9. Estimativa dos autovalores na análise de variáveis canônicas

Variáveis Canônicas	Raiz	Raiz (%)	(%) Acumulada
1	82,90	49,21	49,21
2	24,46	16,3	65,51
3	20,36	12,08	77,60
4	9,09	5,40	83,00
5	7,72	4,58	87,58
6	5,78	3,43	91,01
7	4,51	2,67	93,69
8	3,59	2,13	95,82
9	1,96	1,16	96,99
10	1,49	0,88	97,88
11	0,91	0,54	98,42
12	0,85	0,51	98,93
13	0,53	0,31	99,24
14	0,47	0,28	99,53
15	0,25	0,15	99,68
16	0,21	0,13	99,81

A dispersão dos genótipos foi representada graficamente pela análise das variáveis canônicas (Figura 3), a fim de compará-las aos agrupamentos realizados pelos métodos UPGMA e de Tocher e avaliar a influência de cada característica na análise da diversidade genética. Foi possível perceber que os genótipos foram agrupados em sete grupos distintos, concordando parcialmente com os resultados obtidos pelos métodos de Tocher e UPGMA.

Em estudo sobre a diversidade genética em soja no Estado do Tocantins, com base em caracteres agronômicos, Almeida, Peluzio e Afférri (2011) observaram que os métodos de otimização de Tocher, o do vizinho mais próximo e o da dispersão gráfica das variáveis canônicas foram concordantes entre si na identificação de genótipos divergentes. Resultados similares foram encontrados por Peluzio et al. (2009) e Santos et al. (2011).

Os estudos dos agrupamentos por intermédio dos métodos UPGMA, otimização de Tocher e das variáveis canônicas são importantes para a escolha dos progenitores, pois as novas combinações híbridas que serão estabelecidas devem se basear na magnitude de suas dissimilaridades, bem como no potencial dos genitores (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRRI, 2011; REINA et al., 2014)

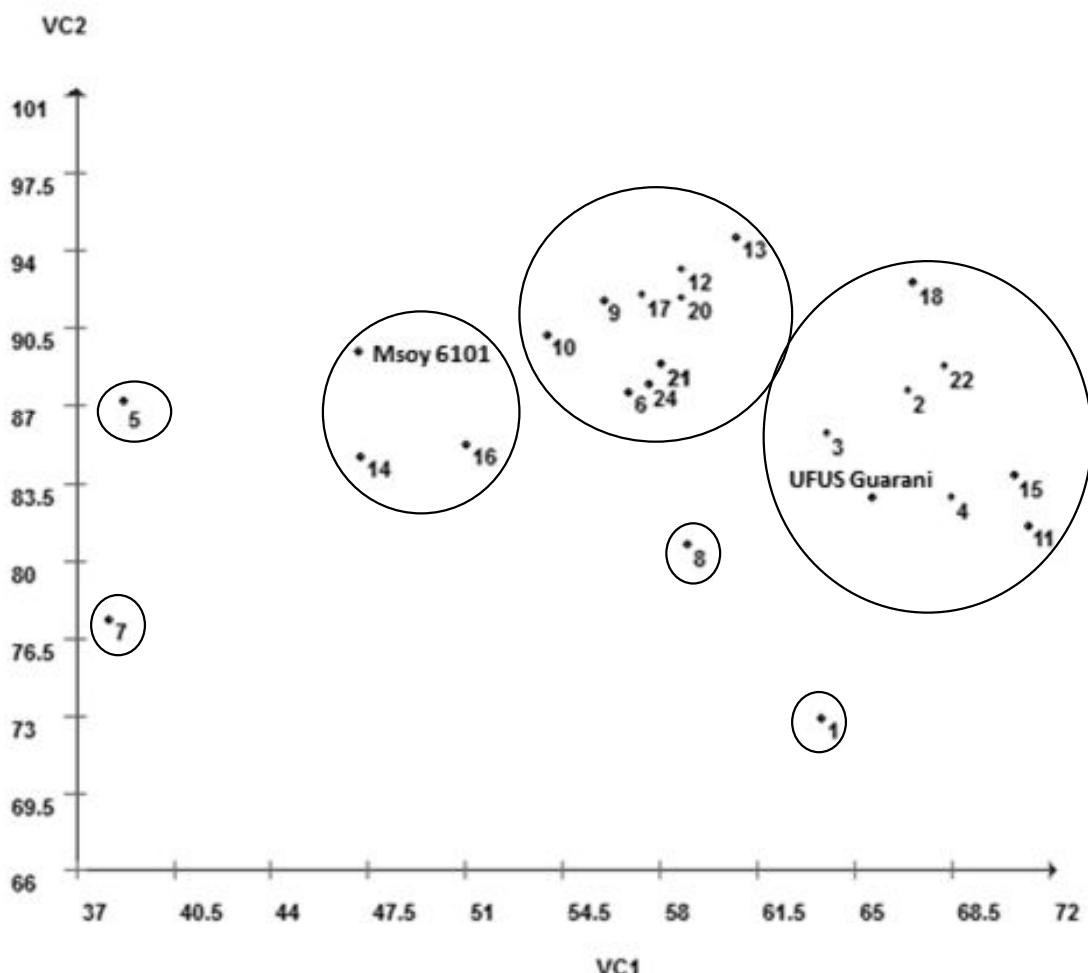


FIGURA 3. Dispersão gráfica de 24 genótipos de soja, em relação às duas primeiras variáveis canônicas, estabelecidas pela combinação linear de caracteres morfo-agronômicas. VC1: Variável canônica 1; VC2: Variável canônica 2.

A contribuição relativa de cada caráter na divergência genética pode ser visualizada na Tabela 10, com destaque para o número de dias para a floração, que se mostrou o mais importante para a análise, contribuindo com mais de 48% da divergência seguido do número de dias para maturidade, com 37%. Resultados semelhantes foram encontrados por Almeida, Peluzio e Afférri (2011) e Rigon et al. (2012) que, ao avaliarem a divergência genética entre genótipos de soja, observaram que o número de dias para a maturidade contribuiu com 39 e 20% respectivamente. No entanto, isso foi diferente dos resultados obtidos por Peluzio et al. (2009), Peluzio et al., (2012) e Sousa et al. (2010), que detectaram contribuições inferiores a 3% para NDM. Os demais caracteres apresentaram estimativas de contribuição relativa de pequena magnitude, o que demonstra a pequena participação na divergência.

TABELA 10. Contribuição relativa das variáveis em vinte e quatro genótipos de soja, conforme critério de Singh (1981).

Caracteres	S.j.	Valor (%)
Número de dias para floração	900871,79	48,06
Número de dias para a maturidade	710841,53	37,92
Altura da planta na floração	30367,42	1,62
Número de nós produtivos	5205,39	0,27
Peso de cem grãos	4996,17	0,26
Número de sementes por vagem	4190,13	0,22
Produtividade de grãos	4151,14	0,22
Número de nós na maturidade	3681,15	0,19
Número de vagens com um grão	3638,24	0,19
Número total de vagens	2623,74	0,14
Altura da planta na maturidade	1891,93	0,10
Número de nós ramificados	1684,53	0,08
Número de nós na floração	1408,26	0,07
Número de vagens com dois grãos	610,63	0,03
Número de vagens com três grãos	575,03	0,03

Dessa maneira, a análise de agrupamento de médias e os resultados estabelecidos pelo método de Tocher, UPGMA e variável canônica, permitem a identificação de quais serão os cruzamentos mais promissores.

Mediante o exposto, as hibridações indicadas como promissoras são: UFU B1 x UFU B16; UFU B1 x UFU B8; UFU B8 x UFU B16; UFU B3 x UFU B16, uma vez que os genótipos foram dissimilares e apresentaram médias de produtividade elevadas. Isso sugere que, quando forem utilizadas em hibridações em programa de melhoramento genético, possibilitarão ampliar o número de recombinantes desejáveis, a fim de que possam ser utilizadas como fontes de constituições genéticas superiores.

4. CONCLUSÕES

A existência de variabilidade genética para as características morfo-agrônomicas permitiu a identificação de genótipos dissimilares e com média elevada para as características estudadas.

Os genótipos UFU B1, UFU B2; UFU B3; UFU B4; UFU B5; UFU B6; UFU B7 e UFU B9 apresentaram resistência ao *Sclerotinia sclerotiorum*.

Os métodos de otimização de Tocher, UPGMA e variáveis canônicas permitiram determinar de maneira similar a diversidade genética entre linhagens e cultivares de soja, auxiliando a seleção de genitores de alto desempenho agronômico e divergentes entre si.

Os caracteres número de dias para floração e para maturação foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade genética.

O genótipo UFU B16 é o mais recomendado para fazer parte das hibridações com genótipos divergentes, pois, além de apresentar elevada produtividade, também se mostrou precoce.

As hibridações entre os seguintes pares de genótipos são recomendadas para a obtenção de populações segregantes com alta variabilidade genética UFU B1 x UFU B16; UFU B1 x UFU B8; UFU B8 x UFU B16; UFU B3 x UFU B16.

5. REFERÊNCIAS

- ALCÂNTARA NETO, F.; et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Guruguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALMEIDA, F. A.; et al. Desempenho agronômico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v. 56, n. 2, p. 88-94, 2013.
- ALMEIDA, R. D.; PELÚZIO, J. M. ; AFFÉRRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.
- ANDRADE A. C. B.; et al. Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. **African Journal of Agricultural Research**, v. 11, n. 1, p. 23-31, 2016.
- BARROS, J.P.A.; et al. Estimates of genetic parameters and efficiency in selection for branching capacity in soybean genotypes. **Journal of Agronomy**, Falsalabad, v. 15, n. 1, p. 39-44, 2016.
- BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.; OLIVEIRA, A. C. Parental selection strategies in plant breeding programs. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, Seoul, v. 10 n. 4, p. 211-222, 2007.
- CAMÂRA, G. M. S. Soja: tecnologia da produção. Piracicaba: Publique, 1998, p. 293.
- CANTELLI, D.A.V.; et al. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, 2016.
- CASTRO, L.H.S.; et al. Resistance of soybean genotypes to *Sclerotinia sclerotiorum* isolates in different incubation environments. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n.4, 2016.
- CHARLO, H. C. O.; et al. Desempenho agronômico de dez linhagens de soja-hortaliça. **Horticultura brasileira**, Vitória da Conquista, v. 29, n. 3, p. 349-353, 2011.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**: grãos: primeiro levantamento, outubro, 2016. Brasília: CONAB, 2016. Disponível em <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 1 out. 2016.
- COSTA, M. M.; et al. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.1, p.101-108, 2008.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- CRUZ, C.D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco, MG: Suprema, 2011, 620p.

CRUZ, T.V.; et al., Componentes de produção de soja em diferentes épocas de semeadura, no oeste da Bahia. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 5, p. 709-716, 2010.

CUNHA, M. C. G.; et al. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU breeding program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 2, p. 340-349, 2013.

DORNELES, L. M. C.; et al. Diversidade genética entre linhagens de soja semiprecoce no município de Goiatuba - GO, safra 2009/2010. **Revista Verde**, Mossoró, v.6, n.1, p. 22-27, 2011.

GARCIA, R. A.; et al. Métodos de inoculação de *Slerotinia sclerotiorum* para triagem de cultivares de soja resistentes ao mofo-branco. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 50, n. 8, p. 726-729, 2015.

GLASENAPP, J.S.; et al. Diversidade de características agronômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015.

HAMAWAKI, O. T.; et al. Yield and agronomic characteristics of soybean breeding lines in Minas Gerais State, Brazil. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 1, n. 1, p. 43-47, 2010.

JULIATTI, F. C; SAGATA, E.; JULIATTI, C. M. Ranqueamento de genótipos de soja com resistência parcial por diferentes métodos de inoculação de *Sclerotinia sclerotiorum* submetidos à análise de correlação. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 3, p. 681-689, 2013.

JUNIOR, J.A.F.; et al. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

LEITE, W. S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015.

LEITE, W. S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LOPES, L. A.; et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, quanto ao rendimento de óleo, no estado do Tocantins. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 5, n.3, p. 279-285, 2014.

MARCONATO, M. B.; et al. Genetic divergence in a soybean (*Glycine max*) diversity panel based on agro-morphological traits. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 15, n. 4, p. , 2015.

MARTINS, J. D.; et al. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em função da época de semeadura. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.41, n.6, p.954-959, 2011.

MATSUO, E.; FERREIRA, S.C.; SEDIYAMA, T. Botânica e Fenologia. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. (Ed.) **Soja: do plantio à colheita**. UFV, Viçosa, 2015, p. 27-53.

MEYER, M.C.; et al. Eficiência de fungicidas para controle de mofo-branco (*Sclerotinia sclerotiorum*) em soja, na safra 2014/2015: resultados sumarizados dos ensaios cooperativos. Londrina: Embrapa Soja, 2015. 4 p. (Embrapa Soja. Circular Técnica, 114).

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

NOGUEIRA, A. P. O. ; et al. Morfologia, crescimento e desenvolvimento. In: SEDIYAMA, T. (Ed). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009, 7-16p.

ODA, M. C.; et al. Phenotypic and molecular traits diversity in soybean launched in forty years of genetic breeding. **Agronomy Science and Biotechnology**, v. 1, n. 1, p. 1 - 9, 2015.

PELUZIO, J. M.; et al. Características agronômicas e divergência genética de cultivares de soja para percentagem de óleo nas sementes. **Revista Ciências Agrárias**, Recife, v. 57, n. 1, p. 1-8, 2014.

PELUZIO, J. M.; et al. Genetic divergence among soybean cultivars in irrigated lowland in the State of Tocantins. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 3, p. 395-400, 2012.

PELUZIO, J. M.; et al. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada e Agrotecnologia**, Cascavel, v. 2 n. 3, p. 21-29, 2009.

PERINI JÚNIOR, L.; et al. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n.1, p. 2531-2544, 2012.

PETZOLDT, R.; DICKSON, M.H. Annual Report of Bean Improvement Cooperative.v.39, p.142-143, 1996.

PIMENTEL, A. J. B.; et al. Comparação de métodos de seleção de genitores e populações segregantes aplicados ao melhoramento de trigo. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 2, p.113-121, 2013.

PIRES, L.P.M.; et al. Desempenho de genótipos de soja, cultivados na região centro-sul do estado do Tocantins, safra 2009/2010. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 2, p. 214-223, 2012.

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.

RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley, 1962. 390p.

REINA, E.; et al. Genetic divergence and phosphorus use efficiency in the soybean with a view to biodiesel production. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 2, p. 344-350, 2014.

RIGON, J. P. G.; et al. Dissimilarity genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descriptores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

RODRIGUES, B.; et al. Correlations between traits in soybean (*Glycine max L.*) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 17718-17729, 2015.

SANTOS, E.R.; et al. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n.6, p. 755-764, 2011.

SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A. Soja: do plantio à colheita. Viçosa, MG: UFV, 2015, 333p.

SELESTINO, P. R.; et al. Performance agronômica de genótipos precoces de soja destinados a áreas de reforma de canavial. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 59-71, 2014.

SILVA, A. F.; et al. Correlation and path analysis of soybean components. **International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences**, Foster City, v. 5, n. 1, p. 177-179, 2014.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivars. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SILVA, V. A. S.; JULIATTI, F. C.; SILVA, L. A. S. Interação entre resistência genética parcial e fungicidas no controle da ferrugem asiática da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 9, p.1261-1268, 2007.

SINGH, P. S.; TERÁN, H. Evolution of screening methods for detection of physiological resistance to White mold in common bean. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, East Lansing, v.51, p.40-41, 2008.

SOUSA, L. B.; et al. Avaliação de linhagens de soja em ensaio final do processo de melhoramento. **Nucleus**, Ituverava, v.7, n.2, 2010.

SOUSA, L.B.; et al. Genetic variability among soybean biparental crosses evaluated by multivariate analysis. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 5, p. 1404-1412, 2015.

TEODORO, P. E.; et al. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 3, p. 794-799, 2015.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; et al. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

VAL, B.H.P.; et al. Diversidade genética de genótipos de soja por meio de caracteres agromorfológicos. **Ciência e Tecnologia**, Jaboticabal, v. 6, n. 1, p. 72-83, 2014.

VASCONCELOS, E.S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos da qualidade fisiológica de sementes de genótipos de soja produzidas em diferentes regiões de Minas Gerais. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 1, p. 65-76, 2012.

VENCOVSKY R; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992, 496p.

VIANNA, V.F.; et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.

VILLELA, O.T.; et al. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular markers. **African Journal of Biotechnology**, Lagos, v. 13 n. 26, p. 2613-2625, 2014

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

YOKOMIZO, G.K.; VELLO, N.A. Coeficiente de determinação genotípica em topocruzamentos de soja tipo alimento com tipo grão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.11, p. 2223-2228, 2000.

CAPÍTULO 2. Correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos em soja e análise de trilha

RESUMO

Estudos de correlações entre caracteres e análise de trilha são importantes em programas de melhoramento para realizar a seleção indireta de um caráter quantitativo por meio de outro que lhe é diretamente correlacionado. Os objetivos do trabalho foram avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos, realizar análise de trilha, tendo como caráter principal a produção de grãos, e identificar critérios de seleção indireta para a produção de grãos. O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, na safra de 2015/2016. Avaliaram-se 24 genótipos de soja, em delineamento de blocos completos casualizados, com três repetições, nos quais foram avaliados caracteres agronômicos e produção de grãos. Foi realizada a análise de correlação genotípica e fenotípica bem como a análise de trilha. Houve variabilidade genética para todos os caracteres no nível de 5% de probabilidade pelo teste F. Foi possível observar trinta correlações fenotípicas significativas, com valores oscilando de 0,42 a 0,84, o que indica alto grau de associação entre alguns dos caracteres avaliados. Verificou-se que as correlações fenotípicas e genotípicas foram predominantemente de mesma direção, sendo as genotípicas de magnitudes superiores. Plantas com ciclo vegetativo superiores tendem a possuir ciclos mais longos, fato que pode ser explicado pela correlação fenotípica e genotípica significativa entre NDF e NDM (0,76). Foram observadas correlações fenotípicas e genotípicas significativas e positivas para NTV e PG (0,84). Na análise de trilha, verificou-se que o caráter que mais teve influência sobre a produção de grãos foi o número de vagens com três grãos (NV3), pois apresentou maior efeito direto sobre a produção de grãos por planta e, além disso, grande efeito indireto do número total de vagens. Concluiu-se que as correlações fenotípicas e genotípicas indicaram altas correlações entre a produção de grãos e o número de nós ramificados, número de vagens com dois e três grãos e número total de vagens. E a análise de trilha determinou o número de vagens com três grãos com o maior efeito favorável sobre a produção de grãos, sendo, portanto, útil para a seleção indireta em genótipos produtivos de soja.

Palavras-chave: *Glycine max*; seleção; produtividade de grãos.

ABSTRACT

Correlations among characters and path analysis studies are useful in breeding programs aimed at indirect selection of a quantitative trait through the selection of a correlated character. Therefore, this work had as objectives to evaluate the phenotypic and genotypic correlations between agronomic traits, perform path analysis, having as main feature the grain yield; and to identify criteria of indirect selection for grain yield. Experiment was carried out in the Capim Branco farm belonging to the Federal University of Uberlândia, in the 2015/2016 season. Grain yield and agronomic traits were assessed in 24-soybean genotypes through a randomized complete block design, with three replicates. Genetic variability was significant for all the characters at 5% probability level by the *F* test. Thirty significant phenotypic correlations with values ranging from 0.42 to 0.84 were found, which indicates a high degree of association between evaluated characters. Phenotypic and genotypic correlations assessed predominantly have shown the same direction, however genotypes presented higher magnitudes. Plants having higher vegetative cycles tend to present longer cycles, a fact that might be explained by a significant phenotypic and genotypic correlation between NDF and NDM (0.76). Phenotypic and genotypic correlations were observed to be positive and significant to NTV and PG (0.84) traits. Path analysis pointed the number of pods with three grains (NV3) as the most influential feature to the grain yield. It had a greater direct effect on grain yield per plant and large indirect effect on the total number of pods. Therefore, it was concluded that the phenotypic and genotypic correlations have indicated high correlations between grain production and number of branched nodes, number of pods with two and three grains and total number of pods. Path analysis assessments indicated that the number of pods with three grains presents favorable effect on the grain yield and, hence it is useful for indirect selection in soybean productive genotypes.

Keywords: *Glycine max*; Selection; Grain yield

1. INTRODUÇÃO

A obtenção de cultivares de soja que superem as pré-existentes no mercado é o objetivo final de programas de melhoramento genético. É necessário que as cultivares possuam resistência às principais pragas e doenças da cultura, sejam eficientes no uso da água e dos nutrientes e possuam boas características nutricionais, além de apresentarem altas produtividades de grãos (RAMALHO et al., 2012). No entanto, esse caráter é complexo, resultando da expressão e associação de diferentes componentes, e é altamente influenciado pelo ambiente.

Estudos de correlações entre caracteres são importantes em programas de melhoramento, pois é possível realizar uma seleção indireta de um caráter quantitativo de difícil seleção por meio de outro que lhe é diretamente correlacionado de maior ganho genético ou de fácil seleção visual, além de informar como um caráter pode alterar outros (BARBARO et al., 2007; CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Sabe-se que a seleção para um caráter pode trazer reflexos em outro, com interesse ou não para o melhoramento. O conhecimento das correlações entre caracteres é útil especialmente para a produtividade de grãos, pois permite ao melhorista utilizar essas informações adicionais para descartar ou promover os genótipos de interesse (CARPENTIERI-PÍPOLO et al., 2005).

Apesar da correlação entre dois caracteres ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, é a genotípica que apresenta maior interesse para o melhoramento genético, porque envolve uma associação de natureza herdável (NOGUEIRA et al., 2012). Dessa forma, o estudo das correlações é fundamental na identificação de caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos.

Leite et al. (2015), ao analisarem as correlações genotípicas e fenotípicas em 28 genótipos de soja, concluíram que as correlações de altura da planta na maturidade, com altura da inserção da vagem e produtividade de grãos, foram fortes a moderadas, indicando que a seleção para o caráter altura da planta na maturidade influencia diretamente os demais caracteres.

Rodrigues et al. (2015), estudando as correlações genotípicas e fenotípicas em genótipos de soja infectados naturalmente por *Phakopsora pachyrhizi*, concluíram que o número total de vagens é um caráter útil na seleção indireta de genótipos de soja com alta produtividade de grãos.

A quantificação e a interpretação da magnitude de uma correlação podem resultar em equívocos na estratégia de seleção, já que a correlação elevada pode ser resultado do efeito de um terceiro ou de um grupo de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Assim, a análise de trilha desenvolvida por Wright (1923) permite desdobrar os coeficientes de correlação nos efeitos diretos e indiretos sobre uma variável básica (ALCANTARA NETO et al., 2011).

Nesse contexto, essa análise é uma ferramenta que o melhorista possui para entender as causas envolvidas nas associações entre caracteres e decompor a correlação existente em efeitos diretos e indiretos, por intermédio de uma variável principal e das variáveis explicativas (CABRAL et al., 2011). Para Schuster (1996), a análise de trilha reside basicamente na formulação do relacionamento causa-efeito entre as variáveis.

Ao analisarem as correlações e a análise de trilha em 90 genótipos de soja, em duas épocas de semeadura, Nogueira et al. (2012) concluíram que o número total de vagens por planta e número de nós na haste principal podem ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos em soja. Silva et al. (2014), por sua vez, concluíram que o efeito do número de vagens na produtividade de grãos é baseado no efeito indireto do número de sementes por plantas.

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram: avaliar as correlações fenotípicas e genotípicas entre caracteres agronômicos importantes no melhoramento genético da soja; realizar análise de trilha, tendo como caráter principal a produtividade de grãos; e identificar critérios de seleção indireta para produtividade de grãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido na safra 2015/2016, em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco ($18^{\circ}52'S$; $48^{\circ}20'W$ e 805 m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais.

Os dados meteorológicos da área experimental durante a condução do experimento estão representados na Figura 1.

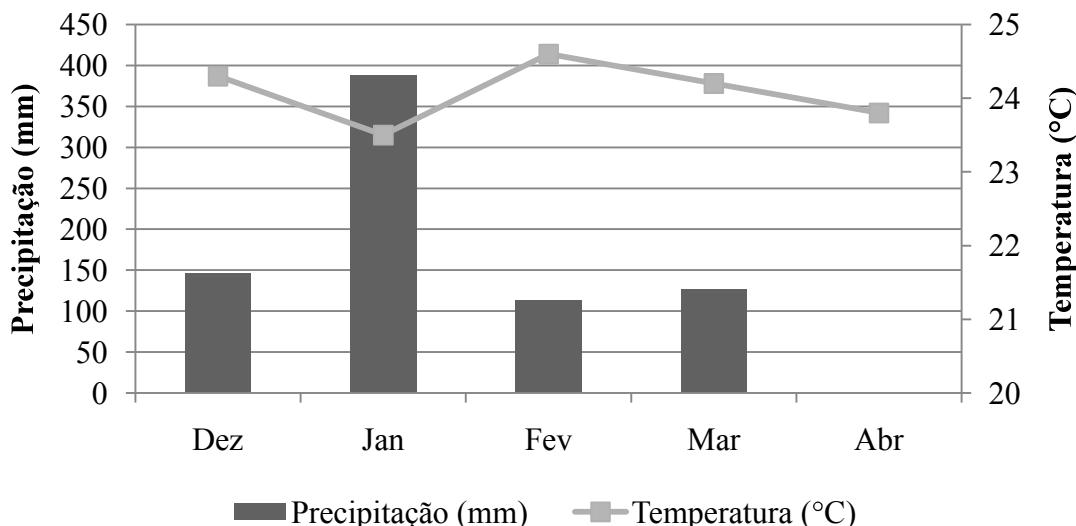


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação na Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, safra 2015/16, durante os meses de dezembro de 2015 a abril de 2016. Fonte: Estação meteorologia da Fazenda Capim Branco e Instituto Nacional de meteorologia (INMET).

Avaliaram-se 22 linhagens desenvolvidas no Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia e duas cultivares (UFUS Guarani e Msoy-6101) em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições.

A parcela experimental foi constituída por quatro linhas de plantas de soja, com cinco metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas duas fileiras centrais desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, resultando em quatro metros quadrados.

A área experimental situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo (Tabela 1).

TABELA 1. Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia, MG.

pH em H ₂ O	M.O (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg dm ⁻³)	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H ⁺ e Al ⁺	V (%)
					cmol _c dm ⁻³			
6,2	2,5	16,6	0,4	3,4	1,3	0	1,5	77

M.O: Matéria Orgânica; V: Saturação por bases.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram (Protreat®) e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* contendo duas estirpes da bactéria.

A semeadura manual ocorreu em 05 de dezembro de 2015, adotando 16 sementes por metro linear. O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida S-Metolacloro (Dual Gold®) logo após a semeadura e Haloxifope-P-Metílico (Verdict®) 20 dias após semeadura, complementada com capinas manuais.

Aos 30 dias após emergência foi aplicado cobalto e molibdênio (Nectar®) na dosagem 100 mL ha⁻¹ para auxiliar na fixação biológica de nitrogênio. Para o controle de *Phakopsora pachyrhizi* foi feita aplicações com Trifoxistrobina e Protoconazol (Fox®) na dosagem de 0,4 L ha⁻¹ e o controle de pragas foi realizado quando necessário com Acefato (Achero®) na dosagem de 0,4 kg ha⁻¹ e Tiametoxam e Lambda-Cialotrina (Platinum Neo®) com 200 mL ha⁻¹.

Na parcela útil foram amostradas cinco plantas aleatoriamente, as quais foram identificadas com fita colorida. Por meio de observações visuais e medições, de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura propostos por Fehr; Caviness (1977) foram mensurados os seguintes caracteres:

- a) Altura da planta na floração (APF) e na maturidade (APM): foi mensurada a distância em centímetros, da superfície do solo até a extremidade da haste principal quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.
- b) Número de nós na haste principal na floração (NNF) e na maturidade (NNM): foi determinado pela contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas estavam no estádio reprodutivo R1 e R8.
- c) Número de dias para a floração (NDF) e para a maturidade (NDM): definido como número de dias desde a emergência até a floração, quando aproximadamente 50% das plantas da parcela útil apresentavam pelo menos uma flor aberta (R1) e quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

d) Número de vagens com um grão (NV1), com dois grãos (NV2) e com três grãos (NV3): após a colheita, realizaram-se a contagem do número de vagens com um, dois e três grãos nas cinco plantas amostradas da área útil de cada parcela.

e) Número total de vagens por planta (NTV): obtido pelo somatório de NV1, NV2, NV3.

f) Peso médio de 100 grãos (PCG): após a colheita e beneficiamento das plantas da área útil da parcela, realizou-se a determinação do peso de mil grãos, de acordo com a metodologia indicada na Regra de análise de sementes (BRASIL, 2009). O peso de cada amostra foi corrigido para a umidade de 13%.

g) Produção de grãos: obtida por meio da colheita das cinco plantas amostradas e da pesagem dos grãos obtidos após a trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos.

Após a tabulação de todos os dados, a análise de correlações fenotípicas e genotípicas foi realizada, adotando o efeito de genótipos como efeitos fixos, conforme estimadores que se seguem.

Correlação fenotípica

$$rf = \frac{PMG_{xy}}{\sqrt{QMG_x QMG_y}}$$

Em que:

rf: estimador da correlação fenotípica;

PMG_{xy}: produto médio entre os genótipos para os caracteres X e Y;

QMG_x: quadrado médio entre os genótipos para o caráter X;

QMG_y: quadrado médio entre os genótipos para o caráter Y.

Correlação genotípica

$$r_G = \frac{(PMG_{xy} - PMR_{xy})/r}{\sqrt{\hat{\phi}_{g(X)} \hat{\phi}_{g(Y)}}} = \frac{\hat{\phi}_{g(XY)}}{\sqrt{\hat{\phi}_{g(X)} \hat{\phi}_{g(Y)}}}$$

$$\hat{\phi}_{g(X)} = \frac{QMG_x - QMR_x}{r}$$

$$\hat{\phi}_{g(Y)} = \frac{QMG_y - QMR_y}{r}$$

Em que:

$\hat{\phi}_{g(XY)}$: estimador da covariância genotípica;

$\hat{\phi}_{g(x)}$ e $\hat{\phi}_{g(Y)}$: estimadores dos componentes quadráticos associados às variabilidades genotípicas para os caracteres X e Y, respectivamente.

A significância da correlação fenotípica foi estimada pelo test t com n-2 graus de liberdade, em que n corresponde ao número de genótipos avaliados. A significância das correlações genotípicas foi avaliada pelo *bootstrap* com 5000 simulações. As análises estatísticas foram realizadas com o Programa Genes (Aplicativo computacional em Genética e Estatística) (CRUZ, 2016).

Para análise de trilha, realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade envolvendo as sete variáveis. O grau de multicolinearidade foi estabelecido conforme os critérios sugeridos por Montgomery e Peck (1981), em que os valores do determinante e do número de condição (NC) são dados pela razão entre o maior e menor autovalor da matriz. Para identificar os caracteres que contribuíram para o aparecimento da multicolinearidade, analisaram-se os elementos dos autovetores associados aos autovalores.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Verificou-se a existência de variabilidade genética para todos os caracteres avaliados (Tabela 2), indicando a possibilidade de seleção de linhagens de soja. Ao analisarem a correlação entre caracteres em progêneres F6 de soja, desenvolvidas pelo programa de melhoramento de soja da UFU e provenientes de sete cruzamentos biparentais, Sousa et al. (2015) também encontraram a existência de variabilidade genética para os caracteres em estudo.

TABELA 2. Quadrados médios, coeficiente de determinação e coeficiente de variação de caracteres agronômicos em linhagens e cultivares de soja cultivada no município de Uberlândia-MG, no ano de 2016.

Caracteres	QMG	H ² (%)	CV(%)
Altura da planta na floração	255,67 *	82,25	9,71
Altura na planta na maturidade	268,42 *	85,26	7,15
Número de nós na floração	6,06 *	73,02	11,57
Número de dias para floração	96,15 *	96,42	3,27
Número de dias para maturidade	114,78 *	94,35	2,13
Peso grãos por planta	36,32 *	51,88	38,79
Número de nós na maturidade	4,60 *	87,32	4,49
Número de nós ramificados	10,26 *	92,69	13,49
Número de vagens com dois grãos	191,06 *	64,75	44,84
Número de vagens com três grãos	89,81 *	47,55	56,50
Número de total de vagens	1277,49 *	67,27	28,86

*: significativo ao nível de 5% de significância pelo teste de F. CV(%): coeficiente de variação; H²: coeficiente de determinação genotípico;

As estimativas para o coeficiente de determinação genotípico (H²) variaram de 47,55% (NV3) a 96,42% (NDF). Com exceção para NTV, NV2, NV3 e PG, os caracteres apresentaram estimativas elevadas para esse parâmetro, ou seja, acima de 70%, o que indica que as diferenças observadas entre os genótipos são predominantemente de natureza genética (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Resultados semelhantes foram obtidos por Glasenapp et al. (2015), que encontraram valores para H² superiores a 70% para os caracteres em estudo.

O coeficiente de variação (CV) oscilou entre 2,13 % (NDM) a 56,50 % (NV3). Valores altos para CV de componentes de produção são aceitáveis nas condições em que foi avaliado por ser quantitativo e, portanto bem influenciado pelo ambiente (LEITE et al., 2015).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre pares de caracteres encontram-se na (Tabela 3). Segundo Cruz, Regazzi e Carneiro (2012), além da significância, também devem ser consideradas a magnitude e a direção

para realizar a interpretação das correlações. No que concerne à direção, as correlações podem ser positivas, indicando a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, ao passo que, quando negativas, evidenciam a possibilidade de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA et al., 2012).

TABELA 3. Coeficiente de correlação fenotípica (rf) e genotípica (rg) em onze caracteres, em 24 genótipos de soja cultivados em Uberlândia na safra 2015/2016.

Caractere		APM	NNF	NDF	NDM	PG	NNM	NNR	NV2	NV3	NTV
APF	rf	0,72**	0,59**	0,65**	0,48*	-0,05	0,52**	0,39	-0,04	-0,28	-0,07
	rg	0,75++	0,77++	0,73++	0,55+	0,04	0,63++	0,50+	0,01	-0,34	0,00
APM	rf		0,37	0,21	0,17	-0,36	0,49*	0,02	-0,42*	-0,39	-0,51*
	rg		0,49	0,23	0,19	-0,52	0,54+	0,05	-0,56+	-0,59	-0,64+
NNF	rf			0,60**	0,36	0,43*	0,47	0,66**	0,41	0,06	0,42*
	rg			0,67++	0,44	0,56	0,52+	0,77++	0,48	0,47	0,47
NDF	rf				0,76**	0,14	0,49*	0,66**	0,31	-0,09	0,31
	rg				0,08++	0,20	0,54+	0,69++	0,38	-0,13	0,40
NDM	rf					-0,04	0,39	0,31	0,15	-0,09	0,004
	rg					-0,08	0,4+	0,32	0,20	-0,13	0,01
PG	rf						-0,04	0,61**	0,58**	0,70**	0,84**
	rg						-0,25	0,73++	0,40	0,64	0,84++
NNM	rf							0,20	0,24	-0,27	-0,01
	rg							0,19	0,23	-0,59	-0,13
NNR	rf								0,44*	0,21	0,70**
	rg								0,47+	0,19	0,78++
NV2	rf									0,10	0,71**
	rg									-0,21	0,69+
NV3	rf										0,56 **
	rg										0,42

** e *:Significativo ao nível de 1% e 5%de probabilidade pelo test t; ++: significativos a 1% pelo método de *bootstrap* com 5 mil simulações. NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade; APF e AP: altura da planta no florescimento e maturidade; NNF e NNM: número de nós na haste principal no florescimento e maturidade; NNR: número de nós ramificados na haste principal; PG: produção de grãos por planta; NTV: número de vagens por planta; NV2 e NV3: número de vagens com dois e três grãos.

Apesar de ser possível acrescentar níveis de significância estatística para as correlações fenotípica e genotípica, os pesquisadores tendem a valorizar mais o sinal e a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações. Assim, é comum valorizarem as estimativas acima de 0,5 em módulo (LOPES et al., 2002).

A ocorrência de correlação genotípica entre dois caracteres pode acontecer em virtude da pleiotropia ou da ligação gênica. O pleitropismo é uma das causas para as altas correlações, pois um mesmo gene pode influenciar na expressão de mais de um

caráter. Desse modo, favorece a seleção simultânea de dois ou mais caracteres pela seleção de apenas um destes (FALCONER; MACKAY, 1996).

Um caráter útil para seleção indireta no melhoramento se caracteriza pela ocorrência de correlações fenotípicas e genotípicas de alta magnitude com outro caráter de interesse. No entanto, a seleção de um caráter pode acarretar a seleção indesejável de outro (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRRI, 2010; RAMALHO et al., 2012).

As correlações fenotípicas entre os caracteres podem ser obtidas diretamente de medidas ou avaliações entre dois caracteres. Apesar de terem causas genéticas e ambientais, apenas as correlações genéticas são hereditárias e podem ser usadas em programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Observaram-se a ocorrência de 23 correlações fenotípicas significativas pelo teste *t*, cujas estimativas oscilaram de 0,42 a 0,84 indicando alto grau de associação entre alguns dos caracteres avaliados. Correlações genotípicas acima de 0,70 são consideradas altas, porém é possível realizar seleção indireta quando elas se encontram acima de 0,50 (LOPES et al., 2002). Verificaram-se coeficientes de correlação iguais à zero entre alguns dos caracteres estudados, no entanto isso não demonstra falta de relação, mas sim a ausência de relação linear entre eles (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Para a maioria dos caracteres, as correlações genotípicas foram superiores às fenotípicas e tiveram a mesma direção. Segundo Almeida, Peluzio e Afférri (2010), isso demonstra que os fatores genéticos contribuíram mais do que o de ambiente para as correlações. Resultados semelhantes foram verificados por Sousa et al. (2015) que, ao avaliarem as correlações entre os caracteres agronômicos de soja, obtiveram maiores valores das correlações genotípicas em relação às fenotípicas para quase todos os caracteres, exceto altura de planta na floração e altura de planta na maturidade. Nogueira et al. (2012) e Leite et al. (2015), em seus estudos sobre as correlações genotípica entre caracteres agronômicos em genótipos de soja, também observaram correlações genotípicas superiores às fenotípicas e com mesma direção.

Plantas de maiores ciclos vegetativos tendem a possuir ciclos totais também superiores, o que pode ser explicado pela correlação genotípica e fenotípica significativa entre NDF e NDM (0,76). Esses resultados corroboram com os encontrados por Nogueira et al. (2012), Salimi e Moradi (2012) e Sousa et al. (2015).

A correlação positiva entre APF e NDM indica que quanto maior o número de dias para florescer, mais altas serão as plantas na mesma fase de desenvolvimento.

Sousa et al. (2015) obtiveram correlação fenotípica de 0,59 para esses mesmos caracteres. Assim como a correlação entre APF e NNN evidencia que selecionar plantas mais altas na maturidade resultaria em plantas com maior número de nós. O caráter APM também apresentou correlação positiva e significativa com APF (0,75), sendo esses resultados semelhantes aos de Rodrigues et al. (2015) em pesquisas com genótipos de soja naturalmente infestados por *Phakopsora pachyrhizi* e por Nogueira et al. (2012).

O número de vagens por planta (NTV) é um dos componentes de produção da soja que apresenta maior efeito direto sobre a produtividade de grãos (ALCANTARA NETO et al., 2011; DALLASTRA et al., 2014; RODRIGUES et al., 2015; VIANNA et al., 2013).

Observaram-se correlações fenotípicas e genotípicas significativas e positivas para NTV e PG (0,84). Portanto, a seleção direta para o maior número de vagens pode melhorar a seleção para as plantas com maior rendimento de grãos por planta. Esses resultados estão de acordo com os obtidos por Nogueira et al. (2012) que, ao avaliarem a correlação fenotípica e genotípica entre os caracteres agronômicos em 90 genótipos de soja, obtiveram uma correlação fenotípica de 0,76 para os mesmos caracteres avaliados. Realizando o mesmo tipo de análise, Sousa et al. (2015) encontraram correlações positivas de 0,595 para esses caracteres.

Além da correlação com PG, o NTV também apresentou correlação positiva com NV3 resultados que estão de acordo com Rodrigues et al. (2015). Considerando que o caráter que apresentou maior correlação com produtividade foi o número total de vagem, outras características que também se correlacionam com o NTV, como PG, NNR, NV2 e NV3, devem ser importantes nos programas de melhoramento.

Além disso, foram observados coeficientes de correlações fenotípicas e genotípicas positivas e significativas para altura da planta na maturidade com os caracteres altura da planta no florescimento e número de nós na maturidade. Resultados semelhantes foram encontrados por Leite et al. (2015) ao estudarem as correlações entre caracteres em 28 genótipos de soja.

Almeida, Peluzio e Afférri (2010), estudando as correlações em cultivares de soja cultivada em condições de várzea irrigada, constataram que o caráter produção de grãos apresentou correlação fenotípica positiva e significativa com número de dias para o florescimento, indicando que a seleção de plantas de floração mais tardia resultariam em plantas mais produtivas. Há, portanto, uma divergência com os resultados

encontrados neste trabalho, que pode ter sido ocasionada provavelmente por causa das diferenças de material genético e dos ambientes em que foram realizados os ensaios.

Os coeficientes de correlação, embora sejam úteis na quantificação da magnitude e na direção das correlações entre caracteres, podem resultar em equívocos na estratégia de seleção, pois a alta magnitude da correlação entre dois caracteres pode ocorrer em virtude do efeito indireto de um terceiro ou de um grupo de caracteres (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). A análise de trilha é um método que auxilia programas de melhoramento a realizarem a seleção indireta, confirmado os resultados obtidos nas análises de correlações entre caracteres e evitando os equívocos durante a seleção.

Nesse contexto, a análise de trilha permite ao melhorista uma melhor compreensão entre a associação de diferentes caracteres, pelo desdobramento de coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos, por meio de uma variável principal e das variáveis explicativas. Neste estudo, adotou-se a produção de grãos como variável principal.

Na Tabela 4, são apresentadas as estimativas dos efeitos diretos e indiretos entre a variável produção de grãos e as variáveis explicativas, número de nós na haste principal no florescimento, número de nós ramificados, número de vagens com dois grãos, número de vagens com três grãos e número total de vagens.

O alto valor do coeficiente de determinação da trilha (0,83) e o baixo efeito da variável residual (0,40) demonstram que existem fortes relações de causa e efeitos entre as variáveis estudadas. Além disso, suas relações com a produção de grãos são consideradas como um ponto positivo em análises de trilha e corroboram os resultados de coeficiente de determinação encontrados por Alcântara Neto et al. (2011), Nogueira et al. (2012), Silva et al. (2014) e Teodoro et al. (2015).

TABELA 4. Estimativas dos efeitos diretos, indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres NNF, NNR, NV2, NV3 e NTV sobre a produção de grãos em vinte e quatro genótipos de soja cultivados em Uberlândia, na safra 2015/2016.

Caracteres	EF	EG
Efeito direto de NNF sobre PG	0,070	-0,379
Efeito indireto via NNR	0,136	0,921
Efeito indireto via 2G	0,119	0,501
Efeito indireto via 3G	0,034	0,053
Efeito indireto via NTV	0,070	-0,528
Total	0,432	0,5683
Efeito direto de NNR sobre PG	0,204	1,183
Efeito indireto via NNF	0,047	-0,295
Efeito indireto via NV2	0,127	0,492
Efeito indireto via NV3	0,115	0,216
Efeito indireto via NTV	0,115	-0,86
Total	0,6107	0,7324
Efeito direto de NV2 sobre PG	0,288	1,039
Efeito indireto sobre NNF	0,029	-0,183
Efeito indireto via NNR	0,09	0,559
Efeito indireto via NV3	0,055	-0,237
Efeito indireto via NTV	0,117	-0,768
Total	0,5808	0,4099
Efeito direto de NV3 sobre PG	0,534	1,123
Efeito indireto via NNF	0,004	-0,018
Efeito indireto via NNR	0,044	0,228
Efeito indireto via NV2	0,029	-0,220
Efeito indireto via NTV	0,931	0,467
Total	0,7061	0,6454
Efeito direto de NTV sobre PG	0,163	-1,101
Efeito indireto via NNF	0,030	-0,182
Efeito indireto via NNR	0,144	0,928
Efeito indireto via NV2	0,206	0,725
Efeito indireto via NV3	0,304	0,477
Total	0,8494	0,8472
Coeficiente de determinação	0,83	0,86
Efeito Residual	0,40	0,36

NTV: número de vagens por planta; NNF: número de nós na haste principal no florescimento; NNR: número de nós ramificados; NV2: número de vagens com dois grãos; NV3: número de vagens com três grãos e PG: produção de grãos por planta.

Verificou-se que o caráter de maior influência sobre a produção de grãos foi o número de vagens com três grãos (NV3), pois apresentou efeito direto sobre a produção de grãos por planta e, além disso, provocou elevado efeito indireto do número total de vagens. Esse caráter teve efeito indireto via número de vagens com três grãos, sobre a produção de grãos, pois seu coeficiente (0,931) foi superior ao efeito residual (0,36). Portanto, o número de vagens pode ser considerado como uma boa opção no melhoramento da soja, no caso de seleção indireta para a produção de grãos.

Em análise de trilha entre caracteres primários NVP, NGV e PCG sobre a produtividade de grãos em noventa genótipos de soja cultivados em duas épocas de semeadura, Nogueira et al. (2012) obtiveram resultados semelhantes ao observarem uma situação mais favorável à seleção indireta para genótipos mais produtivos, relacionando-se com o caráter de número total de vagens. Estudando as correlações e análise de trilha entre caracteres em soja hortaliça no nordeste da China, Li et al. (2013) verificaram que o número de vagens com três grãos e o número de vagens com dois grãos foram os componentes de rendimento que mais contribuíram com a produção de vagens.

Alcântara Neto et al. (2011), por sua vez, ao realizaram análise de trilha entre os componentes primários e secundários da produtividade de grãos em soja, verificaram que o número de vagens por planta foi o caráter que mais influenciou a produtividade da soja. Já Silva et al. (2014), em uma análise de trilha entre os componentes de produção da soja, observaram que o número de sementes por planta foi o componente que teve efeito direto sobre o rendimento de grãos, e o efeito do número de vagens por planta na produtividade foi baseado no efeito indireto do número de sementes por plantas.

4. CONCLUSÕES

As correlações fenotípicas e genotípicas indicaram altas correlações entre a produção de grãos e número de nós ramificados, número de vagens com dois e três grãos e número total de vagens.

A análise de trilha confirmou que o número de vagens com três grãos é o caráter que causa mais feito favorável sobre a produção de grãos e o caráter número total de vagens por planta podem ser utilizado na seleção indireta para a produtividade de grãos em soja.

5. REFERÊNCIAS

- ALCANTARA NETO, F. et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Guruguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALMEIDA, R. P.; PELÚZIO, J. M.; AFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- BÁRBARO, I.M.; et al. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agronômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v. 35, n. 2, p. 136 - 145, 2007.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília: MAPA/ACS, 2009. 399 p.
- CABRAL, P. D. S. et al. Análise de trilha do rendimento de grãos de feijoeiro (*Phaseolus vulgaris L.*) e seus componentes. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 132-138, 2011.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GASTALDI, L. F.; PIPOLO, A. E. Correlações fenotípicas entre caracteres quantitativos em soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 26, n. 1, p. 11-16, 2005.
- CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**. Maringá, v. 38, n. 4, p. 547-552, 2016.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa, MG: UFV, 2012. v. 1, 514 p.
- DALLASTRA, A.; et al. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**, 4.ed. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996, 464p.
- FEHR, W.R.; CAVINESS, C.E. Stages of soybean development. Ames: Iowa State University 12p. (Iowa State University.Special Report 80), 1977.
- GLASENAPP, J. S.; et al. Diversidade de características agronômicas e Moleculares em cultivares de soja com diferentes graus de resistência à *Phakopsora pachyrhizi*. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 1, p. 25-36, 2015.
- LEITE, W. S.; et al. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, Sinop, v. 03, n. 04, p. 241-245, 2015.
- LI, Y.S.; et al. Correlation and path coefficient analysis for yield components of vegetable soybean in northeast China. **Legume Research**, v. 36, p. 284-288, 2013.

LOPES, A. C. A.; et al. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 59 n. 2 p. 341-348, 2002.

MONTGOMERY, D. C.; PECK, E. A. **Introduction to linear regression analysis**. New York: John Wiley & Sons 1981. 504p.

NOGUEIRA, A. P. O.; et al. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

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

RODRIGUES, B.; et al. Correlations between traits in soybean (*Glycine max L.*) naturally infected with Asian rust (*Phakopsora pachyrhizi*). **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 17718-17729, 2015.

SALIMI, S.; MORADI, S. Effect the Correlation, Regression and Path Analysis in Soybean Genotypes (*Glycine max L.*) under Moisture and normal condition. **Journal of Agronomy and Plant Production**, Tehran, v. 3, n. 10, p. 447-454, 2012.

SCHUSTER, I. **Correlações, coeficientes de trilha, composição de gluteninas e qualidade do trigo para panificação**. Viçosa: UFV, 1996. 98p.

SILVA, A. F.; et al. Correlation and path analysis of soybean components. **International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences**, Foster City, v. 5, n. 1, p. 177-179, 2014.

SOUSA, L. B.; et al.; Correlation between yield components in f6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015.

TEODORO, P. E.; et al. Path analysis in soybean genotypes as function of growth habit. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 3, p. 794-799, 2015

VIANNA, V. F., et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.

WRIGHT S. **Theory of path coefficients**. Genetics, New York, v. 8, p. 239-285, 1923.

CAPÍTULO 3. Desempenho agronômico de genótipos de soja submetida a diferentes densidades populacionais no município de Uberlândia - MG

RESUMO

A densidade de semeadura é amplamente estudada na cultura da soja com o intuito de definir a melhor população de plantas para cada tipo de cultivar disponível no mercado. O objetivo do trabalho foi avaliar os caracteres agronômicos de três genótipos de soja (UFUS LVR, UFUS 7910 e UFUS 8301) em quatro densidades populacionais (12; 14; 16; 18 pl m⁻¹) em Uberlândia-MG. O experimento foi conduzido em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições, sendo a semeadura realizada em 12 de fevereiro de 2016. Avaliaram-se a altura de planta na floração (APF) e maturidade (APM); número de nós ramificados (NNR); inclinação dos ramos laterais (IRL); altura da inserção de primeira vagem (AIV); número de vagens por planta (NTV); número de sementes por vagem (NSV); peso de cem grãos (PCG) e produtividade de grãos. Houve interações significativas entre os genótipos e as densidades para todos os caracteres, exceto para IRL e NSV. Verificou-se redução na altura de plantas na maturidade com o aumento da densidade de semeadura para a cultivar UFUS 7910. A altura de inserção da primeira vagem aumentou na linhagem UFU LRV em maiores densidades. Não houve alteração no peso de cem grãos para as cultivares UFU LRV e UFUS 7910 com o aumento das densidades. Para os três genótipos houve redução na produtividade de grãos com o aumento da densidade de semeadura. A densidade de 16 pl m⁻¹ favoreceu os caracteres agronômico e a obtenção de produtividade de grão superiores para o genótipo UFUS LVR. A cultivar UFUS 7910 apresentou caracteres agronômicos favoráveis e melhor produtividade de grãos em densidade de semeadura de 12 pl m⁻¹. A cultivar UFUS 8301 apresentou número de vagem e produtividade superiores nas densidades 12 e 14 pl m⁻¹.

Palavras-chave: *Glycine max* (L.) Merrill; Componentes de produção; População de plantas.

ABSTRACT

Seed density is widely studied in the soybean crop in order to define a better population of plants for each type of cultivar available on the market. Three genotypes (UFU LVR, UFUS 7910 and UFUS 8301) were evaluated regarding population densities (12, 14, 16, 18 pl m⁻¹). The experiment was conducted in a randomized complete block design with four replications, and the sowing was performed on February 12, 2016, in Uberlândia-MG. The following traits were evaluated at plant height at flowering (APF) and maturity (APM); Number of branched nodes (NNR); Slope of lateral branches (IRL); Height of first pod insertion (AIV); Number of pods per plant (NTV); Number of seeds per pod (NSV); Weight of one hundred grains (PCG) and grain yield. The insertion height of the first pod increased in the UFU LRV lineage at higher densities. Interactions between genotypes and densities were significant for most characters. Plants height at maturity with increasing sowing density was reduced for cultivar UFUS 7910. There was no change in the weight of one hundred grains for cultivars UFU LRV and UFUS 7910 with increasing densities. As for the three genotypes, there was a reduction in grain yield with increasing sowing density. Regarding UFU LRV line, the most indicated plant population density is between 12 and 16 thousand ha⁻¹. Recommended population density for UFUS 7910 is 12 pl m⁻¹. In relation to the sowing of UFUS 8301 is indicated population sizes between 12 to 14 pl m⁻¹.

Keywords: *Glycine max* (L.) Merrill; Production components; Population of plants.

1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja (*Glycine max* L. Merrill) ocupa a maior área cultivada no Brasil e é a principal leguminosa do mundo. Entre os maiores produtores mundiais, o Brasil ocupa a segunda posição, contribuindo com 30% da produção dos 312 milhões de toneladas produzidas na safra 2015/2016 (CONAB, 2016).

O crescente aumento da produtividade da cultura transformou o país em referência mundial na produção de soja, resultado dos investimentos em pesquisa para o desenvolvimento de novas cultivares com elevado potencial produtivo e tolerantes aos fatores bióticos e abióticos, bem como o desenvolvimento de tecnologias de produção.

A produtividade de uma cultura é definida pela interação entre a planta, o ambiente de produção e o manejo empregado na lavoura. Dentre as práticas de manejo a época de semeadura, a escolha da cultivar, juntamente com o espaçamento e a densidade de semeadura são fatores que influenciam o rendimento e os componentes de produção da soja (MUAD et al., 2010).

A densidade de semeadura é estudada na cultura da soja com o intuito de definir a melhor população de plantas para cada tipo de cultivar disponível (SILVA et al., 2015). Não existe um espaçamento e uma densidade de plantas de soja ideal para todos os ambientes e cultivares, sendo relevante a observação da interação entre o espaçamento e densidade de plantas para cada condição de cultivo (CALISKAN et al., 2007).

Até a década de 1980, era comum produzir soja com 400 mil plantas ha⁻¹, ou até com populações superiores e a produtividade nessa época era em torno de 1900 kg ha⁻¹, no entanto, a melhoria precisão das semeadoras e na qualidade das sementes produzidas e os avanços tecnológicos permitiram a redução da população de plantas para cerca de 230 mil plantas ha⁻¹ e um aumento na produtividade para mais de 2500 kg ha⁻¹ (EMBRAPA, 2013). Mas, a recomendação da densidade de semeadura depende da cultivar a ser utilizada, da região em que será implantada a lavoura, da época de semeadura e do sistema de plantio.

A planta de soja apresenta característica de alta plasticidade fenotípica, a qual consiste na capacidade de se adaptar às condições ambientais e de manejo, por meio de modificações na morfologia e nos componentes de rendimento, a fim de adequar ao espaço disponível e à condição de competição imposta pelo arranjo de plantas (PIRES et al., 2000; RAMBO et al., 2003).

Alterações morfológicas em função de densidade de semeadura têm sido relatadas para a cultura da soja em termos de altura de planta, número de ramificações, número de vagens por planta e número de grãos por vagem (HEIFFIG, 2002; KOMORI et al., 2004; MAUAD et al., 2010).

Trabalhos realizados com população de plantas variando de 8 a 63 plantas por metro quadrado não mostraram efeito no rendimento de grãos, o que está relacionado com plasticidade fenotípica da cultura (PIRES et al., 1998). Pois as plantas de soja compensam a redução da densidade, com o aumento da produção individual de vagens, contribuindo para maior tolerância a essa variação. Ao estudarem as respostas do cultivo de soja sob diferentes densidades de semeadura, Cruz et al. (2016) constataram redução linear negativa do número total de vagens com o aumento da população de 7 para 22 plantas por metro linear.

Assim, o uso de populações muito acima da recomendada acarreta elevação nos gastos com sementes e podem levar a lavoura ao acamamento não acrescentando na produtividade de grãos. E populações abaixo da indicada para a cultivar favorece o desenvolvimento de plantas daninhas e pode resultar em elevadas perdas no momento da colheita (VASQUEZ et al., 2008).

A população de plantas ideal deve possibilitar o alto rendimento, altura final de planta e de inserção da primeira vagem adequadas à colheita mecanizada e plantas não acamadas. Neste contexto, à medida que novas cultivares de soja são disponibilizadas por programas de melhoramento genético, estudos sobre populações de plantas são importantes, visto que cada cultivar terá a recomendação específica, em função do ciclo biológico, altura da planta, tipo de crescimento, índice de acamamento e do período juvenil.

Diante do exposto, o objetivo do trabalho foi avaliar a influência da densidade de semeadura em três genótipos de soja, desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento da Universidade Federal de Uberlândia, em relação à produtividade de grãos e os caracteres morfo-agronômicos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido em uma área experimental localizada na Fazenda Capim Branco ($18^{\circ}52'S$; $48^{\circ}20'W$ e 805m de altitude), pertencente à Universidade Federal de Uberlândia, no município de Uberlândia, Minas Gerais, no ano de 2016.

Os dados meteorológicos da área experimental durante a condução do experimento estão representados na Figura 1, onde pode ser observado que a precipitação durante o período do experimento foi de 308 mm de água. Considerando que a precipitação não foi suficiente para atender às demandas hídricas da cultura da soja, realizaram-se irrigações complementares.

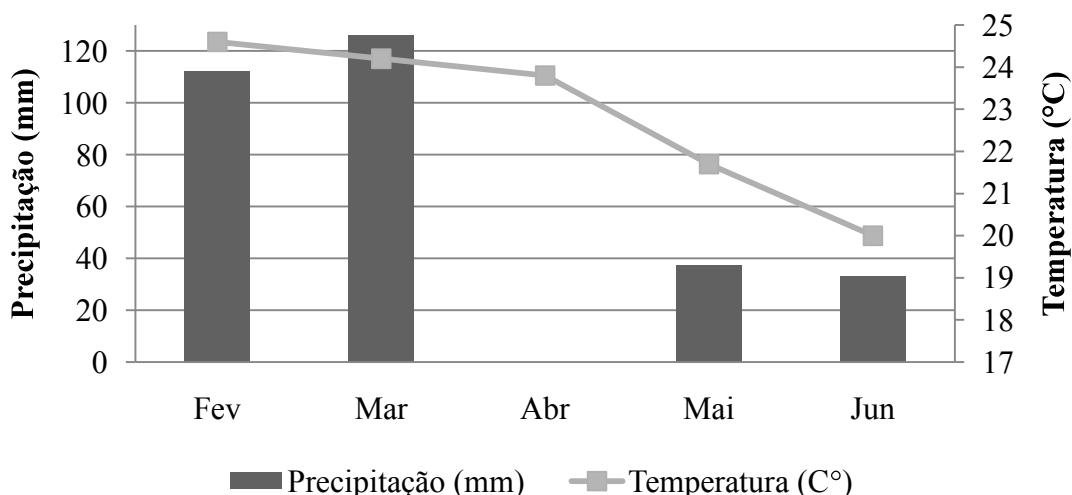


FIGURA 1. Temperatura média e precipitação na Fazenda Capim Branco em Uberlândia-MG, no ano de 2016, durante os meses de fevereiro a junho de 2016. Fonte: Estação meteorologia da Fazenda Capim Branco e Instituto Nacional de meteorologia (INMET).

Avaliaram-se três genótipos (UFUS LRV, UFUS 7910, UFUS 8301) em quatro densidades de semeadura (12; 14; 16; 18 plantas por metro), em delineamento de blocos completos casualizados com quatro repetições.

Os genótipos deste estudo foram desenvolvidos pelo Programa de Melhoramento de Soja da Universidade Federal de Uberlândia, em que UFUS LRV é uma linhagem em fase final de avaliação e os genótipos UFUS 7910 e UFUS 8301 são cultivares registradas no Ministério da Agricultura Pecuárias e Abastecimento cujos número de registro são 27867 e 33899 respectivamente (MAPA, 2017).

TABELA 1. Características dos genótipos utilizados. Uberlândia – MG, 2016.

Genótipo	Ciclo	Cor de Flor	Cor de Hilo	Tipo de Crescimento
UFUS LVR	7.5	Branca	Marrom claro	Determinado
UFUS 7910	8.4	Roxa	Preto	Determinado
UFUS 8301	8.3	Branca	Marrom médio	Determinado

As densidades de semeadura 12; 14; 16; 18 plantas m⁻¹, adotando-se 0,5 m de espaçamento entre linhas correspondem respectivamente às populações de plantas 240, 280, 320 e 360 mil plantas ha⁻¹ (EMBRAPA, 2013).

A parcela experimental constituiu – se de quatro linhas de plantas de soja, com cinco metros de comprimento e espaçadas em 0,5 m. A área útil foi formada pelas duas fileiras centrais desprezando 0,5 m em ambas as extremidades, resultando em quatro metros quadrados.

A área em que foi realizado o experimento situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro Distrófico. O preparo do solo foi realizado de forma convencional, com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme (Tabela 2) seguindo as recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em minas gerais (5^a aproximação).

TABELA 2. Características químicas do solo, amostrado na profundidade de 0 a 20 cm, em Uberlândia, MG.

pH em H ₂ O	M.O (dag kg ⁻¹)	P Meh ⁻¹ (mg dm ⁻³)	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H ⁺ e Al ⁺	V (%)
6,0	1,5	2,1	0,2	2,0	0,9	0,0	2,20	59

M.O: Matéria orgânica; V: Saturação de bases.

Antes da semeadura foi realizado teste de germinação com as cultivares para determinação da quantidade de sementes por metro para atingir a densidade final desejada. A semeadura manual ocorreu em 12 de fevereiro de 2016.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram (Protreat®) e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum* contendo duas estirpes da bactéria.

O controle de plantas daninhas foi realizado com a aplicação de herbicida S-Metolacloro (Dual Gold®) logo após a semeadura e Haloxifope-P-Metílico (Verdict®) 30 dias após semeadura, complementada com capinas manuais.

Aos 30 dias após emergência foi aplicado cobalto e molibdênio (Nectar®) na dosagem 100 mL ha⁻¹. Para o controle de *Phakopsora pachyrhizifolia* foi feita aplicações

com Trifoxistrobina e Protoconazol (Fox®) na dosagem de 0,4 L ha⁻¹ e o controle de pragas foi realizado quando necessário com Acefato (Achero®) na dosagem de 0,4 kg ha⁻¹ e Tiametoxam e Lambda-Cialotrina (Platinum Neo®) com 200 mL ha⁻¹.

Na parcela útil foram amostradas cinco plantas aleatoriamente, as quais foram identificadas com fita colorida e mensurada os seguintes caracteres por meio de observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr; Caviness (1977).

a) Altura da planta na floração (APF) e na maturidade (APM): foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal, quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.

b) Número de nós na haste principal na floração (NNF) e na maturidade (NNM): determinado pela contagem do número de nós na haste principal, quando as plantas encontravam-se no estádio reprodutivo R1 e R8.

c) Número total de vagens por planta (NTV): após a colheita, foi mensurado o número de vagens com um, dois, três e quatro grãos os quais foram somados para obter o NTV.

d) Peso médio de 100 grãos (PCG): após a colheita e beneficiamento das plantas da área útil da parcela, realizou – se a determinação do peso de cem grãos de acordo com a metodologia indicada na Regra de análise de sementes (BRASIL, 2009). O peso de cada amostra foi corrigido para umidade de 13%.

e) Produtividade de grãos (kg ha⁻¹): obtida por meio da colheita da área útil de cada parcela e pesagem dos grãos obtidos após trilha dos feixes de plantas e limpeza dos grãos. Os dados obtidos (gramas por parcela) foram transformados para kg ha⁻¹, sendo esta produtividade corrigida para umidade de 13%, conforme a equação abaixo:

$$PF = PI \times \frac{100-UI}{100-UF}$$

Em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

Os dados foram submetidos à análise de variância em esquema fatorial (3 x 4), sendo os fatores constituídos por três genótipos e quatro densidades. As interações entre

fatores, bem como os fatores isolados significativos foram submetidos ao teste de Tukey a 5% de probabilidade, com o auxilio do programa Sisvar (FERREIRA, 2011). Embora a densidade seja um fator quantitativo, optou-se por tratá-lo como qualitativo, pois não possível ajustar regressões que explicasse o fenômeno biológico.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a ocorrência de interação significativa entre genótipos e densidades para todos os caracteres, exceto para a inclinação dos ramos laterais e número de sementes por vagem, cujos efeitos significativos foram observados para os fatores isoladamente (Tabela 3).

TABELA 3. Resumo da análise de variância para os caracteres agronômicos de três cultivares de soja submetidas a quatro densidades de semeadura, no ano de 2016. Uberlândia - MG.

Causa da variação	GL	Quadrados Médios				
		APF	APM	NNM	NNR	IRL
Genótipo	2	3,91 ^{ns}	93,95*	6,31*	3,19*	605,09*
População	3	17,94 ^{ns}	21,91 ^{ns}	9,19*	4,57*	130,39*
Genótipo x População	6	39,57*	73,61*	5,79*	1,08*	38,81 ^{ns}
Bloco	3	4,81	19,56	2,57	0,64	84,24
Resíduo	33	8,86	20,73	1,77	0,39	23,14
CV (%)		7,63	8,96	9,71	14,58	12,46
Causa da variação		QM				
		AIV	PROD	PCG	NTV	NSV
Genótipo	2	5,20 ^{ns}	29414,93 ^{ns}	21,527*	340,41*	0,67*
População	3	6,13 ^{ns}	598320,90*	0,38 ^{ns}	406,05*	0,07*
Genótipo x População	6	6,00*	92768,94*	0,57*	46,40*	0,03 ^{ns}
Bloco	3	0,96	54454,86	0,07	21,60	0,02
Resíduo	33	1,34	22254,36	0,23	16,25	0,02
CV (%)		12,10	11,18	4,44	14,76	6,30

*: significativo ao nível de 5% de significância pelo teste de F. GL: grau de liberdade; CV(%): coeficiente de variação; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade respectivamente; NNM: número de nós na haste principal na maturidade respectivamente; NNR: número de nós ramificados; NTV: número total de vagens; NSV: número de sementes por vagem; PROD: produtividade de grãos; PCG: peso de cem grãos; AIV: altura da inserção da primeira vagem; IRL: inclinação dos ramos laterais.

O coeficiente de variação (CV) oscilou entre 4,44 % (PCG) a 14,58 % (NNR), valores considerados baixos, o que evidencia controle das causas de variação ambiental de ordem sistemática. Conforme Carvalho et al.(2003) o limite máximo aceitável de coeficientes de variação para soja é de 12% para altura de planta e de 16% para produtividade de grãos. Para tais caracteres, no presente estudo, verificaram-se CVs abaixo dos limites sugeridos pelos autores.

Resultados semelhantes encontrados por Rahman e Hossain (2011) que ao estudarem o efeito da densidade de plantas no crescimento, rendimento e componente de produção de duas cultivares de soja observaram CV oscilando de 2,86 % (PCG) a

8,78% (NSV). Enquanto Cruz et al. (2016) encontraram variação de CV de 3,82 % (PCG) a 10,73 % (AIV) ao avaliarem o efeito da densidades de semeadura e arranjo de plantas na produtividade de soja.

A altura de planta no florescimento é um importante caráter agronômico, considerando que há influencia sobre a altura final das plantas. Na Tabela 4, verificaram-se que APF superiores ocorreram nas densidades de 12 pl m⁻¹ e 14 pl m⁻¹ para UFUS 7910 enquanto que para as demais cultivares não houve diferença na altura de planta com o aumento da densidade.

TABELA 4. Altura de planta no florescimento em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	37,73 aA	37,93 b A	39,50 aA	43,10 a A	39,56
UFUS 7910	40,73 a AB	43,73 aA	35,86 a B	35,53 bB	38,96
UFUS 8301	37,85 a A	40,73 ab A	38,55 a A	37,20 b A	38,58
Média	38,77	40,79	37,97	38,61	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

A maioria das cultivares comerciais brasileiras apresenta cerca de 50 a 90 cm de altura (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). Verificaram-se na Tabela 5 que as altura final dos genótipos variou de 42,80 a 55,80 cm, estando abaixo do recomendado na literatura, isso pode ser explicado, devido a semeadura do experimento ter sido realizada fora da época recomendada para a cultura da soja. Estes resultados corroboram aos obtidos por Cunha et al. (2013), que ao avaliarem o desempenho de linhagens de soja em semeadura fora de época verificaram a altura final das plantas oscilando entre 34,10 e 68,40 cm.

TABELA 5. Altura de planta na maturidade em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	50,33 a A	47,70 b A	52,20 a A	55,80 a A	51,51
UFUS 7910	49,06 a AB	54,00 ab A	46,68 a AB	42,80 b B	48,13
UFUS 8301	50,08 a A	56,13 a A	54,53 a A	50,60 ab A	52,83
Média	49,82	52,61	51,13	49,73	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Não houve alteração na altura final das plantas nos genótipos UFUS LVR e UFUS 8301. Discordando dos resultados obtidos por Mauad et al. (2010) que ao avaliarem a influência da densidade de semeadura sobre características agronômicas na cultura da soja observaram plantas mais altas em densidades mais elevadas. Cruz et al. (2016) relataram crescimento linear da altura final de plantas com o aumento da densidade de semeadura. Esses autores explicaram que o aumento da densidade tende a incrementar a altura final da planta devido competição intraespecífica por luz, levando ao estiolamento nas maiores densidades.

A UFUS 7910 obteve a maior altura de planta na maturidade na densidade de 14 pl m⁻¹. Shamsi e Kobraee (2011) ao estudarem as respostas agronômicas de cultivares de soja submetidas a diferentes populações de plantas concluíram que uma das cultivares analisadas apresentou a maior altura de planta na menor população avaliada, a qual equivale aproximadamente a 230 mil pl ha⁻¹.

Segundo Sedyiyama; Silva; Borém (2015), o número e o tipo de ramificações da soja dependem das particularidades da constituição genética de cada cultivar e do espaço disponível para o desenvolvimento das plantas. Assim, a competição intraespecífica das plantas de soja pelos fatores ambientais pode determinar o número de ramificações. Na Tabela 6 verificou-se a redução do número de ramos por planta com o aumento da densidade para os três genótipos. Martins et al. (1999) comentaram que em maiores densidades de plantas ocorre menor disponibilidade de fotoassimilados para o crescimento vegetativo das plantas na forma de ramificações, devido ao número excessivo de plantas na linha.

TABELA 6. Número de nós ramificados em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	4,41 a A	4,23 a A	3,80 a AB	2,70 b B	3,78
UFUS 7910	5,40 a A	3,93 a A	4,83 a AB	4,46 a B	4,65
UFUS 8301	5,48 a A	3,53 a B	4,60 a AB	4,00 a B	4,4
Média	5,10	3,90	4,41	3,27	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Ao estudar o desempenho agronômico de cultivares de soja em diferentes arranjos espaciais, Costa (2013) também encontrou redução no número de ramos em função do aumento da densidade de plantas. Assim como Cox e Cherney (2011) e

Mauad et al. (2010) que observaram redução linear no número de ramos por planta com aumento nas populações.

Em soja, o hábito de crescimento é caracterizado pela inclinação dos ramos laterais em relação à haste principal. Assim, é considerado ereto quando esta inclinação é menor que 30°; semi ereto, com inclinação de 30° a 60°; e horizontal, quando a inclinação é maior que 60° (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). No entanto, esse caráter é influenciado pela densidade de semeadura em que a lavoura foi semeada.

A cultivar UFUS 7910 apresentou maior inclinação dos ramos laterais e as populações que proporcionaram as maiores inclinações foram a 14 plm⁻¹ e 16 plm⁻¹ (Tabela 7).

TABELA 7. Inclinação dos ramos laterais em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	30,80	40,46	36,00	31,85	34,77 b
UFUS 7910	39,06	47,33	51,93	44,53	45,71 a
UFUS 8301	32,90	36,26	35,00	37,33	35,37 b
Média	34,25 B	41,35 A	40,97 A	37,9 AB	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

A inserção da primeira vagem determina a regulagem da altura da barra de corte da colhedora, visando obter a máxima eficiência durante esse processo e evitando perdas durante a colheita. Para que não haja perdas na colheita, a altura mínima da vagem deve ser de 10 a 15 cm (SEDIYAMA; SILVA; BOREM, 2015).

Para o genótipo UFUS LVR o aumento da densidade de semeadura proporcionou maior altura de inserção da primeira vagem. Contudo, para as demais cultivares a densidade de semeadura não influenciou na altura de inserção da primeira vagem (Tabela 8).

TABELA 8. Inserção de primeira vagem em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	8,46 a B	8,96 a B	11,90 a A	11,50 a A	10,20
UFUS 7910	8,52 a A	10,43 a A	9,80 b A	9,10 a A	9,46
UFUS 8301	8,75 a A	10,36 a A	8,96 b A	8,26 a A	9,08
Média	8,57	9,92	10,22	9,62	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Ao avaliarem os caracteres agronômicos da cultura da soja submetida a diferentes densidades populacionais, no Rio Grande do Sul, Busanello et al. (2013) encontraram altura de inserção da primeira vagem superiores em cultivos adensados. Assim como Cruz et al. (2016) e Mauad et al. (2010) que observaram aumento linear da altura de inserção da primeira vagem em função do aumento da densidade de semeadura.

O componente de produtividade peso médio do grão é um caráter influenciado pela constituição genética das linhagens e/ou cultivares, bem como, por fatores ambientais. Ademais, este caráter é fundamental pra que os genótipos de soja alcancem elevadas produtividades de grãos, em virtude de correlações positivas entre o peso do grão e o rendimento de soja (RIGON et al., 2012).

As cultivares normalmente utilizadas para a produção de óleo e farelo apresentam tamanho médio entre 12 a 20 g por 100 sementes (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016). O aumento da população não alterou o peso de cem grãos para os genótipos UFUS LVR e UFUS 7910 (Tabela 9). Corroborando com os resultados obtidos por Mauad et al. (2010) e por Cruz et al. (2016), os quais também não encontraram diferenças para o peso de cem grãos nas densidades avaliadas.

TABELA 9. Peso de cem grãos em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	11,34 a A	10,79 b A	10,91 a A	11,02 a A	11,01
UFUS 7910	9,29 b A	9,99 b A	9,74 b A	9,74 b A	9,69
UFUS 8301	11,97 a AB	12,71 a A	11,62 a B	11,71 a B	12,00
Média	10,87	11,16	10,75	10,82	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Verificou-se que a cultivar UFUS 8301 apresentou o maior peso de cem grãos nas populações de 12 pl m⁻¹ e 14 pl m⁻¹. Uma possível explicação para esse comportamento é que em menores densidades de semeadura, normalmente ocorre maior produção de vagens por planta e maiores número de grãos por vagens, não havendo limitação por luz, em função da melhor distribuição de planta na área, sendo a produção de fotoassimilados suficiente para o melhor enchimento de grãos (MAUAD et al., 2010).

Devido à correlação com a produtividade de grãos, o número total de vagens é um dos mais importantes componentes de produção da soja (LEITE et al., 2016;

VIANNA et al., 2013). Uma planta de soja pode produzir até 400 vagens, todavia, em média as cultivares brasileiras apresenta de 30 a 80 vagens por planta (CÂMARA, 1998).

Observou-se que houve redução no número de vagens por planta em função do aumento da densidade de semeadura nos três genótipos (Tabela 10). Mauad et al. (2010) explicam que em densidades de semeaduras elevadas existe uma maior competição por luz e uma menor disponibilidade de fotoassimilados, fazendo com que a planta diminua o número de ramificações e produza um número menor de nós e, consequentemente, menor número de vagens.

TABELA 10. Número total de vagens por planta em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades semeadura, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	28,65 b A	26,43 b AB	25,20 b AB	19,45 a B	24,93
UFUS 7910	43,20 a A	33,53 a B	32,21 a B	21,60 a C	32,63
UFUS 8301	31,31 b A	20,20 b B	26,51 ab AB	19,53 a B	24,38
Média	34,38	26,72	27,97	20,19	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Cruz et al. (2016) avaliando o cultivo de soja sob diferentes densidades de semeadura e arranjos espaciais observaram efeito linear negativo do número total de vagens em função do aumento da densidade de semeadura. Resultados semelhantes também foram obtidos por Knebelet et al. (2006) e Busanello et al. (2013) em estudos de diferentes populações e espaçamento entre plantas para a cultura da soja.

Observou-se que o menor no número de grãos por vagem foi na densidade de 18 pl m⁻¹ (Tabela 11). Ludwig et al. (2011) constataram que o número de grãos por vagem foi afetado pela população de plantas, ocorrendo redução no número de grãos com o aumento da população de plantas. Do mesmo modo que Mauad et al. (2010) ao verificar uma resposta linear negativa do número de grãos por vagem em função do aumento da densidade, evidenciando que o número total de grãos está relacionado com o número total de vagens, e que a redução no número total de vagens afeta diretamente o número de grãos por vagem.

TABELA 11. Número de grãos por vagem em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades de plantas, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	2,30	2,33	2,2	2,22	2,26 b
UFUS 7910	2,41	2,32	2,38	2,04	2,29 b
UFUS 8301	2,65	2,65	2,64	2,58	2,63 a
Média	2,45 A	2,43 AB	2,40 AB	2,28 B	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

O potencial produtivo de um genótipo está em função da sua constituição genética bem como das condições de cultivo, tais como a época de semeadura, o espaçamento e a densidade de semeadura utilizada na instalação da lavoura, disponibilidade hídrica e de nutrientes. Neste contexto, a população de planta ideal de cada genótipo deve-se determinada a partir de estudos específicos para esta finalidade.

Sediyama; Silva; Borém (2015) comentaram que cultivares consideradas superiores devem ter produtividade acima de 3000 kg ha⁻¹. Neste estudo, notou-se grande amplitude nas médias desse caráter, que foi de 1364,51 a 2350,25 kg ha⁻¹ (Tabela 12), as quais se encontraram abaixo ideal estabelecido por esses autores. Este comportamento é explicado pelo fato da semeadura do experimento ter sido realizada tarde, ou seja, após a época recomendada para a cultura da soja no estado de Minas Gerais (SILVA et al., 2015). Resultados semelhantes foram encontrados por Cunha et al. (2013) em semeadura tardia de 79 progênies de soja provenientes do Programa Melhoramento Genético da Universidade Federal de Uberlândia.

TABELA 12. Produtividade (kg ha⁻¹), avaliada em três genótipos de soja cultivados em quatro densidades de plantas, Uberlândia – MG, 2016.

Genótipos	12 pl m ⁻¹	14 pl m ⁻¹	16 pl m ⁻¹	18 pl m ⁻¹	Média
UFUS LVR	2016,18 b A	1912,20 a A	2080,48 a A	1364,51 a B	1843,34
UFUS 7910	2410,11 a A	1704,63 a B	1718,04 b B	1461,71 a B	1823,62
UFUS 8301	2350,25 ab A	2058,57 a AB	1673,67 b B	1663,14 a B	1936,41
Média	2258,85	1891,80	1824,06	1496,49	

Médias seguidas pela mesma letra, minúscula na vertical e maiúscula na horizontal, não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade.

Verificou-se redução na produtividade de grãos com o aumento da densidade de semeadura (Tabela 11). Corroborando com resultados obtidos por Hahman e Hossain (2011) ao avaliarem o efeito da densidade de plantas no crescimento, rendimento e componente de produção de duas cultivares de soja. Tal fato explica-se por algumas

cultivares conseguirem expressar melhor o potencial produtivo de cada planta ao ponto de superar o maior número de plantas na linha.

Por outro lado, Busenello et al. (2013), Ludwig et al. (2011), Sousa et al. (2010) e Freitas et al. (2010) verificaram que o aumento da densidade de semeadura não proporcionou aumento nos rendimentos para a cultura da soja. Ao passo que Cruz et al. (2016) observaram incrementos na produtividade de grãos à medida que houve o aumento da população de plantas.

Diante dos resultados apresentados, o genótipo UFUS LVR expressou melhor seu potencial produtivo com uma população entre 12 e 16 pl m⁻¹. Já a UFUS 7910 tem seu maior desempenho produtivo na população de 12 pl m⁻¹. E recomenda-se que a UFUS 8301 seja semeada em uma população entre 12 a 14 pl m⁻¹.

4. CONCLUSÕES

Os caracteres agronômicos e os componentes de produtividade foram influenciados distintamente entre os genótipos e densidade de semeadura.

A densidade de 16 pl m^{-1} favoreceu os caracteres agronômico e a obtenção de produtividade de grão superiores para o genótipo UFUS LVR.

A cultivar UFUS 7910 apresentou caracteres agronômicos favoráveis e melhor produtividade de grãos em densidade de semeadura de 12 pl m^{-1} .

A cultivar UFUS 8301 apresentou número de vagem e produtividade superiores nas densidades 12 e 14 pl m^{-1} .

5. REFERÊNCIAS

- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Secretaria de Defesa Agropecuária. **Regras para análise de sementes**. Brasília: MAPA/ACS, 2009. 399 p.
- BUSANELLO, C. et al.; Caracteres agronômicos da cultura da soja submetida a diferentes densidades populacionais na região norte do Rio Grande Do Sul. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v.9, n.17, p. 509-517, 2013.
- CALISKAN, S.; ARSLAN, M.; UREMIS, I.; CALISKAN, M. E.The effects of row spacing on yield and yield components of full season and double-cropped soybean. **Turkish Journal of Agriculture and Forestry**, v.31, n.3, p.147-154, 2007.
- CÂMARA, G. M. S. Soja: tecnologia de produção. Piracicaba: Publique, 1998. 293 p.
- CARVALHO, C. G. P.; et al. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.
- COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO – CONAB. **Acompanhamento da safra brasileira**: grãos: primeiro levantamento, outubro, 2016. Brasília: CONAB, 2016. Disponível em <http://www.conab.gov.br>. Acesso em: 1 out. 2016.
- COSTA, E. D. **Arranjo de plantas, características agronômicas e produtividade de soja**. Botucatu, 2013. 71f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Faculdade de Ciências Agronômicas da UNESP – Campus de Botucatu, Botucatu, 2013.
- COX, W. J.; CHERNEY, J.H. Growth and Yield Responses of Soybean to Row Spacing and Seeding Rate. **Agronomy Journal**, v. 103, n. 1, p. 123-128, 2011.
- CRUZ, S. C. S. et al.; Cultivo de soja sob diferentes densidades de semeadura e arranjos espaciais. **Revista de Agricultura Neotropical**, Cassilândia, v. 3, n. 1, p. 1–6, 2016.
- CUNHA, M. C. G.; et al. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU breeding program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 2, p. 340-349, 2013.
- EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja**: região central do Brasil 2014. - Londrina: Embrapa Soja, 2013. 266p.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stage of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. 11p.(Specialreport 80).
- FERREIRA, D. F. Sisvar: a computer statistical analysis system. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 35, n.6, p. 1039-1042, 2011.
- FREITAS, M. C. M.; et al. Época de semeadura e densidade populacional de linhagens de soja UFU de ciclo semitardio. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 5, p. 698-708, 2010.

HEIFFIG, S. L. **Plasticidade da cultura da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) em diferentes arranjos espaciais.** 2002. Dissertação (Mestrado em Agronomia Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 85f. Piracicaba, 2002.

KNEBEL, J. L.; et al. Influência do espaçamento e população de plantas sobre doenças de final de ciclo e oídio e caracteres agronômicos em soja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 28, n. 3, p. 385-392, 2006.

KOMORI, E.; et al. Influência da época de semeadura e população de plantas sobre características agronômicas na cultura da soja. **Bioscience Journal**, v.20, n.3 p.13- 19, 2004.

LEITE, W. S., et al. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agronômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

LUDWIG, M. P. et al.; Populações de plantas na cultura da soja em cultivares convencionais e Roundup Read. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n.3, p. 305-313, 2011.

MARTINS, M. C.; CÂMARA, G. M. S.; PEIXOTO, C. P.; MARCHIORI, L.FS.; LEONARDO, V.; MATTIAZZI, P. Épocas de semeadura, densidades de plantas e desempenho vegetativo de cultivares de soja. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 56, n. 4, p. 851-858, 1999.

MAPA, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares**, 2017. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/detalhe_cultivar.php?codsr=27828>. Acesso em: 20 de jan. 2017.

MAPA, Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Registro Nacional de Cultivares**, 2017. Disponível em: <http://extranet.agricultura.gov.br/php/snpc/cultivarweb/detalhe_cultivar.php?codsr=33860>. Acesso em: 20 de jan. 2017.

MAUAD, M.; et al. Influência da densidade de semeadura sobre características agronômicas na cultura da soja. **Revista Agrarian**, Dourados, v.3, n.9, p.175-181, 2010.

PIRES, J. L. F.; COSTA, J. A.; THOMAS, A. L. Rendimento de grãos de soja influenciado pelo arranjo de plantas e níveis de adubação. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.4, n. 2, p.183–188, 1998.

PIRES, J. L. F.; COSTA, J. A.; THOMAS, A. L.; MAEHLER, A. R. Efeito de populações e espaçamentos sobre o potencial de rendimento da soja durante a ontogenia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 8, p. 1541–1547, 2000.

HAHMAN, M. M.; HOSSAIN, M. M. Plant density effects on growth, yield and yield components of two soybean varieties under equisistant planting arrangement. **Asian Journal of Plant Sciences**, v. 10, n. 5, p, 278-286, 2011.

RAMBO, L.; et al. Rendimento de grãos da soja em função do arranjo de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, p. 405-411, 2003.

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.

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

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; BARROS, H. B. Origem, evolução e importância econômica. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenas, 2009, p. 1-5.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R.C.T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) **Produtividade da Soja**. Mecenas: Londrina, 2016. p. 11-18.

SHAMSI, K.; KOBRAEE, S. Soybean agronomic responses to plant density. **Annals of Biological Research**, v. 2, n. 4, p.168-17, 2011.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; BORÉM, A.; SILVA, F. C. S. Cultivares. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SILVA, F. L.; et al. Época de semeadura e densidade de plantas. In: SEDIYAMA, T.; SILVA, F.; BORÉM, A.; (Eds). **Soja do plantio à colheita**. Viçosa: UFV, 2015, 149-167p.

SOUZA, C. A.; et al. Relação entre densidade de plantas e genótipos de soja *roundup ready*. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 28, n. 4, p. 887-896, 2010.

TOURINO, M. C. C.; REZENDE, P. M. de.; SALVADOR, N. Espaçamento, densidade e uniformidade de semeadura na produtividade e características agronômicas da soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasileira, v.37, n.8 p.1071-1077, 2002.

VASQUEZ, G. H.; CARVALHO, N. M.; BORBA, M. M. Z. Redução na população de plantas sobre a produtividade e qualidade fisiológica da semente de soja. **R. Bras. Sementes**, v. 30, n. 2, p. 1-11, 2008.

VIANNA, V. F., et al. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p. 4162-4169, 2013.