

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS
DE SOJA

Luiza Amaral Medeiros

Monografia apresentada à Coordenação do
Curso de Biotecnologia da Universidade
Federal de Uberlândia para obtenção do
Grau de Bacharel em Biotecnologia.

Uberlândia - MG

Dezembro - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS
DE SOJA

Luiza Amaral Medeiros

Ana Paula Oliveira Nogueira
Orientadora

Monografia apresentada à Coordenação do
Curso de Biotecnologia da Universidade
Federal de Uberlândia para obtenção do
Grau de Bacharel em Biotecnologia.

Uberlândia - MG
Dezembro - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS
DE SOJA

Luiza Amaral Medeiros

Ana Paula Oliveira Nogueira
Orientadora

Beliza Queiroz Vieira Machado
Coorientadora

Homologado pela coordenação do Curso

De Biotecnologia em __/__/__

Edgar Silveira Campos
Coordenador do Curso de Biotecnologia

Uberlândia - MG

Dezembro - 2018

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
INSTITUTO DE BIOTECNOLOGIA
CURSO BIOTECNOLOGIA

DESEMPENHO AGRONÔMICO E DIVERSIDADE GENÉTICA DE LINHAGENS
DE SOJA

Luiza Amaral Medeiros

Aprovado pela Banca Examinadora em: 19 / 12 / 2018. Nota: 98

Ana Paula Oliveira Nogueira
Presidente da Banca Examinadora

Uberlândia - MG

Dezembro - 2018

AGRADECIMENTOS

Dedico este trabalho primeiramente a Deus, por ter me dado força para prosseguir e conquistar mais esta etapa.

A meus pais, Meire e Divino, por todo carinho e dedicação, por sempre me apoiarem, por acreditarem em mim, acima de tudo, e por nunca me deixarem desistir. O incentivo de vocês foi essencial para a conclusão desta caminhada.

Ao meu namorado, a minha irmã, ao meu cunhado e a todos os familiares que me acompanharam desde o início, me apoiaram e comemoraram comigo as minhas conquistas.

Aos amigos que a graduação me concedeu, Luana, Lucas, Matheus, Ian, Heitor, Gabriela, Clara, Ana Carolina e aos demais por terem me acompanhado e me incentivado a prosseguir. Vocês tornaram essa caminhada mais fácil.

À Isabella Silveira, em especial, pelo companheirismo durante esses quatro anos, pelos longos dias de estudo e de fazenda, pelo apoio e por ter tido muita paciência dentro e fora da sala de aula.

À Beliza Queiroz, pelo apoio no decorrer de todo o processo até a coorientação e pelas inúmeras correções.

À Prof.^a Ana Paula, por acreditar no meu potencial e pela oportunidade de me orientar e proporcionar os ensinamentos necessários para a realização deste trabalho.

Aos alunos e funcionários do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU, pela amizade e todo o auxílio e conhecimento transmitido. Sem eles, esses resultados não seriam possíveis.

Ao CNPq, pelo apoio financeiro que possibilitou a realização deste projeto.

A todos, o meu muito obrigada!

RESUMO

A soja é uma das leguminosas mais cultivadas no Brasil e no mundo, por isso contribui significativamente com a economia mundial. O melhoramento genético da espécie busca desenvolver cultivares com superioridade agronômica que sejam mais produtivas e resistentes aos fatores bióticos e abióticos que prejudicam o seu cultivo. Um dos desafios dos programas de melhoramento é selecionar genitores que apresentem tais características de superioridade, produtividade e resistência, e sejam divergentes entre si. Sendo assim, os objetivos do trabalho foram analisar o desempenho agronômico e a diversidade genética de linhagens de soja a fim de selecionar parentais com alta produtividade de grãos para hibridação. O experimento foi conduzido na Fazenda Capim Branco, pertencente à Universidade Federal de Uberlândia. Foram avaliados 22 genótipos de soja em delineamento de blocos completos casualizados com três repetições para 14 caracteres agronômicos. Os genótipos apresentaram um ciclo total variando entre 102 e 145 dias. Detectou-se a existência de variabilidade genética a nível de 1% pelo teste F para os caracteres agronômicos e H^2 superior a 70%, com exceção aos relacionados ao número de grãos por vagem e número de vagens. Os caracteres de maior contribuição na divergência genética foram o número de dias para maturidade e o número de vagens com três grãos. As linhagens UFUS L40fl, UFUS L36fl, UFUS L34fl, UFUS L18fl e UFUS L32fl obtiveram altas produtividades de grãos, oscilando entre 3120,66 e 4145,67 kg ha⁻¹, destacando-se a linhagem UFUS L40fl, que apresentou maior divergência genética em relação aos demais genótipos pelo método de agrupamento vizinho mais distante. Foram sugeridas as seguintes hibridações: UFUS L40fl x UFUS L39fl, UFUS L40fl x UFUS L34fl, UFUS L40fl x UFUS L32fl.

Palavras chave: *Glycine max*, melhoramento genético; produtividade de grãos.

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	2
2. OBJETIVOS.....	4
2.1. Objetivo Geral.....	4
2.2 Objetivos Específicos	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1. Origem e importância econômica da soja.....	5
3.2. Aspectos botânicos e morfológicos da soja	6
3.3. Melhoramento genético da soja	9
3.4. Diversidade genética	10
4. MATERIAL E MÉTODOS	12
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	18
6. CONCLUSÕES.....	31
7. REFERÊNCIAS	32

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L. Merrill) é uma espécie originária da Ásia que vem sendo cultivada há centenas de anos. Foi introduzida no Brasil no final do século XX e, desde então, tem se consolidado como a principal cultura do agronegócio nacional, apresentando importante papel na economia brasileira. Além de sua riqueza nutricional e ampla aplicação industrial, a soja apresenta características como adaptabilidade a diferentes latitudes, solos e condições climáticas. Essas características foram adquiridas devido ao intenso processo de melhoramento genético e desenvolvimento de novas cultivares, permitindo que o seu cultivo se expandisse mundialmente (ESPÍNDOLA; CUNHA, 2015).

A cadeia produtiva da soja permitiu a consolidação do Brasil como o segundo maior produtor e primeiro exportador do grão no mundo. Na safra de 2017/2018, a produção atingiu mais de 119 milhões de toneladas de grãos, em uma área de aproximadamente 35 milhões de hectares, o que corresponde a cerca de 49% da área cultivada do país (Companhia Nacional de Abastecimento, 2018).

Os programas de melhoramento genético da soja têm como foco o desenvolvimento de cultivares com alta produtividade de grãos, ampla adaptabilidade, alta estabilidade e com características superiores às daquelas já disponíveis no mercado (BORÉM; MIRANDA; FRITSCH-NETO, 2015). No entanto, a constante hibridação de genótipos elites, geneticamente semelhantes, tem resultado em uma redução na diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando a vulnerabilidade da cultura aos estresses abióticos, como o hídrico, e bióticos, como doenças e pragas (NOGUEIRA, 2011).

Dessa forma, pesquisas sobre diversidade genética têm demonstrado importante papel no processo de melhoramento, auxiliando na seleção de genitores divergentes entre si, e possibilitando a ampliação da base genética dos programas (WYSMIERSKI,

VELLO, 2013). Quando realizada adequadamente, a seleção de genitores pode resultar na obtenção de uma população segregante com maior variabilidade genética e maior probabilidade de rearranjar os alelos em combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011).

Para a avaliação da diversidade genética entre indivíduos, podem ser utilizadas características fenotípicas, bioquímicas ou moleculares aliadas às técnicas biométricas multivariadas (CANTELLI et al. 2016). As técnicas multivariadas são amplamente empregadas em estudos de diversidade, pois permitem considerar simultaneamente diversos caracteres agronômicos, sem necessidade prévia de combinações híbridas (FELICI, 2017).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Analisar a diversidade genética de um grupo de linhagens avançadas de soja.

2.2 Objetivos Específicos

Avaliar linhagens de soja do Programa de Melhoramento Genético de Soja da Universidade Federal de Uberlândia quanto ao desempenho agrônômico e diversidade genética.

Selecionar linhagens de soja com base na produtividade de grãos e nos caracteres agrônômicos favoráveis.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Origem e importância econômica da soja

A soja (*Glycine max*), cuja produção iniciou-se há centenas de anos, é a oleaginosa mais importante do Brasil e do mundo. Originária da Ásia, a cultura foi trazida para o ocidente no início do século XVI, onde passou a ser produzida inicialmente como forrageira nos Estados Unidos. No Brasil, sua introdução se deu apenas no século XIX e, desde então, tem se consolidado como a principal cultura do agronegócio nacional, apresentando importante papel na economia brasileira (CASTRO et al., 2015; BACAXIXI, 2011).

A importância da soja está relacionada principalmente com sua composição nutricional, sendo uma das fontes mais baratas de proteína e óleo vegetal disponíveis. Segundo Pípolo et al. (2015), os teores de proteína e óleo de cultivares comerciais podem ultrapassar 21% e 40%, respectivamente, definindo, dessa forma, o valor comercial da soja, tornando-a o grão ideal para o processamento industrial (COSTA; SANTANA, 2013).

A principal utilização da soja é como matéria-prima para a indústria de esmagamento, a qual produz óleo e farelo. O farelo, rico em proteína, é amplamente utilizado em rações animais para aves, suínos e bovinos. Na alimentação humana, ela também é adicionada na formulação de diversos alimentos. O óleo, por sua vez, é muito utilizado pela indústria alimentícia para a produção de óleo refinado, gorduras hidrogenadas, entre outros produtos (BIZARI et al., 2017). Além disso, a oleaginosa também é utilizada na fabricação de biodiesel, como fonte de biomassa alternativa aos combustíveis fósseis (Agência Nacional do Petróleo, 2018).

Além de sua ampla aplicação industrial, a cultura da soja apresenta adaptabilidade a diferentes latitudes, solos, condições climáticas e características favoráveis ao cultivo em larga escala. Tudo isso se deve aos esforços dos programas de

melhoramento genético, que permitiram que o cultivo se expandisse mundialmente (ESPÍNDOLA; CUNHA, 2015).

No Brasil, a soja tornou-se a cultura representante da agricultura nacional, posicionando o país como o segundo maior produtor mundial e primeiro em volume de exportação. De acordo com a CONAB (2018), na safra de 2017/2018, a produtividade média nacional foi de 3394 kg ha⁻¹, indicando um novo recorde. A produção de grãos, que ocorreu em uma área de aproximadamente 35 milhões de hectares, superou 119 milhões de toneladas.

3.2. Aspectos botânicos e morfológicos da soja

A soja pertence ao reino *Plantae*, divisão *Magnoliophyta*, classe *Magnoliopsida*, ordem *Fabales*, família *Fabaceae* (Leguminosae), subfamília *Faboideae* (Papilionoideae), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill. É uma planta amplamente influenciada pelo ambiente de cultivo, o que resulta em grande variabilidade para as características morfológicas (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é uma planta anual, cujo ciclo varia entre 75 dias para os genótipos mais precoces e 200 dias para os mais tardios. O ciclo apresenta variações dependendo das condições da região, da época de semeadura, da altitude, da latitude e da fertilidade do solo. É uma planta de dias curtos e fortemente influenciada por fotoperíodos decrescentes. Além disso, cada cultivar possui um fotoperíodo crítico específico, além da adaptação em uma faixa específica de latitude (MARTINS et al., 2011; MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

O sistema radicular é predominantemente fasciculado e constituído de uma raiz axial principal e raízes secundárias que se ramificam e realizam associação simbiótica

com bactérias do gênero *Bradyrhizobium*, que são capazes de fixar nitrogênio atmosférico, fornecendo-o à planta (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O caule é do tipo herbáceo, pubescente e ramificado. O número e tipo de ramificações dependem da constituição genética de cada cultivar. Sua altura varia de 30 a 200 cm, apresentando três tipos característicos de crescimento: determinado, semideterminado e indeterminado. Eles se diferenciam pela presença ou não da inflorescência na planta (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

No crescimento determinado, as plantas possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, e na ocasião do florescimento apresentam, em média, 90% de sua altura final e matéria seca final. As plantas com crescimento semideterminado também apresentam inflorescência racemosa terminal e axilar, no entanto, ao florescer, já apresentam 70% da sua altura final e podem continuar crescendo após este período. As cultivares com crescimento indeterminado são caracterizadas por um alongamento no caule após o florescimento, já que a gema terminal se mantém ativa mesmo após o florescimento. Isso pode originar plantas mais altas e com maior número de nós (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

As folhas podem ser cotiledonares, unifolioladas e trifolioladas. Após a emergência, originam-se duas folhas cotiledonares, seguidas de duas unifolioladas opostas e posteriormente originam-se as folhas trifolioladas, que ditam o estágio de desenvolvimento em que a planta se encontra. O formato das folhas é variado, podendo ser lanceolada estreita, lanceolada, triangular oval, oval pontiaguda ou oval arredondada, de acordo com o genótipo (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

A soja é uma planta autógama e cleistógama, ou seja, sua reprodução acontece por meio de autofecundação, e sua polinização ocorre antes da abertura das flores. As flores são completas, formadas por cálice, corola, androceu e gineceu, e sua cor varia de

acordo com o genótipo e as condições ambientais. A cor da flor está correlacionada à coloração do hipocótilo, que pode variar de verde a roxo, originando flores brancas e roxas, respectivamente (NOGUEIRA et al., 2013).

O fruto da soja é do tipo vagem e pode conter de uma a cinco sementes e variar de 2 a 7 cm, dependendo da cultivar e das condições edafoclimáticas do cultivo. A vagem possui pubescência de coloração cinza, marrom clara, marrom média, marrom escura ou preta. A semente possui variações quanto ao tamanho, forma, cor do tegumento, do hilo e dos cotilédones. Sua forma é predominantemente esférica, podendo variar para esférica-achatada, alongada ou alongada-achatada (SEDIYAMA; OLIVEIRA; SEDIYAMA, 2016).

O hilo da soja é do tipo cicatriz e pode apresentar cores como o amarelo, cinza, preto, preto imperfeito, marrom e suas variações de tonalidade. A cor do hilo é uma das principais características utilizadas pelos melhoristas para descrever uma cultivar, além de ser bastante utilizado nos laboratórios de análise de sementes para diferenciar cultivares e detectar misturas varietais durante o processo de certificação (ROSA, 2017). No entanto, podem ocorrer variações na cor do hilo em sementes de soja em função dos efeitos ambientais, como a ocorrência de veranicos e de altas temperaturas durante os estádios R3 e R4 de desenvolvimento das sementes (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

Os estádios de desenvolvimento da cultura são divididos entre vegetativos e reprodutivos, de acordo com a escala proposta por Fehr e Caviness (1977). O estágio vegetativo inicia-se com a emergência da plântula (Ve), seguida da abertura dos cotilédones (Vc) e de folhas unifolioladas e trifolioladas. Desta forma, os estádios seguem de acordo com o número de nós e folhas (V1, V2, V3..., Vn). A fase reprodutiva se divide em oito estádios compreendidos em quatro etapas e tem início quando há pelo menos uma flor em qualquer nó da haste principal. As etapas consistem

no florescimento (R1 e R2), desenvolvimento da vagem (R3 e R4), desenvolvimento da semente (R5 e R6) e maturação (R7 e R8) (MATSUO; FERREIRA; SEDIYAMA, 2015).

3.3. Melhoramento genético da soja

Os programas de melhoramento genético de soja, aliados à tecnologia de produção, são os principais responsáveis pelo sucesso do agronegócio da cultura no país. Impulsionados por intensos investimentos, públicos e privados, os programas possibilitaram o desenvolvimento de cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil, ampliando as fronteiras agrícolas e permitindo o cultivo em altas e baixas latitudes. O objetivo desses programas é desenvolver genótipos de soja mais produtivos, resistentes aos principais insetos-praga e doenças da cultura e adaptados às diferentes regiões de cultivo (NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

O processo de melhoramento de uma cultura envolve etapas como a escolha dos genitores, a hibridação dos genitores, a obtenção de populações segregantes, a escolha do método de condução das populações segregantes, os testes de desempenho agrônomico e a seleção das linhagens experimentais que levarão ao lançamento de novas cultivares comerciais (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

O germoplasma de soja disponível no Brasil apresenta uma base genética restrita em decorrência das poucas linhagens ancestrais de que teve origem (TORRES et al., 2015). Dessa forma, um dos obstáculos enfrentados pelos programas de melhoramento é a escolha de genitores complementares e contrastantes para ampliar a variabilidade genética a fim de obter populações distintas que possibilitem a seleção de linhagens superiores. O processo de hibridação artificial consiste no cruzamento de genitores para obtenção de populações segregantes com variabilidade genética.

Após a obtenção das populações segregantes, estas devem ser submetidas a autofecundações sucessivas para restaurar a homozigose. Neste processo, é necessária a escolha do método de condução que melhor se aplique aos objetivos do programa. Dentre os métodos estão: método genealógico, método da população, método SSD (*Single Seed Descendent*) - descendente de uma única semente, método SPD (*Single Pod Descendent*) - descendente de uma única vagem e teste de geração precoce (SEDIYAMA et al., 2015; NOGUEIRA; SEDIYAMA; GOMES, 2015).

Posteriormente ao avanço de gerações para restauração da homozigose, são realizados os testes de progênies para a seleção das linhagens que apresentam as características agronômicas desejadas. Antes de serem registradas junto ao Registro Nacional de Cultivares (RNC) e lançadas no mercado, estas novas linhagens devem ser submetidas ao teste de VCU (Valor de Cultivo e Uso) para garantir a identidade e qualidade do material de multiplicação e reprodução vegetal produzido, comercializado e utilizado em todo território nacional (Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, 2017).

3.4. Diversidade genética

Os estudos sobre diversidade genética são úteis no processo de escolha dos genitores nos programas de melhoramento genético. Considerando a base genética restrita do germoplasma de soja nacional, tais estudos são imprescindíveis, pois dão auxílio na utilização, conservação e gerenciamento dos recursos genéticos disponíveis. Estes estudos podem tomar como base os caracteres agronômicos, morfológicos ou até moleculares dos genótipos e permitem a seleção dos genitores potenciais que darão origem às combinações híbridas adequadas para os objetivos dos programas de melhoramento (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

O desenvolvimento de novas cultivares requer um processo contínuo de seleção e recombinação de genótipos a fim de aumentar a variabilidade das populações resultantes e selecionar linhagens que atendam às demandas do mercado. Atualmente, os progressos na produtividade de grãos são marcantes. Segundo Sedyama (2014), em condições de lavoura, a produção de soja já consegue atingir médias superiores a 6000 kg ha⁻¹, enquanto que em condições de pesquisa, no município de Itiquira-MT, foram registradas produtividades acima de 9000 kg ha⁻¹.

No entanto, estudos revelam que os métodos e práticas de melhoramento podem reduzir a diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando a susceptibilidade a pragas, patógenos e estresses ambientais (MINUZZI et al., 2010).

Hiromoto e Vello (1986), ao estimarem a divergência genética das cultivares Brasileiras de soja, analisaram 69 genótipos no ano de 1986 e encontraram apenas 26 ancestrais, dos quais quatro contribuíam com 48,2% na base genética. Wysmierski e Vello (2013) avaliaram novamente os genótipos brasileiros e obtiveram resultados semelhantes. Das 444 cultivares analisadas, foram encontrados apenas 60 ancestrais em comum, dos quais quatro correspondiam a mais de 55% da base genética.

Sendo assim, considerando o estreitamento da base genética da soja, os estudos de diversidade genética se tornaram ainda mais importantes para a seleção de genitores divergentes que resultem em uma população com maior variabilidade genética e maior probabilidade de um rearranjo alélico com combinações favoráveis (NOGUEIRA, 2011).

4. MATERIAL E MÉTODOS

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

Os dados meteorológicos durante a condução do experimento estão dispostos na Figura 1.

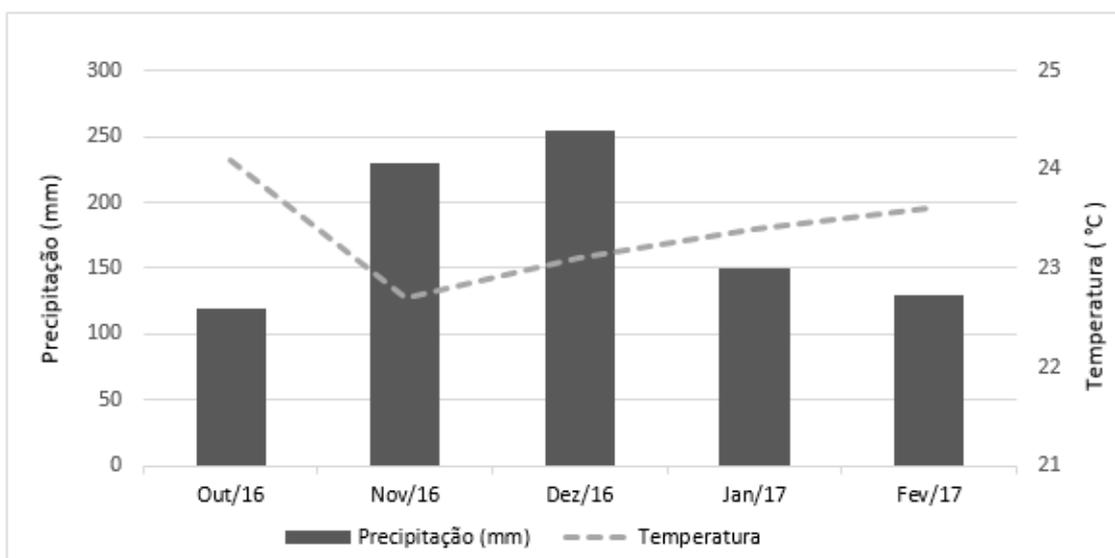


Figura 1. Precipitação e temperatura média no período de outubro/2016 a fevereiro/2017 em Uberlândia-MG. Fonte: Laboratório de Climatologia e Meteorologia Ambiental (LATEC).

Foram avaliadas 20 linhagens de soja desenvolvidas no Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU e duas cultivares comerciais (NA 5909 RG e NS 6909 IPRO). O experimento foi semeado no dia 7 de outubro de 2016, em delineamento experimental de blocos casualizados com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída de 4 linhas de plantas de soja com 5 metros de comprimento espaçadas em 50 cm. A área útil constituiu-se das duas linhas centrais de cada parcela, excluindo meio metro de cada extremidade.

O preparo do solo foi realizado com uma aração e duas gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme características químicas

apresentadas na Tabela 1. Utilizou-se o formulado NPK 02-28-18 na dose de 400 kg ha¹.

TABELA 1. Características químicas do solo amostrado em área experimental na Fazenda Capim Branco em Uberlândia, MG.

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

As sementes utilizadas foram tratadas com fungicida Carbendazim e Tiram (Proteat ®) e inoculadas com *Bradyrhizobium japonicum* (Gelfix 5 ®). A semeadura foi realizada manualmente adotando-se 14 sementes por metro linear. Logo após a semeadura, foi realizada a aplicação, em bomba costal manual, do herbicida S-Metolaclo-ro (Dual Gold®) na dose de 1,5 L ha⁻¹ para realizar o controle das plantas daninhas na pré-emergência da soja.

Quarenta dias após a emergência, foi realizada uma aplicação para controle de plantas daninhas utilizando Haloxifope-P-Metílico (Verdict ®) na dosagem de 0,5 L ha⁻¹; no decorrer do cultivo foram feitas capinas quando necessário. Para o controle de percevejos e demais pragas, foram aplicados Tiametoxam e Lambda-cialotrina (Engeo Pleno ®) na dosagem de 0,2 L ha⁻¹ e Trifoxistrobina e Protioconazol (Fox ®) na dosagem de 0,4 L ha⁻¹ para o controle de *Phakopsora pachyrhizi*. Todas as aplicações foram realizadas com bomba costal manual.

Para a avaliação dos caracteres agrônômicos, foram amostradas na parcela útil cinco plantas aleatoriamente, nas quais, por meio de observações visuais e medições de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr e Caviness (1977), foram mensurados os seguintes caracteres:

- a) **Número de dias para florescimento (NDF):** é o período que corresponde ao número de dias decorridos entre a sementeira e o florescimento pleno, quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R2.
- b) **Altura da planta no florescimento (APF):** mensurada em centímetros, é a distância da superfície do solo até a inserção do racemo no ápice da haste principal, quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R2.
- c) **Número de nós na haste principal no florescimento (NNF):** corresponde ao número de nós totais na haste principal da planta na floração, quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R2.
- d) **Número de dias para maturidade (NDM):** é o período que corresponde ao número de dias decorridos desde a sementeira até a data em que 95% das vagens apresentarem-se maduras (quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R8).
- e) **Altura da planta na maturidade (APM):** mensurada em centímetros, é a distância da superfície do solo até a inserção do racemo no ápice da haste principal, quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R8.
- f) **Número de nós na haste principal na maturidade (NNM):** corresponde ao número de nós totais na haste principal da planta na maturidade, quando 50% das plantas da parcela útil se encontram em estágio R8.
- g) **Número de vagens total (NVT):** após a colheita, foi contado o número total de vagens em cada planta.
- h) **Número de grãos por vagem (NGV):** após a colheita, foi contado o número de grãos totais por planta.
- i) **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.

j) Altura de inserção da primeira vagem (APV): distância em cm medida a partir da superfície do solo até a primeira vagem obtida na colheita.

k) Produtividade de grãos em kg ha⁻¹ (PROD): é mensurada pela massa de grãos obtidos por debulha das vagens após a colheita manual e beneficiamento das plantas da área útil de cada parcela. Os dados obtidos foram convertidos para kg ha⁻¹ após a correção da umidade para 14%, conforme demonstrado abaixo:

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

Sendo:

PF: peso final da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (14%).

l) Matéria seca da planta: logo após a colheita, foi determinado o peso total da planta (haste e vagens).

m) Índice de colheita (IC): é a razão entre o rendimento de grãos e a matéria seca total da planta. Obtido pela seguinte expressão:

$$PF = \frac{\text{Massa seca total de grãos}}{\text{Massa seca total da planta}}$$

Os dados obtidos foram submetidos à análise estatística no programa GENES (CRUZ, 2016).

Para avaliar a existência de variabilidade genética para os caracteres quantitativos, realizaram-se análises de variância, conforme demonstrado abaixo:

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

Em que:

Y_{ij} : valor fenotípico observado do i-ésimo acesso no j-ésimo bloco;

μ : média geral;

G_i : efeito do i-ésimo genótipo;

B_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} : efeito do erro experimental.

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

$$H^2 = \frac{\tilde{\sigma}_g}{QMT/r}$$

$$\tilde{\sigma}_g = \frac{(QMT-QMR)}{r}$$

Em que:

H^2 : coeficiente de determinação genotípico;

$\tilde{\sigma}_g$: coeficiente quadrático genético;

QMT: quadrado médio de genótipos;

QMR: quadrado médio de resíduo;

r: número de repetições.

As médias dos genótipos foram agrupadas pelo teste Scott-Knott ao nível de 5% de significância.

A dissimilaridade genética foi estimada entre todos os pares de genótipos por meio da Distância Generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$), conforme o estimador abaixo:

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

Em que:

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

Ψ : matriz de variância e covariâncias residuais;

δ : [$d_1 d_2 \dots d_v$] sendo $d_j = Y_{ij} - Y_i'$;

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

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre os genótipos, foi obtido o dendograma pelo Agrupamento Hierárquico do Vizinho Mais Distante (Complete Linkage Method), por meio das Variáveis Canônicas e contribuição relativa pelo Método de Singh (1981).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se a existência de variabilidade genética ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F, para os caracteres NDF, NDM, NNF, NNM, APF, APM, APV, IC, NV3, NGV e PROD, indicando a possibilidade de seleção de linhagens (Tabela 2). Barros et al. (2016) estimaram parâmetros genéticos e eficiência de seleção em onze progênies de soja. Também verificaram a presença de variabilidade genética para a maioria dos caracteres avaliados.

Tabela 2. Estimativas de quadrados médios, coeficiente de variação e coeficiente de determinação genotípico de caracteres agrônômicos de 20 linhagens e duas cultivares de soja semeadas em 2016/2017, em Uberlândia – MG.

Caracteres	QMG	QME	CV%	H ² (%)	CVg/CVe
NDF	139,04*	11,45	6,45	91,76	1,93
NDM	321,25*	17,30	3,18	94,61	2,42
NNF	5,69*	0,72	6,98	87,33	1,51
NNM	16,52*	1,91	8,98	88,39	1,59
APF	773,49*	179,77	21,59	76,76	1,05
APM	956,89*	125,47	12,87	86,88	1,48
APV	24,02*	6,71	22,58	72,07	0,93
IC	0,14*	0,004	15,40	68,67	0,85
NVT	400,95 ^{ns}	311,63	39,19	22,27	0,31
NV1	29,88 ^{ns}	23,66	43,47	20,84	0,29
NV2	139,86 ^{ns}	83,89	38,38	40,02	0,47
NV3	85,88*	36,28	60,30	57,76	0,67
NGV	0,92*	0,14	6,13	84,36	1,34
PROD	1577534,35*	141769,31	15,62	91,01	1,84

*: significativo a 5% de probabilidade pelo F; ns: não significativo; QMG: quadrados médios de genótipos; QME: quadrados médios do erro; CV(%): coeficiente de variação; H²: coeficiente de determinação genotípico; CVg/CVe: razão entre o coeficiente de variação genético (cVg) e o coeficiente de variação ambiental (cVe); NDF e NDM: números de dias para florescimento e maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e na maturidade; APV: altura da inserção da primeira vagem; NNF e NNM: número de nós na haste principal no florescimento e na maturidade; IC: índice de colheita; NVT: número de vagens total; NV1, NV2 e NV3: número de vagens com um, dois e três grãos; NGV: número de grãos por vagem; PROD: produtividade de grãos.

Segundo Pimentel et al. (2013), o coeficiente de variação obtido pela análise de variância de um ensaio experimental indica o grau de precisão do experimento. Com base nos coeficientes estimados nos ensaios realizados em campo, classifica-se como

ótimo um CV inferior a 10%, bom quando estiver entre 10% a 20%, regular entre 20% e 30% e ruim acima de 30%. No entanto, essa classificação é muito abrangente e não leva em consideração as particularidades da cultura estudada e, principalmente, não faz distinção quanto à natureza do caráter avaliado (BATISTA et al., 2015; OLIVEIRA et al., 2017; TORRES et al., 2015).

Os Coeficientes de Variação Experimental (CV) oscilaram de 3,18% (NDM) a 60,30% (NV3) (Tabela 2). Por serem caracteres quantitativos e altamente influenciados pelo ambiente, valores altos de CV são considerados aceitáveis (LEITE et al., 2016). Souza et al. (2015), ao avaliarem 71 progênies F6 de soja, observaram variação de CV semelhante, de 3,74% para NDM e 20,96% para APV.

Os Coeficientes de Determinação Genotípico (H^2) expressam a proporção da variabilidade fenotípica resultante da natureza genética. Quando os tratamentos forem considerados fixos, o parâmetro H^2 é denominado coeficiente de determinação genotípico. Os valores de H^2 encontrados oscilaram entre 20,84% para NV1 e 94,61% para NDM (Tabela 2). Estudo realizado por Martins et al. (2016), com 62 linhagens avançadas de soja, obteve H^2 acima de 90% para os caracteres relacionados à qualidade de sementes. Teixeira et al. (2017) também obtiveram estimativas de H^2 semelhantes ao avaliar 37 genótipos de soja no município de Uberlândia-MG, com 90,78% para NDM, 83,42% para PROD e 72,38% para APF.

A razão entre o Coeficiente de Variação Genético e o Coeficiente de Variação Ambiental (CV_g/CV_e) apresentou valores superiores a 1,0 para os caracteres NDF, NDM, NNF, NNM, APF, APM, NGV e PROD. Também apresentou valores que oscilaram entre 0,29 e 0,93 para os demais caracteres relacionados à altura, quantidade e número de grãos por vagem (Tabela 2). Segundo Gonçalves Neto et al. (2012), resultados da razão CV_g/CV_e superiores a uma unidade indicam alta variabilidade e situação favorável para a seleção de genótipos.

Em relação aos caracteres agrônômicos, as médias evidenciam o desempenho agrônômico dos genótipos, os quais foram agrupados pelo teste Scott-Knott. Observou-se a formação de cinco grupos para o caráter NDF, cujas médias oscilaram entre 34 e 63 dias, para os genótipos NA 5909 RG e UFUS L5fl, respectivamente (Tabela 3).

Tabela 3. Médias de caracteres agrônômicos em 20 linhagens e duas cultivares de soja semeados em 2016/2017, em Uberlândia – MG.

GENÓTIPOS	NDF	NDM	NNF	NNM	APF	APM	APV
UFUS L25fl	55,00 b	132,33 b	12,73 a	15,47 b	58,40 b	83,87 a	15,93 a
UFUS L29fl	49,00 c	131,67 b	11,40 b	13,87 c	47,93 b	64,73 b	8,13 b
UFUS L3fl	52,67 c	126,67 b	12,33 a	14,00 c	83,27 a	93,40 a	8,67 b
UFUS L36fl	55,33 b	129,33 b	13,13 a	16,20 b	72,40 a	98,27 a	8,00 b
UFUS L4fl	58,00 b	141,67 a	13,20 a	20,80 a	64,60 a	108,40 a	14,47 a
UFUS L30fl	56,67 b	129,67 b	13,93 a	16,47 b	83,00 a	104,67 a	14,20 a
UFUS L2fl	62,33 a	144,00 a	13,80 a	19,53 a	85,60 a	118,40 a	12,80 a
NA 5909 RG	34,00 e	104,00 c	9,60 c	11,60 d	29,00 b	57,30 b	9,10 b
UFUS L19fl	62,67 a	135,00 b	12,00 a	15,73 b	73,20 a	85,67 a	11,93 a
UFUS L6fl	58,67 b	138,33 a	13,27 a	16,20 b	77,27 a	93,87 a	11,07 b
UFUS L39fl	51,67 c	130,67 b	11,13 b	12,47 d	43,33 b	58,67 b	11,20 b
UFUS L24fl	47,67 c	130,33 b	11,47 b	12,27 d	43,53 b	52,20 b	9,13 b
NS 6909 IPRO	43,00 d	102,50 c	8,30 c	11,60 d	43,80 b	61,40 b	7,90 b
UFUS L5fl	63,00 a	145,50 a	12,60 a	15,60 b	77,80 a	99,40 a	16,40 a
UFUS L34fl	51,67 c	133,33 b	12,53 a	14,33 c	63,87 a	82,53 a	11,93 a
UFUS L40fl	49,67 c	137,00 a	10,53 b	14,87 c	40,53 b	84,87 a	11,07 b
UFUS L18fl	44,00 d	137,00 a	12,20 a	14,90 c	51,10 b	87,10 a	16,30 a
UFUS L37fl	51,00 c	132,50 b	13,10 a	18,80 a	65,20 a	101,70 a	13,80 a
UFUS L35fl	51,33 c	126,00 b	11,80 a	16,27 b	61,27 a	98,00 a	8,27 b
UFUS L31fl	52,00 c	132,00 b	12,40 a	15,70 b	64,80 a	94,10 a	9,00 b
UFUS L32fl	50,33 c	128,00 b	12,40 a	16,40 b	56,73 b	90,07 a	9,93 b
UFUS L10fl	54,67 b	128,67 b	13,80 a	15,73 b	79,07 a	96,67 a	13,07 a

Médias seguidas pelas mesmas letras pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$). NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade; NNF e NNM: número de nós na haste da planta no florescimento e maturidade; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade; APV: altura de inserção da primeira vagem.

O caráter NDM originou três grupos cujas médias oscilaram entre 102 e 145 dias para os tratamentos NS 6909 IPRO e UFUS L5fl. O grupo de menor ciclo incluiu as duas cultivares comerciais NA 5909 RG e NS 6909 IPRO, com 104 e 102,5 dias, respectivamente, podendo ser classificados como os mais precoces dentre os genótipos avaliados (Tabela 3). O grupo de maior ciclo reuniu seis genótipos, sendo estes UFUS

L4fl, UFUS L2fl, UFUS L6fl, UFUS L5fl, UFUS L40fl e UFUS L18fl. Iori et al. (2016), ao avaliarem o desempenho agrônômico de 29 genótipos de soja RR, também obtiveram três grupos para o caráter NDM pelo teste de Scott-Knott, com o genótipo mais precoce com ciclo de 110 dias.

Os valores para o número de nós no florescimento variaram de 8,30 a 13,93 (NS 6909 IPRO e UFUS L30 fl, respectivamente), dividindo-se os genótipos em três grupos distintos (Tabela 3). Resultados semelhantes foram encontrados por Ferreira (2018) ao avaliar 10 genótipos de soja também na região de Uberlândia- MG, com amplitude de 8,30 a 15,90 nós por planta em quatro épocas de colheita distintas.

A avaliação dos caracteres relacionados ao número de dias para o florescimento e o número de dias para a maturidade é essencial em programas de melhoramento, pois segundo Sedyama; Silva; Borém (2015), a produtividade de um genótipo está diretamente relacionada ao número de nós na haste principal, sendo este um caráter importante no processo de seleção de linhagens.

O caráter NNM originou quatro grupos, com valores entre 11,60 nós para ambas as cultivares comerciais (NS 6909 IPRO e NA 5909 RG) a 20,80 nós para a linhagem FUS L4fl (Tabela 3). De acordo com Nepomuceno et al. (2008), é classificado como precoce o ciclo com até 100 dias, semiprecoce, de 101 a 110 dias, médio, de 111 a 125 dias, semitardio, de 126 a 145 dias e tardio, o ciclo superior a 145 dias, considerando que a classificação pode apresentar alterações de acordo com a faixa de latitude na qual são semeadas as cultivares.

O caráter altura da planta no florescimento variou de 29 cm (NA 5909 RG) até 85,60 cm (UFUS L2fl), originando dois grupos pelo teste de Scott-Knott (Tabela 3). Valores semelhantes foram encontrados por Cunha; Hamawaki; Souza (2013) ao avaliarem 79 progênies do Programa de Melhoramento de Soja da UFU.

A altura das plantas na maturidade é um caráter importante na seleção de genótipos superiores, uma vez que está diretamente ligada à eficiência da colheita mecanizada. Segundo Pitol; Broch (2012), plantas de soja com altura entre 60 e 120 cm são consideradas ideais para a mecanização da colheita. Entretanto, plantas com alturas superiores a 100 cm apresentam tendência ao acamamento, dificultando a eficiência das colhedoras, o que tende a diminuir a produção e a qualidade dos grãos (GALLON et al., 2016).

Os genótipos avaliados apresentaram APM entre 118,40 (UFUS L2fl) e 52,20 cm (UFUS L24fl), dos quais, 15 se encontram dentro dos padrões recomendados.

O caráter APV apresentou médias que oscilaram de 7,90 a 16,40 cm, para os genótipos NS 6909 IPRO e UFUS L5fl, respectivamente (Tabela 3). Segundo Sedyama; Silva; Borém (2015), a altura de inserção da primeira vagem é um caráter importante, pois se relaciona positivamente com a altura da planta na maturação, além de determinar a regulação da altura da barra de corte das colhedoras. Para que haja uma menor taxa de perdas durante a colheita, a altura mínima da primeira vagem deve ser de 10 a 15 cm (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). Dentre os genótipos avaliados, 11 atenderam aos padrões recomendados pelos autores.

O Índice de Colheita (IC) de uma cultura indica a medida da eficiência do transporte de fotoassimilados para o grão. Quanto maior o IC observado, maior deve ser a eficiência de conversão de produtos sintetizados em material de importância econômica (RICHETTI et al., 2015).

Embora os resultados apresentados pela Tabela 2 apontem a existência de variabilidade genética ($p \leq 0,01$) para os caracteres IC e NV3, o teste Scott-Knott não permitiu a divisão dos genótipos em mais de um grupo (Tabela 4). Machado (2017), ao avaliar 24 genótipos de soja em Uberlândia - MG, também não observou a presença de

variabilidade genética para o caráter NV3. Os caracteres NVT, NV1 e NV2 também não apresentaram variabilidade genética pelo teste de Scott-Knott (Tabela 4).

Tabela 4. Médias de caracteres agrônômicos em 22 genótipos de soja semeados em 2016/2017, agrupados pelo teste de Scott-Knott.

GENÓTIPOS	IC	NVT	NV1	NV2	NV3	NGV	PROD
UFUS L25fl	0,41 a	44,20 a	8,87 a	25,87 a	9,47 a	2,04 b	1922,90 c
UFUS L29fl	0,35 a	38,93 a	8,20 a	19,87 a	10,87 a	2,01 b	2793,38 b
UFUS L3fl	0,51 a	63,53 a	16,27 a	35,20 a	12,07 a	1,91 b	2627,79 b
UFUS L36fl	0,41 a	53,47 a	11,07 a	29,80 a	12,60 a	2,02 b	3214,58 b
UFUS L4fl	0,30 a	34,47 a	10,27 a	19,60 a	4,60 a	1,84 c	1435,21 c
UFUS L30fl	0,45 a	61,47 a	13,73 a	35,00 a	12,73 a	1,98 b	2466,75 b
UFUS L2fl	0,30 a	41,00 a	13,00 a	21,00 a	7,00 a	1,78 c	1734,96 c
NA 5909 RG	0,45 a	29,90 a	13,00 a	13,50 a	3,40 a	1,67 c	1797,64 c
UFUS L19fl	0,40 a	57,27 a	14,20 a	30,33 a	12,73 a	1,99 b	1240,07 c
UFUS L6fl	0,46 a	45,40 a	13,80 a	26,53 a	5,07 a	1,81 c	1993,47 c
UFUS L39fl	0,48 a	33,67 a	4,93 a	15,07 a	13,67 a	2,26 a	2213,35 c
UFUS L24fl	0,49 a	40,93 a	7,87 a	27,00 a	6,07 a	1,95 b	2408,44 b
NS 6909 IPRO	0,58 a	25,00 a	12,40 a	11,30 a	1,30 a	1,55 c	1628,92 c
UFUS L5fl	0,39 a	34,70 a	5,70 a	19,80 a	9,20 a	2,11 b	1390,15 c
UFUS L34fl	0,39 a	59,80 a	14,80 a	31,13 a	13,87 a	1,98 b	3120,66 b
UFUS L40fl	0,43 a	56,93 a	7,40 a	23,87 a	25,67 a	2,33 a	4145,67 a
UFUS L18fl	0,45 a	35,00 a	9,30 a	14,60 a	11,10 a	2,06 b	3121,61 b
UFUS L37fl	0,46 a	37,90 a	9,00 a	20,00 a	8,90 a	2,01 b	2310,83 c
UFUS L35fl	0,47 a	50,20 a	12,27 a	27,67 a	10,27 a	1,95 b	2850,77 b
UFUS L31fl	0,33 a	35,40 a	11,50 a	20,40 a	3,50 a	1,76 c	2631,29 b
UFUS L32fl	0,40 a	61,33 a	15,07 a	28,87 a	17,40 a	2,02 b	3032,23 b
UFUS L10fl	0,46 a	50,33 a	13,53 a	28,53 a	8,27 a	1,91 b	2943,20 b

*Médias seguidas pelas mesmas letras, minúsculas nas colunas e maiúsculas nas linhas, pertencem ao mesmo grupo pelo teste de Scott-Knott ($p \leq 0,05$), IC: índice de colheita; NVT: número de vagens total; NV1, NV2 e NV3: número de vagens com um, dois e três grãos; NGV: número de grãos por vagem; PROD: produtividade de grãos em kg ha^{-1} .

Os valores para IC oscilaram de 0,30 (UFUS L4fl) a 0,58 (NS 6909 IPRO) (Tabela 4). O maior índice de colheita (0,58) foi obtido pela cultivar comercial NS 6909 IPRO, no entanto, esta também obteve o menor valor quanto ao caráter número de vagens total, com uma média de apenas 25 vagens, além de uma baixa produtividade, com aproximadamente 1628 kg ha^{-1} . Sendo assim, pode-se inferir que o índice de colheita isoladamente não apresenta relação direta com a produtividade, mas, aliado a

outros componentes da produção, pode ser empregado como critério de seleção em programas de melhoramento (PERINI et al., 2012).

Perini et al. (2012) encontraram resultados semelhantes na safra 2009/2010 ao estudarem sete cultivares de soja com tipo de crescimento determinado e indeterminado. Concluíram que, apesar de o índice de colheita ter se relacionado negativamente com alguns caracteres, ele pode ser utilizado como parâmetro de seleção visando maior produtividade para cultivares de crescimento indeterminado, uma vez que o IC apresentou efeito direto e alto sobre a massa de grãos por planta e o número de grãos por planta em cultivares com esse tipo de crescimento.

Segundo Matsuo; Ferreira; Sedyama (2015), a soja pode apresentar vagens com até cinco grãos, porém as vagens com dois e três grãos são mais comumente encontradas. O número de grãos por vagem deu origem a três grupos, com valores que oscilam de 1,55 grãos (NS 6909 IPRO) a 2,33 grãos (UFUS L4fl). Dentre os genótipos estudados, houve predominância de vagens com dois grãos (média de 23,86 por planta), seguida pelas vagens com um grão (11,19 vagens) e com três grãos (9,99 vagens) (Tabela 4), corroborando com resultados obtidos por Machado (2017) ao avaliar 24 linhagens de soja em Uberlândia-MG.

Quanto ao número de vagens totais, as médias oscilaram de 25 vagens (NS 6909 IRPO) a 63,53 vagens (UFUS L3fl) (Tabela 4). Apesar de a quantidade de vagens ser um indicativo direto da produtividade (LEITE et al., 2016), o genótipo com maior número de vagens total não apresentou a maior produtividade. Cunha; Hamawaki; Sousa (2013) encontraram valores superiores de NVT, com a média máxima de 73,82 vagens para a progênie UFUS 66. No entanto, o genótipo não foi responsável pela maior produtividade, estando 2119,56 kg ha⁻¹ abaixo da maior média obtida no ensaio.

A alta produtividade de grãos é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento genético. Neste estudo, pôde-se observar uma grande amplitude nas

médias para este caráter, o qual deu origem a três grupos pelo teste de Scott-Knott e variou de 1240,07 kg ha⁻¹ (UFUS L19fl) a 4145,67 kg ha⁻¹ (UFUS L40fl) (Tabela 4), sendo que o grupo de maior produtividade foi unitário e composto apenas pelo genótipo de UFUS L40fl. Segundo Sedyama et al. (2015), cultivares consideradas superiores devem apresentar produtividade igual ou superior a 3000 kg ha⁻¹.

Assim, dentre os genótipos avaliados, as linhagens UFUS L36fl, UFUS L34fl, UFUS L40fl, UFUS L18fl e UFUS L32fl apresentaram produtividades acima do recomendado na literatura, além de terem sido superiores às cultivares comerciais nesse caráter (Tabela 4). A produtividade média da safra 2016/2017 em Minas Gerais foi de 3480 kg ha⁻¹ (CONAB, 2018), sendo assim, apenas a linhagem UFUS L40fl apresentou valor acima da média.

Os métodos de agrupamento dos genótipos podem ser feito com base nas medidas de dissimilaridade previamente estimadas. Dentre as mais utilizadas, destacam-se a Distância Generalizada de Mahalanobis e a Distância Euclidiana, sendo a primeira delas, amplamente utilizada em estudos de diversidade em diversas culturas e obtida por meio de dados quantitativos, com emprego de repetição. (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2014).

A amplitude da Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2) obtida foi máxima entre as linhagens UFUS L30fl e UFUS L10fl (327,42) e mínima entre os genótipos UFUS L2fl e NA 5909 RG, equivalente a 7,43. Do ponto de vista genético, quanto maior o D^2 , maior a dissimilaridade entre os genótipos.

Os programas de melhoramento genético fazem uso das estimativas de dissimilaridade pois estas permitem a obtenção de informações quanto ao grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos. (CRUZ, FERREIRA, PESSONI, 2011).

A partir da matriz de dissimilaridade, foi possível gerar um dendograma utilizando a metodologia do vizinho mais distante (Figura 2). Nesta metodologia, calcula-se a matriz de distância entre os indivíduos da população e, em seguida, os indivíduos mais distantes são agrupados.

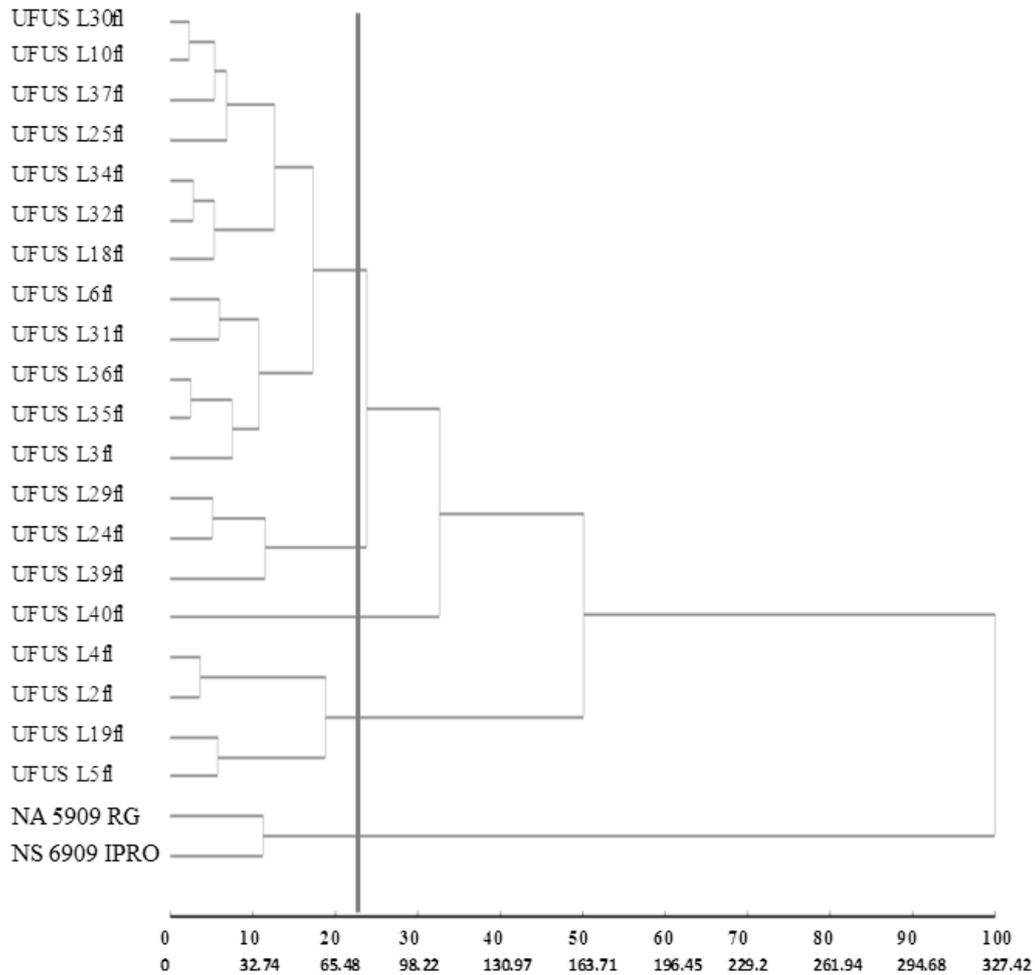


Figura 2. Dendograma representativo da dissimilaridade genética entre 22 genótipos de soja na safra 2016/17 obtido pelo método do Vizinho Mais Distante, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade (D^2). *Coeficiente de correlação cofenética de 0,82 e significativa pelo teste t ($p \leq 0,01$).

Devido à inexistência de um método para selecionar a melhor técnica de agrupamento, é necessário avaliar o grau de ajuste do agrupamento. Neste caso, foi utilizado o Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC), proposto por Sokal e Rohlf (1962).

Quanto maior o CCC, melhor o agrupamento, sendo os valores inferiores a 0,7 um indicativo de inadequação do método utilizado (TOTTI; VENCOVSKY; BATISTA, 2001). No presente estudo, foi observado CCC de magnitude 0,82, significativo a 1% pelo teste t, considerado uma boa estimativa. Corroborando com dados obtidos por Arriel et al. (2006) e Rigon et al. (2012) ao avaliarem a diversidade genética entre 18 cultivares de soja por meio de seis caracteres morfoagronômicos.

Levando-se em consideração o teste de Mojena (1977) e a análise visual do dendograma foi estabelecido um corte aproximado na distância de 23% (Figura 2). Com o corte, foi possível observar a formação de cinco grupos, como demonstrado na Tabela 5. O grupo I foi composto por 50% das linhagens do ensaio, o grupo III foi unitário e constituído pelo genótipo UFUS L40fl e o grupo V foi formado pelas cultivares comerciais (NA 5909 RG e NS 6909 IPRO). Os genótipos contemplados pelo grupo II foram: UFUS L29fl, UFUS L24fl e UFUS L39fl; grupo IV: UFUS L4fl, UFUS L2fl, UFUS L19fl, UFUS L5fl.

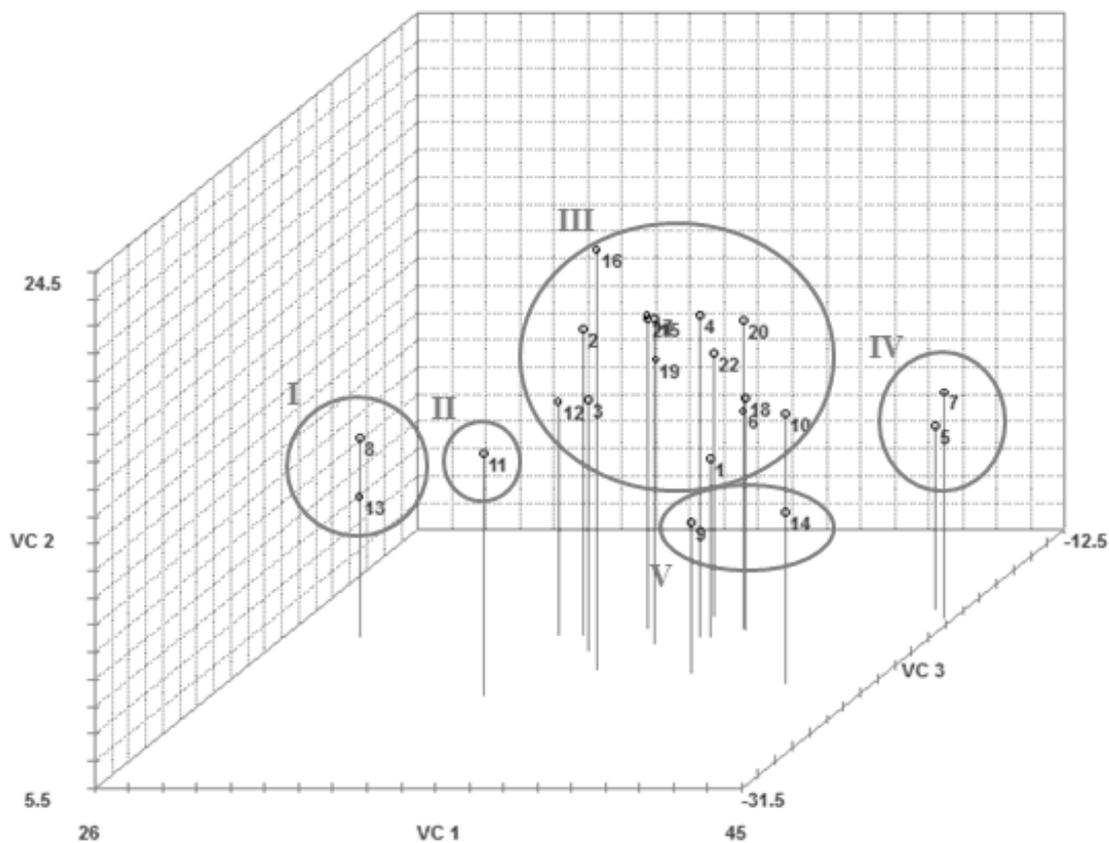
Tabela 5. Agrupamento pelo Método Vizinho Mais Distante de 22 genótipos em Uberlândia na safra 2016/17.

GRUPOS	GENÓTIPOS
I	UFUS L30fl, UFUS L10fl, UFUS L37fl, UFUS L25fl, UFUS L34fl, UFUS L32fl, UFUS L18fl, UFUS L6fl, UFUS L31fl, UFUS L36fl, UFUS L35fl, UFUS L3fl.
II	UFUS L29fl, UFUS L24fl, UFUS L39fl.
III	UFUS L40fl.
IV	UFUS L4fl, UFUS L2fl, UFUS L19fl, UFUS L5fl.
V	NA 5090 RG, NS 6909 IPRO.

Conforme apresentado na tabela 5, o grupo III foi formado apenas pela linhagem UFUS L40fl, que apresentou diversas características de interesse agrônomo, como: altura da planta na maturidade; altura de inserção da primeira vagem dentro dos padrões recomendados para colheita mecanizada; elevado número de grãos por vagem e alta produtividade de grãos.

Segundo Rocha et al. (2009), a análise das Variáveis Canônicas permite avaliar o grau de similaridade genética entre os genótipos, permitindo a identificação de tal similaridade por meio de gráficos bi ou tridimensionais.

Com base nas Variáveis Canônicas, foi gerado um gráfico tridimensional (Figura 3) em que os genótipos foram divididos em cinco grupos distintos por análise visual, considerando que os três primeiros eixos acumularam 77% da variação total. O grupo I foi composto pelas testemunhas (NS 6909 IPRO e NA 5909 RG) do ensaio e os grupos IV e V foram formados por duas linhagens cada (UFUS L4fl; UFUS L2fl e UFUS L19fl; UFUS L5fl, respectivamente). Tais linhagens obtiveram as menores produtividades do ensaio, variando de 1240,07 kg ha⁻¹ a 1734,96 kg ha⁻¹. O grupo II foi individual, formado apenas pela linhagem UFUS L39fl, o que indica uma alta divergência em relação aos demais. E o grupo III foi composto dos demais genótipos.



F
figura 3. Dispersão gráfica de 22 genótipos de soja em relação às Variáveis Canônicas, estabelecidos pela combinação linear de 14 caracteres agrônômicos, na safra 2016/17

em Uberlândia – MG. 1: UFUS L25fl; 2: UFUS L29fl; 3: UFUS L3fl; 4: UFUS L36fl; 5: UFUS L4fl; 6: UFUS L30fl; 7: UFUS L2fl; 8: NA 5909 RG; 9: UFUS L19fl; 10: UFUS L6fl; 11: UFUS L39fl; 12: UFUS L24fl; 13: NS 6909 IPRO; 14: UFUS L5fl; 15: UFUS L34fl; 16: UFUS L40fl; 17: UFUS L18fl, 18: UFUS L37fl; 19: UFUS L35fl; 20: UFUS L31fl; 21: UFUS L32fl; 22: UFUS L22fl. VC1: Variável Canônica 1; VC2: Variável Canônica 2; VC3: Variável Canônica 3.

Segundo Almeida et al. (2013), genótipos reunidos em grupos mais distantes são indicativos de dissimilaridade, podendo ser utilizados na seleção para hibridações. Peluzio et al. (2009) encontraram resultados semelhantes avaliando a variabilidade genética entre 14 genótipos sob diferentes condições edafoclimáticas e Santos et al. (2011), analisando a divergência entre 48 genótipos de soja cultivados em várzea irrigada.

Pela análise da contribuição relativa de caracteres, observou-se que a variável índice de colheita foi a que apresentou menor contribuição para a divergência entre os 22 genótipos avaliados (1,294 %), enquanto os caracteres número de vagens com três grãos e número de dias para maturidade foram os que mais contribuíram, com 16,310% e 11,120%, respectivamente (Tabela 6).

Tabela 6. Contribuição relativa de caracteres fenotípicos para divergência genética, através da Metodologia de SINGH (1981), de 22 genótipos de soja cultivados em Uberlândia na safra 2016/2017.

CARACTERES	s.j	VALOR (%)
Número de vagens com três grãos	5004,275	16,310
Número de dias para maturidade	3411,899	11,120
Número de vagens total	3292,826	10,732
Altura da planta na maturidade	3171,195	10,335
Número de vagens com um grão	3072,893	10,015
Número de dias para florescimento	3039,320	9,906
Produtividade de grãos	2381,922	7,763
Número de grãos por vagem	1531,656	4,992
Número de nós na haste principal no florescimento	1445,735	4,712
Altura da planta no florescimento	1297,691	4,229
Número de nós na haste principal na maturidade	1003,772	3,272
Número de vagens com dois grãos	869,333	2,833
Altura de inserção da primeira vagem	762,957	2,487
Índice de colheita	397,045	1,294

O caráter produtividade de grãos foi responsável por 7,76% da divergência entre os genótipos (Tabela 6). Ferreira Júnior et al (2015) encontraram valores similares, com 7,69% e 3,08% para os caracteres PROD e APV, respectivamente, ao avaliarem diversidade genética e desempenho agrônômico em um grupo de linhagens avançadas.

Mediante os resultados expostos quanto à precocidade e produtividade de grãos dos genótipos avaliados, as seguintes hibridações para a obtenção de populações segregantes transgênicas são recomendadas: UFUS L40fl x NS 6909 IPRO, UFUS L40fl x NA 5909 RG, UFUS L36fl x NS 6909 IPRO, UFUS L36fl x NA 5909 RG.

O Programa de Melhoramento Genético de Soja da UFU tem como objetivo o desenvolvimento de novas cultivares de soja totalmente convencionais com características como a alta produtividade de grãos, a resistência a estresses bióticos e abióticos e a alta adaptabilidade e estabilidade (Programa de Melhoramento de Soja da UFU, 2018). Desta forma, visando o desenvolvimento de populações segregantes convencionais, sugerem-se as seguintes hibridações: UFUS L40fl x UFUS L39fl, UFUS L40fl x UFUS L34fl, UFUS L40fl x UFUS L32fl.

6. CONCLUSÕES

Observou-se um elevado coeficiente de determinação genotípico entre os 22 genótipos para os caracteres relacionados ao ciclo vegetativo, ciclo total, número de nós na haste principal, altura da planta na maturidade e produtividade de grãos acima de 70% e CV_g/C_{ve} acima de uma unidade.

Os métodos de agrupamento, Vizinheiro Mais Distante e Variáveis Canônicas, permitiram determinar a diversidade genética entre as linhagens e cultivares de soja, auxiliando na seleção de genitores com alto desempenho produtivo e divergentes entre si.

O caráter número de vagens com três grãos foi o que mais contribuiu com a divergência genética, responsável por 16,310%.

As seguintes hibridações são sugeridas para o desenvolvimento de cultivares convencionais com alta produtividade de grãos: UFUS L40fl x UFUS L39fl, UFUS L40fl x UFUS L34fl, UFUS L40fl x UFUS L32fl.

Para a obtenção de populações segregantes transgênicas visando a precocidade e a alta produtividade de grãos, são recomendadas as seguintes hibridações: UFUS L40fl x NS 6909 IPRO, UFUS L40fl x NA 5909 RG, UFUS L36fl x NS 6909 IPRO, UFUS L36fl x NA 5909 RG.

7. REFERÊNCIAS

ALMEIDA, F. A.; BRUSCKE, E. L.; POLIZEL, A. C.; PETTER, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; ALCÂNTARA, F. Desempenho agrônomico de linhagens e cultivares de soja frente a doenças foliares. **Revista de Ciências Agrárias**, Belém, v.56, n.2, p.88-94, 2013.

ANP Agência Nacional de Petróleo. Gás Natural e Biocombustíveis Publicações ANP **Anuário Estatístico** 2015. Disponível em: <<http://www.anp.gov.br>> Acesso em: 13 ago. 2018.

ARRIEL, N. H. C.; DI MAURO, A. O.; DI MAURO, S. M. Z.; BAKKE, O. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; COSTA, M. M.; CAPELOTO, A.; CORRADO, A. R. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.

BACAXIXI, P.; RODRIGUES, L.; BRASIL, E.; BUENO, C.; RICARDO, H.; EIPHANIO, P.; SILVA, D. P.; BARROS, B. M. C.; SILVA, T. F.; BOSQUÊ, G. A soja e seu desenvolvimento no melhoramento genético. **Revista Científica Eletrônica de Agronomia**, n. 20, 2011.

BARROS, J. P. A.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. C. S.; SILVA, A. F.; BEZERRA, R. G.; ROSA, D. P.; SILVA, A. S. L.; OLIVEIRA, D. S. Estimates of genetic parameters nad efficiency for brnaching capacity in soybean genotypes. **Journal of Agronomy**, Falsalabad, v.15, n.1, p.39-44, 2016.

BATISTA, R. O.; HAMAWAK., R. L.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T. Adaptability and stability of soybeangenotypes in off-season cultivation. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 3, n. 14, 2015.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P.; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v.48, n.1, p.110-117, 2017.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V.; FRITSCHÉ-NETO, R. **Melhoramento de Plantas**. 7 Ed. Viçosa: Editora UFV, 2017, 543p.

CANTELLI, D. A. V.; HAMAWAKI, O. T.; ROCHA, M. R.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, C. D. L. Analysis of the genetic divergence of soybean lines through hierarchical and Tocher optimization methods. **Genetics and Molecular Research**, v.15, n.4, 13p. 2016.

CASTRO, L. S.; MIRANDA, M. H.; LIMA, J. E. Indicadores sociais de desenvolvimento e a produção de soja: uma análise multivariada nos 150 maiores municípios produtores brasileiros. **Revista Brasileira de Gestão e Desenvolvimento Regional**, v. 11, n. 1, p. 69-87, 2015.

CONAB Companhia Nacional de Abastecimento (2018). **Acompanhamento da Safra Brasileira: Grãos Safra 2017/2018**. Décimo segundo Levantamento, CONAB. Brasília. 155p Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/graos>> Acesso em 10 out. 2018.

- COSTA, N. L.; SANTANA, A. C. Poder de mercado e desenvolvimento de novas cultivares de soja transgênicas e convencionais: análise de experiência brasileira. **Revista de ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 56, n. 1, p. 61-68, 2013.
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011.
- 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**. v. 3ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2014.
- CUNHA, M. C. G.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B. Genetic variability among 79 soybean progenies from UFU breeding program. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 29, n. 2, p. 340-349, 2013.
- ESPÍNDOLA, C. J.; CUNHA, R. C. C. A dinâmica geoeconômica recente da cadeia produtiva da soja no Brasil e no mundo. **Geotextos**, Santa Catarina, v. 11, n. 1, p. 217-238, 2015.
- FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 12p (Iowa State University Special Report. 80), 1977.
- FELICI, P. H. N. **Métodos multivariados no estudo da diversidade genética e adaptabilidade e estabilidade em soja convencional**. Uberlândia, 2017. 101f Tese (Doutorado em fitotecnia) - Faculdade de Ciências agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. 2017.
- FERREIRA JÚNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPÍNDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e ócuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.
- FERREIRA, S. B. **Retardamento de colheita e estudo da diversidade genética em soja para a seleção de genitores com qualidade de semente**. Uberlândia, 66p, 2018. Tese (Mestrado em fitotecnia) – Instituto de Ciências Agrárias. Universidade Federal de Uberlândia, 2018.
- GALLON, M.; BUZZELLO, G. L.; TREZZI, M. M.; DIESEL, F.; SILVA, H. L. Ação de inibidores da PROTOX sobre desenvolvimento, acamamento e produtividade de soja. **Revista Brasileira de Herbicidas**, v.15, n.3, p.232-240, 2016.
- GONÇALVES NETO, A. C.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; MACIEL, G. M.; FERREIRA, R. P. D.; CARVALHO, R. C. Correlação entre caracteres e estimação de parâmetros populacionais para batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v.30, n.4, p.713-719, 2012.
- HIROMOTO, D. M.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean *Glycine max* (L) Merrill cultivars. **Revista Brasileira de Genética**, v.9, p.295-306, 1986.

INSTITUTO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS DA UFU. **Programa de Melhoramento Genético de Soja**. Pagina inicial. Disponível em: <<http://www.pmsoja.iciag.ufu.br/>>. Acesso em: 13 dez. 2018.

IORI, C. V.; SANCHEZ, F. F. G.; AMARAL, D. S.; SILA, F. M.; PEREIRA, E. M.; SELESTRINO, P. R.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Agronomic performance of RR soybena genotypes in Jaboticabal-SP. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v.8, n.1, 5p., 2016.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. C. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de soja. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016.

MACHADO, B. Q. V. **Diversidade genética em soja com diferentes níveis de resistência ao *Sclerotinia sclerotiorum*, correlações, análises de trilha e população de plantas**. Uberlândia, 2017. 104f Tese (Doutorado em Fitotecnia) - Faculdade de Ciências agrárias. Universidade Federal de Uberlândia. 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=27828>. Acesso em: 08 de dez. 2017.

MARTINS, C. C.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; MÔRO, G. V.; VIEIRA, R. D. Metodologia para seleção de linhagens de soja visando germinação, vigor e emergência em campo. **Revista Ciência Agrônômica**, Fortaleza, v.47, n.3, 455p., 2016.

MARTINS, J. D.; RADONS, S. Z.; STRECK, N. A.; KNIES, A. E.; CARLESSO, R. Plastocrono e número final de nós de cultivares de soja em função da época de semeadura. **Ciência Rural**, 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, p. 27-53, 2015.

MINUZZI, A.; BRACCINI, A. L.; RANGEL, M. A. S.; SCAPIM, C. A.; BARBOSA, M. C.; ALBRECHT, L. P. **Qualidade de sementes de quatro cultivares de soja colhidas em dois locais no estado do Mato Grosso do Sul**. Revista Brasileira de sementes, v.132, n.1, p.176-185, 2010. Disponível em:<<https://www.alice.cnptia.embrapabr/bitstream/doc/865534/1/v32n1a20pdf>> Acesso em 13 out. 2018.

MOJENA, R. Hierarchical grouping method and stopping rules: an evaluation. **Computer Journal**, v.20, p. 359-363, 1977.

NEPOMUCENO, A. L.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N. Características da soja **Embrapa-CNPSO**. 2008. Disponível em:<<http://www.agenciapnpsaembrapabr/gestor/soia/arvore/CONTAGQ124271020069131.html>> Acesso em: 28 set. 2018.

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.; SEDIYAMA, T.; GOMES, J. D. Avanços no melhoramento genético da cultura da soja nas últimas décadas. In: LEMES, E.; CASTRO, L.; ASSIS, R. **Doenças da soja: Melhoramento Genético e Técnicas de Manejo**. Campinas: Millennium Editora, p.159-178, 2015.
- NOGUEIRA, A. P. O. Estádio de desenvolvimento. In SEDIYAMA, T. (Ed) **Tecnologias de produção de sementes de soja**. Londrina, Mecenas, p.15-44, 2013.
- OLIVEIRA, M. M.; SOUSA, L. B.; REIS, M. C.; SILVA JUNIOR, E. G.; CARDOSO, D. B. O.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O. Evaluation of genetic diversity among soybean (*Glycine max*) genotypes using univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**. Ribeirão Preto, v. 2, n. 16, 2017.
- PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R.; FIDELIS, R. R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 21-29, 2009.
- PERINI, L. J.; FONSECA JÚNIOR, N. S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C. Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, suplemento 1, p. 2531-2544, 2012.
- PIMENTEL, A. J. B.; RIBEIRO, G.; SOUZA, M. A.; MOURA, L. M.; ASSIS, J. C.; MACHADO, J. C. 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.
- PÍPOLO, A. E.; HUNGRIA, M.; BALBINOT JUNIOR, A. A.; DEBIASI, H.; MANDARINO, J. M. G. Teores de óleo e proteína em soja: fatores envolvidos e qualidade para a indústria. **Comunicado Técnico Embrapa**, (Embrapa Soja Documentos 86) 16 p., 2015.
- PITOL, C.; BROCH, D. L. Soja: Lavoura mais produtiva e Tolerante à Seca. **Boletim técnico**, Fundação MS, v. 6, n. 1, p. 140-146, 2012.
- RICHETTI, J.; JOHANN, J. A.; ROLIM, G. S.; URIBE-OPAZO, M. A.; BECKER, W. R. Calibração do índice de colheita (Cc) para estimativa de produtividade atingível da cultura da soja.. In. **Anais XVII Simpósio Brasileiro de Sensoriamento Remoto – SBSR**, João Pessoa, p. 3495-3502, 2015.
- RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. 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.
- ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; CORRÊA, F. M.; RODRIGUES, R.; SILVA, S. L.; ABBOUD, A. C. S.; CARMO, M. G. F. Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.39, n.3, p.664-670, 2009.

ROSA, D. P. **Diversidade fenotípica e molecular e relações entre caracteres de soja adaptada às regiões sul, centro-oeste, norte e nordeste do Brasil**. 134f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2017.

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; FERRAZ, E. C.; CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, n. 6, p. 755-764, 2011.

SEDIYAMA, T. Melhoramento genético da soja no Brasil central. In: **XVIII Simpósio Internacional de Atualização em Genética e Melhoramento de Plantas**. Lavras: FUNDECC, p.27-30, 2014.

SEDIYAMA, T. **Produtividade da Soja**. Viçosa: Editora UFV, 310 p., 2016.

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; SEDIYAMA, H. A. A soja. In: SEDIYAMA, T. **Produtividade da soja**. Londrina: Mecenas, p. 11-29, 2016.

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

SOKAL, R. R.; ROHLF, F. J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v. 11, p. 33-40, 1962.

SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; OLIVEIRA, V. M.; NOGUEIRA, A. P. O.; MUNDIM, F. M.; HAMAWAKI, R. L.; HAMAWAKI, C. D. L. Correlation between yield components in f6 soybean progenies derived from seven biparental crosses. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 31, n. 6, p. 1692-1699, 2015.

TEIXEIRA, F. G.; HAMAWAKI, O. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, R. L.; JORGE, G. L.; HAMAWAKI, C. L.; MACHADO, B. Q. V.; SANTANA, A. J. O. Genetic parameters and selection of soybean lines based on selection indexes. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v.16, n.3, p.1-17, 2017.

TORRES, F. E.; DAVID, G. V.; TEODORO, P. E.; RIBEIRO, L. P.; CORREA, C. G.; LUZ JÚNIOR, R. A. Desempenho agronômico e dissimilaridade genética entre genótipos de soja. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 38, n. 1, p. 111-117, 2015.

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.