

LARISSA BARBOSA DE SOUSA

PARÂMETROS GENÉTICOS E VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE SOJA

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”.

Orientador

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011

LARISSA BARBOSA DE SOUSA

PARÂMETROS GENÉTICOS E VARIABILIDADE EM GENÓTIPOS DE SOJA

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 18 de fevereiro de 2011.

Profa. Dra. Analy Castilho Polizel

UFMT

Profa. Dra. Maria Amelia dos Santos

UFU

Dr. Ivandro Bertan

SYNGENTA SEEDS

Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki
ICIAG-UFU
(Orientador)

UBERLÂNDIA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011

À minha mãe Antonia Ribeiro,
pelo exemplo de vida, humildade, ensinamentos e dedicação à minha formação pessoal
e profissional, sem os quais não teria chegado até aqui.

Ao meu esposo e amado Cláudio Ricardo da Silva,
pelo amor, carinho, companheirismo, incentivo, auxílio e paciência incessantes.

À minha amiga e eterna orientadora Regina Lúcia Ferreira,
pelo carinho, ensinamentos, incentivo e amizade.

Como prova de meu amor e gratidão.

DEDICO

Às minhas grandes amigas
Ana Célia Araújo, Leane Fialho de Melo e Verônica Brito,
que mesmo tão distantes, fizeram-se sempre presentes;
pelo carinho e apoio.

À todos aqueles que foram meus mestres, pelo exemplo que passaram como
educadores e por todos os conhecimentos transmitidos, desde a minha alfabetização,
contribuindo, cada qual da sua maneira, para a minha formação profissional.

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À DEUS pela presença em todos os momentos da minha vida.

À minha mãe Antonia Ribeiro, à minha irmã Lany Barbosa e ao meu irmão Laércio Barbosa, pelo amor e por sempre orarem por mim.

Ao meu esposo Cláudio Ricardo da Silva, por tornar meus dias mais felizes, pelo apoio, carinho, amor e enorme ajuda durante todo este trabalho.

À minha sogra Elza Cerqueira, ao meu sogro Cláudio José da Silva e a minha cunhada Cristina Mara, pelo carinho.

À minha tia Joanita Ribeiro, pelo carinho, atenção, conselhos e apoio.

Às todas minhas amigas e amigos do Piauí, em especial a Ana Célia Araújo, Leane Fialho, Verônica Brito, Nayana Carolina, Ribamar Assunção, Thiago Ibiapina, Rita de Cássia, Daniele Pontes, Izabel Almeida, Cléia Amaral, Sheila dos Santos, Regina Lúcia Ferreira e Raimundo Nonato, pela amizade e pelos excelentes anos de convivência.

Ao Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki, pelos ensinamentos, oportunidade, confiança no projeto e pela orientação.

À Profa Denise Garcia de Santana pelos ensinamentos e carinho.

Ao casal amigo, Franciele Olivo e Ivandro Bertan, pela amizade, apoio, conselhos e ajuda na finalização desse trabalho.

Às minhas parceiras e irmãs Anaísa Kato e Fernanda Romanato pelo carinho, apoio, ajuda na condução desse trabalho, pelos momentos alegres e conselhos.

As minhas amigas Ingrid Bicalho, Suelen Martins e Mariana Bueno pela amizade, ajuda na revisão desse trabalho e momentos felizes.

Aos amigos e colegas do curso de Pós-graduação em agronomia, em especial ao João Paulo Ribeiro, Sérgio Macedo, Fernanda Vieira, Robson Thiago Xavier, Emmerson Rodrigues, Carlos André Gonçalves, Aretuza Andrade, Marcela Garcia, Renata Ferreira, Érika Sagata, Aline Mariano, Vinícius de Andrade, Daniela Rezende, Juliana Cristina, Poliana Alves, Adílio de Sá, Vanessa Júnia e Lélío Augusto de Souza, pelo carinho, apoio e momentos alegres que passamos.

Ao Instituto de Genética e Bioquímica, em especial à minha amiga Ana Carolina Dias pelo carinho e amizade.

À minha mais nova amiga Ana Paula Oliveira Nogueira pelo conhecimento transmitido e pela ajuda na revisão desse trabalho.

À minha amiga Renata Oliveira pelo apoio, amizade e conselhos.

Aos estagiários e bolsistas do Programa melhoramento genético de soja da UFU, pela ajuda na condução desse trabalho e pelos momentos alegres.

À Universidade Federal de Uberlândia, pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao Programa de Pós-graduação em agronomia, em especial aos meus amigos Eduardo Isaac Rodrigues e Maria Aparecida Fontoura (Cida), pelo apoio, ajuda e amizade especial durante esses dois anos.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos funcionários amigos do Instituto de Ciências Agrárias, pelos momentos de descontração e torcida.

Aos funcionários da Fazenda experimental da UFU Capim branco, em especial ao Eurípedes Costa (Borges), José Humberto (Bill) e Lucas Vieira (Lukinha).

À Dra Analy Castilho Polizel e Dra Maria Amelia dos Santos pelas dicas valiosas para melhoria desse trabalho.

À minha cachorra “Gaby” por tornar meus momentos de descontração mais alegres.

À todos que contribuíram direta ou indiretamente para a realização desse trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO.....	i
ABSTRACT	ii
CAPITULO I: Revisão bibliográfica.....	1
1 Introdução	2
2 Referencial teórico.....	2
2.1 Importância da cultura da soja.....	2
2.2 Divergência genética.....	5
2.3 Estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos.....	7
2.3.1 Herdabilidade.....	8
2.3.2 Ganho esperado com seleção.....	10
Referências	14
 CAPITULO II: Parâmetros genéticos e divergência em genótipos de soja.....	 20
Resumo.....	21
Abstract.....	22
1 Introdução.....	23
2 Material e Métodos.....	25
3 Resultados e discussão.....	31
4 Conclusões.....	55
Referências	56

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO II

TABELA 1. Principais características das cinco testemunhas utilizadas no experimento. Uberlândia-MG, 2011.....	25
TABELA 2. Características químicas do solo da área experimental.....	26
TABELA 3. Médias estimadas dos 22 cruzamentos (CRUZ) e cinco testemunhas, quanto às 14 características avaliadas e resumo da análise de variância com valor mínimo, máximo e média geral dos genótipos (cruzamentos e testemunhas), QMCR: quadrado médio do cruzamento, QMRes: quadrado médio do resíduo e CV(%): coeficiente de variação, CRUZ.: cruzamento. Uberlândia-MG, 2011.....	35
TABELA 4. Classificação dos genótipos dos 22 cruzamentos com base na média das testemunhas e desvio-padrão. Uberlândia-MG, 2011.....	40
TABELA 5. Estimativas dos ganhos esperados com a seleção dentro de 22 cruzamentos e em relação à média das testemunhas e da melhor testemunha, para o caráter produtividade (kg ha ⁻¹). Uberlândia-MG, 2011.....	46
TABELA 6. Medidas de dissimilaridade genética entre 22 cruzamentos de soja, com base em 11 caracteres, utilizando a distância de Mahalanobis (D ²) como medida de distância genética. Uberlândia-MG, 2011.....	49
TABELA 7. Agrupamento pelo método de Tocher de 22 cruzamentos biparentais e cinco testemunhas de soja. Uberlândia-MG, 2011.....	51
TABELA 8. Distância e ranking dos 22 cruzamentos de soja e cinco testemunhas avaliadas no estudo, em relação o melhor cruzamento (CR10) e o ideótipo. Uberlândia, 2011.....	54

LISTA DE FIGURAS

- FIGURA 1. Contribuição relativa dos 11 caracteres avaliados para quantificar a divergência genética entre 22 cruzamentos biparentais de soja. Uberlândia-MG, 2011.....47
- FIGURA 2. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre 22 cruzamentos de soja e cinco testemunhas, resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,70. Uberlândia-MG, 2011.....50
- FIGURA 3. Dispersão gráfica dos 22 cruzamentos e cinco testemunhas, com base em dois caracteres: altura da planta na maturação (HPM) e produtividade (PROD). Uberlândia-MG, 2011.....53

RESUMO

SOUSA, LARISSA BARBOSA. Parâmetros genéticos e variabilidade em genótipos de soja. 2011. 62p. Dissertação (Mestrado em Agronomia/Fitotecnia) – Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia, Minas Gerais, Brazil.¹

A soja é a principal oleaginosa cultivada no mundo e tem sido grandemente melhorada, entretanto, grande parte dos processos de melhoramento não foi acompanhada de estudos de parâmetros e de variabilidade genética. O objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética entre genótipos F5 oriundos de 22 cruzamentos biparentais de soja, por meio de técnicas uni e multivariadas. O experimento foi conduzido na fazenda experimental da Universidade Federal de Uberlândia-MG (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude) com um delineamento de três blocos casualizados constituídos por 110 genótipos e 22 cruzamentos biparentais e cinco testemunhas. Avaliaram-se quatorze caracteres. Estimaram-se dois parâmetros genéticos: herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) e ganho com seleção em relação às testemunhas. A divergência genética entre os cruzamentos foi determinada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de cruzamentos e testemunhas. Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foi construído um dendrograma, utilizando o método de agrupamento UPGMA. Utilizaram-se, também, os métodos de agrupamento de Tocher e dispersão gráfica. A importância relativa dos caracteres avaliados foi estimada por meio da participação dos componentes da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), relativos a cada característica. No intuito de auxiliar a recomendação de combinações híbridas baseadas na magnitude da distância genética, foi empregado um índice em relação ao cruzamento mais produtivo e ao ideótipo (genótipo ideal proposto pelo melhorista). A população exibiu variabilidade genética, com exceção dos caracteres vagem de três grãos, peso por planta e altura de inserção da primeira vagem, todos os caracteres apresentaram diferenças significativas. Os maiores valores de herdabilidade no sentido amplo foi para o caráter altura da planta na maturação (90%), seguido dos caracteres número de dias para a floração (87%), vagem de um grão (86%) e número de dias para a maturação (77%). Todos os cruzamentos apresentaram progênie superiores às testemunhas, sendo os genótipos CR1-L4, CR3-L1, CR4-L7, CR6-L2, CR6-L16, CR6-18, CR12-L12, CR16-L14, CR16-6, CR16-12, CR16-14, CR17-L1, CR17-L2, CR19-L5 e CR20-L1 os mais promissores. Os maiores ganhos dentro do cruzamento foram observados para o CR6, CR8 e CR16. Entre os caracteres avaliados, altura de planta na maturidade, vagem de um grão e produtividade são os mais indicados para a análise da diversidade genética em soja. Os três métodos de agrupamento empregados nesse trabalho foram eficientes em representar a distância genética entre os cruzamentos e testemunhas avaliadas. Os cruzamentos que mais se destacaram foram CR5, CR10, CR21 e CR12. As linhagens dos cruzamentos CR13, CR14 e a Test2 cruzadas com as linhagens do CR5, CR10, CR21 e CR12 são promissoras para incremento de variabilidade genética.

Palavras-chave: *Glycine max*. Ganho genético. Estimativas. Divergência genética. Análises multivariadas. Agrupamento. Seleção.

¹ Orientador: Prof. Dr. Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU.

ABSTRACT

SOUSA, LARISSA BARBOSA. Parameters and genetic variability in soybean genotypes. 2011. 62p. Dissertation (Master's degree in Agronomy / Crop Science) - University of Uberlandia, Uberlandia.²

Soybean is the main oilseed crop grown in the world and has been greatly improved. But much of its improvement was not followed by studies of parameters and genetic variability. The aim of this search was to study the genetic variability among genotypes F5 from 22 biparental soybean crosses through univariate and multivariate techniques. The experiment was conducted at an experimental farm of the Federal University of Uberlandia-MG (18 ° 52'S, 48 ° 20'W and 805m of altitude) with a randomized complete block design consisting of three 110 genotypes and 22 biparental crosses, and five witnesses. We evaluated 14 characters. We estimated two genetic parameters, heritability in broad sense (h^2) and gain selection in relation to the witnesses. The genetic divergence between the crosses was determined by the Mahalanobis distance (D^2) between all pairs of crosses and witnesses. Based on the matrix of genetic distances generated a dendrogram was constructed using the UPGMA clustering method. We also used the clustering methods of Tocher and graphic. The relative importance of traits was estimated by the participation of components of Mahalanobis distance (D^2), for each feature. In order to support the recommendation of hybrid combinations based on the magnitude of the genetic distance was used in relation to an index dipped more productive and ideotype (genotype ideal proposed by the breeder). The population exhibited considerable genetic variability, with the exception of three characters pod grain weight per plant and height of first pod, all traits showed significant differences. The higher values of broad sense heritability was for the plant height at maturity (90%), followed by the characters days to flowering (87%), a pod of beans (86%) and number of days to maturation (77%). All crosses showed superior progenies to witnesses, and the genotypes CR1-L4, CR3-L1, CR4-L7, CR6-L2, CR6-L16, CR6-18, CR12-L12, CR16-L14, CR16-6, CR16-12, CR16-14, CR17-L1, CR17-L2, CR19-L5 and CR20-L1 the most promising. The largest gains were seen in the cross for CR6, CR8, and CR16. Among the traits, plant height at maturity, pod yield of grain and are best suited for the analysis of genetic diversity in soybean. The three clustering methods employed in this study were effective in representing the genetic distance between the crosses evaluated and witnesses. The crossings that stood out were CR5, CR10, CR21 and CR12. The lines crossing CR13, CR14 and Test2 crossed with the strains of CR5, CR10, CR21 and CR12 are promising to increase genetic variability.

Key words: *Glycine max*. Ganho genético. Estimativas. Divergência genética. Análises multivariadas. Agrupamento. Seleção.

² Major Professor: Osvaldo Toshiyuki Hamawaki – UFU.

CAPITULO I

REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das mais importantes fontes de vegetal comestível do mundo, devido principalmente ao alto teor de óleo (em torno de 20%) e proteína (em torno de 40%). É ⁱⁱa espécie vegetal que sofreu a maior expansão de cultivo nos últimos anos, colocando o Brasil como o segundo maior produtor e exportador dessa leguminosa no mundo, com uma produção na safra 2009/2010 de 66,7 milhões de toneladas colhidas, ficando atrás somente dos EUA (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO, 2010).

Parte do sucesso brasileiro na sojicultura é devido ao grande empenho científico e tecnológico, cujo objetivo sempre foi o constante lançamento de novas cultivares atendendo as demandas do País (EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA, 2008).

No entanto, a maioria das cultivares de soja disponíveis no mercado apresenta uma estreita base genética, o que traz algumas dificuldades para programas de melhoramento, como, por exemplo, falta de variabilidade no germoplasma elite para genes de resistência a doenças, possibilitando um eminente alcance de um limite de produtividade (MULATO, 2009).

O conhecimento dos componentes da variabilidade fenotípica, que resulta da ação conjunta dos efeitos genéticos e do ambiente, é de grande importância na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para a condução dos testes de rendimento, do número de repetições e da predição dos ganhos de seleção. As variações ambientais mascaram as de natureza genética. Portanto, quanto maior a proporção da variabilidade decorrente dos efeitos de ambiente em relação à variabilidade total, mais difícil será a seleção efetiva dos genótipos superiores (BORÉM; MIRANDA, 2009).

A análise da divergência genética por meio de técnicas multivariadas possibilita a avaliação simultânea de vários caracteres e permite que inúmeras inferências sejam feitas a partir do conjunto de dados existentes. Essas técnicas podem gerar informações importantes para manutenção dos recursos genéticos, na simplificação de bancos de germoplasma e formação de coleções núcleo (ARRIEL *et al.*, 2006), além de auxiliar na escolha de descritores que melhor representem a diversidade presente (FONSECA; SILVA, 1999). Para os programas de melhoramento, as técnicas multivariadas auxiliam, sobretudo, na identificação de combinações híbridas de maior de maior efeito heterótico

e de potenciais genitores a serem utilizados em cruzamentos (KARASAWA *et al.*, 2005).

Entre as técnicas multivariadas mais utilizadas, destacam-se: análise de dissimilaridade, obtida pela distância generalizada e Mahalanobis e distância Euclidiana; análise de componentes principais; variáveis canônicas; e métodos de agrupamento como: Tocher, UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean), vizinho mais próximo e vizinho mais distante.

Dessa forma, a obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, tais como herdabilidades, correlações e ganhos esperados com seleção e estudos de divergência genética têm importância muito grande em programas de melhoramento genético, pois possibilitam a tomada de decisões relacionadas com a escolha do método mais apropriado de condução das populações segregantes, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas do programa e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (FARIAS, 2008).

Os objetivos do presente trabalho foram: a) identificar a variabilidade genética entre 110 genótipos (progênies F5) de soja por meio de quatorze caracteres fenotípicos; b) estimar a herdabilidade no sentido amplo e o ganho esperado com a seleção dos melhores genótipos quanto à produtividade; e c) quantificar a divergência genética existente entre os 22 cruzamentos por meio de técnicas multivariadas.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância da cultura da soja

A soja é o principal grão oleaginoso cultivado no mundo e uma das principais fontes de proteína e óleo vegetal. A planta e seus derivados provenientes do processamento industrial dos grãos apresentam inúmeras utilizações, como: adubação verde, alimentação humana, nutrição animal, usos industriais e grande potencial para produção de materiais plásticos e biodiesel. A sojicultura apresenta crescimento em média de 6,1% na área a ser cultivada por ano, que representa um incremento de 1.319,5 mil hectares. O menor custo por hectare, comparativamente ao do milho, por exemplo, a maior liquidez no mercado, maior resistência a estiagem são fatores que tem justificado a substituição de outras culturas pela oleaginosa (CONAB, 2010).

A cultura registrou crescimento de 14,0%, ou 7,99 milhões de toneladas a mais que o produzido na safra 2008/2009, passando para 66,70 milhões de toneladas. Com a confirmação da área estimada e das condições climáticas favoráveis, a produção da oleaginosa tem superado a todas as expectativas a cada ano. O Brasil apresenta uma área cultivada de, aproximadamente, 23.000 milhões de hectares e produção de 57.088 toneladas, o que equivale a 2.900 kg.ha⁻¹ em média de produtividade (CONAB, 2010). Acredita-se que o nosso país é o único entre os maiores produtores mundiais de soja que tem capacidade de expandir sua área plantada e, conseqüentemente, aumentar sua produção podendo, desta forma, alcançar o primeiro lugar como produtor mundial nos próximos anos.

A introdução da soja no Brasil teve início do século XX e seu cultivo em escala comercial, ocorreu a partir da década de 1940, no Rio Grande do Sul, com uma expansão da área plantada na década de 1960, quando a soja passou a ser cultivada em rotação com o trigo. Posteriormente, com os incentivos para ocupação dos cerrados, a soja tornou-se um dos principais produtos agrícolas do País (ALVES; BODDEY; URQUIAGA, 2003). Os principais produtores mundiais são os Estados Unidos, o Brasil, a Argentina e a China. No Brasil, as principais áreas produtoras estão nas regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste. Os Estados do Mato Grosso, Paraná, Rio Grande do Sul e de Goiás são os principais produtores de soja do Brasil. O complexo soja (grão, farelo e óleo) é atualmente o maior setor exportador do País, representando mais de 10% do total das exportações. Além disso, tem a maior participação no PIB agrícola e apresenta perspectivas de crescimento contínuo (SEDIYAMA, 2009).

O sucesso do agronegócio da soja brasileira pode ser atribuído ao sofisticado pacote tecnológico desenvolvido para o cultivo da cultura no País, que é resultante dos esforços realizados por várias instituições de pesquisa. Nesse sentido, destaque especial deve ser dado à contribuição dos programas de melhoramento genético de soja do Brasil, com centenas de cultivares já disponibilizadas no mercado (CALVO; KIIHL, 2006). Essas cultivares apresentam maiores rendimentos, resistência e/ou tolerância às principais pragas e doenças e ampla adaptabilidade e estabilidade. De acordo com Costa *et al.* (2004), os programas de melhoramento genético de soja são essenciais para atender à crescente demanda por rendimentos mais estáveis e materiais adaptados às diferentes condições edafoclimáticas, possibilitando o aumento de variabilidade e conseqüente ampliação da base genética e a seleção dos melhores genótipos de uma população, capaz de superar os patamares de produtividade de grãos.

2.2 Divergência genética

A análise da diversidade genética se destina à identificação de genitores adequados para obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Os recursos genéticos são utilizados como fontes de variação genética para características desejáveis e necessárias para o melhoramento de plantas (RODRIGUEZ *et al.*, 1999). Para estimar a diversidade fenotípica entre subamostras de um banco de germoplasma, é necessário que elas sejam caracterizadas e avaliadas por meio de caracteres importantes para cultura (BUENO *et al.*, 2001).

A soja é uma cultura que pelos estudos de grau de parentesco e divergência genética entre genótipos apresenta alta similaridade entre as cultivares desenvolvidas nos últimos anos (HYTEN *et al.*, 2006; BONATO *et al.*, 2006; PRIOLLI *et al.*, 2002; KISHA *et al.*, 1998; ABDELNOOR, BARROS, MOREIRA, 1995; GIZLICE; CARTER; BURTON, 1994; HIROMOTO; VELLO, 1986; DELANNAY *et al.*, 1983). Por ser uma cultura muito melhorada, que sofreu diversos processos de seleção ao longo de 75 anos, acredita-se que sua diversidade tenha sido reduzida.

Hyten *et al.* (2006), avaliando a divergência genética entre quatro populações de soja, concluíram que, durante a domesticação da cultura, cerca de 50% da diversidade genética presente nos materiais e 81% dos alelos raros foram perdidos, o que causou cerca de 60% de mudanças nas frequências alélicas. Além disso, a introdução de novos materiais em diferentes regiões pode ter causado prejuízos de cerca de 79% dos alelos encontrados em populações domésticas de soja. Com isso, um número significativo de alelos raros pode contribuir para o melhoramento da cultura, pois estão ausentes em cultivares elites.

A origem geográfica também pode interferir na divergência genética entre genótipos. Mulato *et al.* (2010) avaliaram a diversidade genética de 79 subamostras de soja de diferentes regiões do mundo e encontraram alta diversidade genética entre as subamostras selecionadas, tendo sido encontrados cinco grupos e vários subgrupos, além de ter sido observada moderada relação entre divergência genética e origem geográfica das subamostras.

A estimativa da diversidade genética pode ser realizada por meio de marcadores genéticos, classificados em morfológicos e moleculares (COLOMBARI-FILHO, 2009). Determinadas características que promovem diferenças entre os genótipos podem ser

reproduzidas de maneira precisa nas progênies e utilizadas para correlacionar com outras características de interesse.

Análises multivariadas são técnicas que avaliam informações a partir de dados coletados ou mensurados em muitas variáveis. Os métodos estatísticos permitem que inúmeras inferências sejam feitas (FONSECA; SILVA, 1999). A necessidade de compreensão das relações entre as diversas variáveis faz com que essas análises sejam complexas ou até mesmo difíceis (FERREIRA, 2008).

Entre as análises multivariadas, destacam-se os métodos de agrupamento por otimização e os hierárquicos, que realizam o agrupamento de subamostras, utilizando algum critério, mas, geralmente, mantêm o princípio de estabelecer maior homogeneidade dentro do grupo que entre os grupos (CRUZ *et al.*, 2004).

Os métodos de agrupamento dependem da utilização de uma medida de dissimilaridade previamente estimada (CRUZ *et al.*, 2004), entre as quais se encontram a distância euclidiana e a distância generalizada de Mahalanobis. Esta última é uma medida obtida a partir de dados quantitativos, com repetição, empregada em estudos de divergência nas mais diferentes culturas (MULATO *et al.*, 2010).

O emprego das análises multivariadas a partir das medidas de dissimilaridades aumenta a probabilidade de se recuperar genótipos superiores nas gerações segregantes, principalmente, quando se realiza o cruzamento entre indivíduos mais afastados (CARVALHO; LANZA; SANTOS, 2003).

Entre os métodos de otimização mais utilizados, o método de Tocher usa o critério do estabelecimento de grupos, de forma que a distância média intragrupos seja sempre inferior a qualquer distância intergrupos. Os métodos hierárquicos envolvem a construção de uma hierarquia aglomerativa ou divisiva em forma de um dendrograma, em que as observações são combinadas passo a passo e não há um número pré-definido de grupos a serem formados. O método de ligação simples (*single linkage*) ou vizinho mais próximo, ligação completa (*complete linkage*) ou vizinho mais distante e ligação média entre grupos (UPGMA) são outros métodos de otimização usados (CRUZ, 2008).

O método de Tocher permite a formação de grupos mutuamente exclusivos, ao passo que os métodos hierárquicos apresentam uma grande possibilidade de números de grupos, cabendo ao pesquisador adotar aquela que melhor represente a estrutura de agrupamento esperada, com base no seu conjunto de dados (BERTAN *et al.*, 2006). Segundo Cruz *et al.* (2004), o estabelecimento de um exame visual de ligações onde ocorram grandes mudanças de níveis possibilita a delimitação dos grupos.

O agrupamento de Tocher é normalmente utilizado juntamente com o UPGMA, revelando correspondência na alocação dos elementos nos grupos (ARRIEL *et al.*, 2006). A concordância com o agrupamento de Tocher permanece, muitas vezes, mesmo quando se utiliza outro agrupamento hierárquico ou técnica multivariada.

O método de agrupamento UPGMA utiliza a média das distâncias entre todos os pares de genótipos para formação de cada grupo, é adotado em grande escala no melhoramento vegetal, na representação das distâncias em estudos multivariados, apresentando superioridade em relação aos demais métodos hierárquicos (BERTAN *et al.*, 2006).

Koga *et al.* (2008) utilizaram análises multivariadas para detalhar os ciclos de infecção de *Phakopsora pachyrhizi* Syd. & P. Syd. em genótipos de soja, com o estabelecimento de grupos de genótipos mais promissores para o uso como fontes de resistência à ferrugem. Vários outros autores utilizaram análises multivariadas para caracterizar linhagens de soja e determinar diversidade genética por meio de muitos caracteres (ARAÚJO; VELHO, 2010; BHARADWAJ *et al.*, 2009; AZEVEDO *et al.*, 2004; MULATO *et al.*, 2010; PRIOLLI *et al.*, 2010).

2.3 Estimativa dos parâmetros genéticos e fenotípicos

O estudo e o conhecimento dos caracteres quantitativos representam o interesse primário para o melhorista de plantas, desde o início das pesquisas genéticas em soja, visando delinear métodos mais eficientes de melhoramento (FARIAS, 2008).

Os parâmetros genéticos usualmente estudados referem-se às variâncias genéticas em suas componentes aditivas e não-aditivas, ao coeficiente de herdabilidade (que pode ser no sentido amplo ou restrito), às interações dos efeitos genéticos e ambientais e às correlações genéticas entre caracteres (SILVEIRA, 2007).

As estimativas dos componentes da variabilidade existentes nas populações e, quanto desta variabilidade é devida à diferenças genéticas são fundamentais em qualquer programa de melhoramento, permitindo conhecer o controle genético do caráter e o potencial da população para seleção (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2008). Segundo Silveira (2007) essas estimativas, também, auxiliam na tomada de decisões relacionadas com a escolha do método apropriado, dos caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento e também, ao peso que se deve atribuir a cada caráter, separadamente ou combinado.

A estimativa dos parâmetros genéticos ocorre para obter informações sobre o tipo de ação gênica que controla os caracteres em estudo; fornecer a base para a avaliação dos programas de melhoramento e para a melhoria da população; como também para o desenvolvimento de novos métodos visando ao melhoramento genético (CONTRERAS, 1990).

Entre os parâmetros genéticos mais importantes para o melhorista podem ser citados: 1) variância genética aditiva, que resulta predominantemente dos efeitos aditivos dos alelos, ou seja, representa a fração herdável da variância genética; 2) variância genética devida aos desvios da dominância (ou simplesmente variância dominante), que resulta da interação intra-alélica de genes nos locos segregantes, isto é, da combinação dos alelos de cada genótipo; 3) variância genética epistática, que resulta da interação interalélica de dois ou mais locos segregantes e que pode ser dividida em aditiva x aditiva, aditiva x dominante e dominante x dominante, para dois locos e em aditiva x aditiva x aditiva etc., para três ou mais locos; 4) variância da interação genótipo x ambiente, que deve ser dividida em efeitos aditivos e não aditivos por ambiente e 5) correlações genéticas entre caracteres quantitativos de importância para a cultura em particular (CRUZ, 2005; GARDNER, 1963).

No processo de seleção, é importante conhecer a natureza e magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter. Na existência da variância aditiva, a seleção é facilitada, pois um indivíduo ou grupo de indivíduos superiores, quando selecionados, produzirão uma descendência também superior (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2008). O valor genético aditivo é um indicador do número de alelos favoráveis da unidade de seleção (CRUZ; REGAZZI, 1997; FALCONER, 1987).

A variabilidade fenotípica pode ser conhecida por meio das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação fenotípica, genotípica e ambiental; das variâncias genotípicas e fenotípicas, entre outros parâmetros genéticos, que 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 melhoramento que devem ser adotadas (ROSSMANN, 2001).

2.3.1 Herdabilidade

A herdabilidade (h^2) é um dos parâmetros genéticos que mais contribui para o trabalho do melhorista. Ela fornece a proporção da variância genética presente na

variância fenotípica total. Dessa forma, mede a confiabilidade do valor fenotípico como indicador do valor genotípico (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Em outras palavras, expressa a confiança do valor fenotípico como um guia para o valor genético; por esta razão, entra em quase todas as fórmulas relacionadas com métodos de melhoramento, e muitas decisões práticas sobre procedimentos a serem usados dependem de sua magnitude, como estratégias de seleção para um determinado caráter na população (FALCONER, 1987).

Jacquard (1983) apresentou três princípios para definição de herdabilidade: (1) como medida de semelhança entre pai e filho, (2) porção genética no sentido amplo e (3) porção genética no sentido restrito. No entanto, a herdabilidade não caracteriza o caráter, mas sim a estrutura da população estudada (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

É possível estimar dois tipos de herdabilidade: no sentido amplo (h_a) e no sentido restrito (h_r). No sentido amplo, a herdabilidade pode ser definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto, no sentido restrito, a razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica. Portanto, a diferença está no numerador da fração (RAMALHO; SANTOS; PINTO, 2008; FALCONER; MACKAY, 1996; ALLARD, 1971).

O coeficiente de herdabilidade (h^2) pode variar de 0 a 1. Quando $h^2 = 1$ significa que o fenótipo é completamente determinado pelo genótipo, não sofrendo influência do ambiente. Sendo $h^2 = 0$, a variabilidade do caráter não tem origem genética (ALLARD, 1971).

As estimativas de herdabilidade podem variar com a característica, o método de estimação, a variabilidade da população, o nível de endogamia, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, o tipo de parcela e a precisão na condução do experimento e coleta dos dados (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Caracteres de alta herdabilidade permitem maior sucesso na seleção, de forma que a chance de se obter progênies superiores com os indivíduos selecionados é grande. Por isso, os melhoristas fazem, muitas vezes, uso da seleção indireta para obterem maiores ganhos com caracteres de baixa herdabilidade, selecionando caracteres correlacionados que possuem maiores valores de herdabilidade (CASTRO, 2008).

Para eles, o maior interesse é a obtenção de grande variabilidade genética nas plantas para a imposição de processos seletivos que efetivamente resultem em ganhos genéticos significativos (BERNARDO, 2002). As técnicas têm sido direcionadas para o

desenvolvimento de materiais genéticos superiores, mas comprometidas com a recuperação e manutenção de populações de espécies ameaçadas de extinção, e essas metas também são prioritárias, para a própria sobrevivência da humanidade (CRUZ, 2005).

Entre os principais caracteres avaliados na cultura, existem alguns que se apresentam mais influenciáveis pelo ambiente, apresentando assim baixa herdabilidade. A produtividade é um caráter que merece destaque, pois apresenta baixa herdabilidade (20 – 30%), o que pode ser atribuído ao comportamento puramente quantitativo desse caráter, em função do grande número de locos que o controlam, que permitem maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre as variâncias genética e fenotípica. Vários trabalhos confirmam essa baixa herdabilidade: Castro (2008) avaliou a herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja, no município de Piracicaba, SP e encontrou herdabilidade de 16% para esse caráter. Já Costa *et al.* (2008) fizeram estimativas de herdabilidade em gerações precoces de cruzamentos biparentais de soja e obtiveram herdabilidade de 45%. Carvalho *et al.* (2009) encontraram herdabilidade de 52,8%. Outros valores foram encontrados com certa variação, 59, 09% (SILVA, 2008), 19% (FARIAS, 2008), 76,08% (SILVEIRA, 2007), 12 a 59% (VIEIRA, 2009) e de 53% (MEDEIROS, 2009).

2.3.2 Ganho esperado com a seleção

A estimativa do ganho com a seleção é um importante parâmetro para um melhorista, pois mostra o quanto a população vai ganhar em relação ao seu desempenho anterior.

Ao lado da herdabilidade, a estimativa do ganho é importante para as inferências genéticas. Como os aspectos essenciais da maioria dos programas de melhoramento são a seleção dentro de uma população-base, constituída de indivíduos geneticamente variáveis e a utilização do material selecionado para a formação de novas populações, deve-se fazer a comparação entre a nova população e a população-base. Para tanto, determina-se o avanço conseguido com a seleção, que depende da quantidade de variabilidade genética da população-base e da magnitude dos efeitos que a mascara (componentes ambientais e de interação) (SILVEIRA *et al.*, 2006). Quando não se têm disponíveis dados da população-base que está sendo estudada, estima-se o ganho

esperado com a seleção, ou seja, o que provavelmente ocorrerá na geração seguinte, utilizando-se os componentes de variância disponíveis.

Os fatores mais importantes que interferem, direta ou indiretamente, no ganho obtido por seleção, segundo Vencovsky; Barriga (1992) são: intensidade de seleção, propriedades genéticas da população e condições ambientais. O ganho obtido por seleção está diretamente relacionado ao diferencial de seleção, ou seja, depende da diferença entre a média do grupo selecionado e a média da população original. Sendo assim, já que os caracteres quantitativos, como por exemplo, produção de grãos, apresentam uma distribuição aproximadamente normal, um maior diferencial de seleção é conseguido quando se seleciona uma menor proporção de unidades superiores (progênies ou indivíduos). Logo, quanto maior a pressão de seleção, maior será o diferencial. No entanto, uma pressão de seleção alta implica risco de redução drástica na variabilidade genética. Quanto mais heterogênea for uma população, maiores são as possibilidades de ganho com seleção, pois tal ganho se baseia em diferenças genéticas (FARIAS, 2008).

A possibilidade de predição dos ganhos por uma determinada estratégia de seleção constitui-se em uma das principais contribuições da genética quantitativa para o melhoramento. Com base nestas informações, é possível orientar, de maneira mais efetiva, o programa de melhoramento, predizendo o sucesso do esquema de seleção adotado e determinar, de forma científica, quais as técnicas que podem ser mais eficazes (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004).

Os ganhos com seleção diminuiram com o passar do tempo, devido, principalmente, ao uso contínuo do mesmo germoplasma nas hibridações. No entanto, nos últimos anos, essa situação tem melhorado, conforme demonstra a liberação de novas cultivares, visto que, além de ganhos no aprimoramento de caracteres agrônômicos, pela correção de caracteres quantitativos, são alcançados ganhos relativos em rendimento de grãos (COLOMBARI-FILHO, 2009).

No geral, os diversos caracteres de interesse econômico estão correlacionados entre si, o que faz com que a seleção de um proporcione alterações em outro ou outros. Entretanto quando essa correlação genética é favorável, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção indireta no outro caráter associado.

Como orientação para os programas de melhoramento, a quantificação dos efeitos indiretos da seleção de um caráter sobre outros é fundamental no sentido de se obter um material genético que reúna, simultaneamente, um conjunto de atributos

favoráveis, podendo-se, assim, obter um progresso em um caráter por seleção de outro. A seleção de genótipos baseada em um ou poucos caracteres tem-se mostrado inadequada por conduzir a um genótipo superior em relação aos caracteres selecionados, mas com desempenho inferior em relação aos outros caracteres não levados em consideração no momento da seleção (FARIAS, 2008).

Iqbal *et al.* (2010) avaliaram a correlação entre nove caracteres agronômicos em dezenove genótipos de soja e obtiveram coeficiente de correlação positiva para rendimento de grãos com todos os caracteres estudados, exceto altura de planta na floração. O caráter teor de óleo apresentou correlação significativa e positiva com rendimento, peso de cem sementes e dias para maturação. Já para o caráter número de nós por planta, a correlação foi significativa e negativa com o caráter produtividade.

A eficiência do teste precoce a partir de estimativas de respostas esperadas com a seleção de progênies derivadas de plantas F_2 e F_4 no município de Piracicaba-SP, foi avaliada por Carvalho *et al.* (2009) que utilizaram intensidades de seleção de 40 e 50% e obtiveram respostas para o caráter produção de grãos de 6,75 e 5,59% (geração F_2) e de 10,96 e 9,08% (geração F_4).

Outra forma de estimar o ganho com a seleção é por meio da utilização de índice, no qual se constitui num caráter adicional, estabelecido pela ótima combinação de vários caracteres, permitindo efetuar com eficiência a seleção simultânea de múltiplos caracteres. Quando comparados com a seleção direta, muitos trabalhos verificaram resultados relativamente superiores ou próximos, entre os dois métodos. De modo geral, o ganho sobre o caráter é reduzido, mas essa redução é compensada por maior distribuição de ganhos favoráveis nos demais caracteres. Assim, diferentes índices correspondem a diferentes alternativas de seleção e, conseqüentemente, de ganhos (BARBARO, 2006).

Moura *et al.* (2008) avaliando 176 linhagens F_6 de soja no município de Londrina-PR, quanto à resistência ao nematóide de cisto da soja (raça 1), estimaram os parâmetros genéticos e obtiveram ganhos com a seleção variando de 16,65 a 23,99 %.

Carvalho (2008) trabalhou com progênies de soja em duas gerações $F_{2:4}$ e $F_{4:6}$ e diferentes intensidades de seleção para avaliar a eficiência do teste precoce no melhoramento de soja em dois locais (A e B). No local “A” para a geração $F_{2:4}$, as estimativas de respostas à seleção na geração $F_{2:4}$ variaram de 1,01% a 0,58% para o caráter dias para maturação (DM); de 7,7% a 4,4% para altura na maturação (AM); e de 11,01% a 6,29% para produção de grãos (PG), com intensidade de seleção de 20% e

50%, respectivamente. Para a geração $F_{4:6}$, as estimativas de respostas variaram de 1,53% a 0,87% para o caráter DM; de 10,24% a 5,85% para o caráter AM; e de 19,55% a 11,17% para o caráter PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente. No local “B” para a geração $F_{2:4}$, as estimativas de respostas à seleção na geração $F_{2:4}$ variaram de 1,06% a 0,61% para DM; de 10,80% a 6,17% para AM; e de 9,88% a 5,65% para PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente. Para a geração $F_{4:6}$, as estimativas de respostas à seleção variaram de 1,37% a 0,78% para o caráter DM; de 11,69% a 6,68% para o caráter AM; e de 10,26% a 5,86% para o caráter PG, com intensidade de seleção de 20% e 50%, respectivamente.

O conhecimento da magnitude das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação genética e fenotípica e das estimativas de ganho esperado com seleção é importante para a condução de um programa de melhoramento e para a tomada de decisões (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Contudo, a tarefa de selecionar progênies superiores não é fácil uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria quantitativos, apresentam comportamento complexo, por serem mais influenciados pelo ambiente e inter-relacionados de tal forma que a seleção de um, provoca uma série de mudanças em outros (CRUZ; REGAZZI, 1997).

REFERÊNCIAS

- ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of genetic diversity within brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.18, n.2, p. 265-273, 1995.
- ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Tradução de Almiro Blumenschein; Ernesto Paterniani, José T. do Amaral Gurgel; Roland Vencovsky. Rio de Janeiro: Usaid, 1971. 381p.
- ALVES, B. J. R.; BODDEY, R. M.; URQUIAGA, S. The success of BNF in soybean in Brasil. **Plant and Soil**, Dordrecht, v. 252, n. 1, p. 1-9, 2003.
- ARAÚJO, M.M.; VELLO, N.A. Characterization of soybean genotypes for Asian soybean rust reation. **Crop Breeding and Applied Biotechnonology**, Viçosa, v.10, p.197-203, 2010.
- ARRIEL, N.H.C.; et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.
- AZEVEDO, P.H.; et al. Divergência genética entre genótipos de soja ausentes de enzimas lipoxigenases. **Revista Ceres**, Viçosa, v.1, n.298, p.664-670, 2004.
- BARBARO, I.M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. Jaboticabal, 2006. 89f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento), Faculdade de ciências agrárias e veterinárias, Universidade Estadual Paulista, 2006.
- BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Woodbury: Stemma Press, 2002, 360p.
- BERTAN, I.; et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.
- BHARADWAJ, C.H.; et al. Divergence studies in early-maturing soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm accessions in India. **Plant Genetic Resources Newsletter**, n.149, p.17-21, 2009.
- BONATO, A.L.V.; et al. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 4, p. 692-704, 2006.

BOREM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de Plantas**. 5.ed. Viçosa: UFV, 2009, p. 529.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento de plantas: princípios e procedimentos**, Lavras: UFLA, 2001, 282 p.

CALVO, E. S.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento genético: de onde partimos e para onde vamos. **Visão Agrícola**, Piracicaba, ano 3, n. 5, p. 50-53, 2006.

CARVALHO, A.D.F.; GERALDI, F.O.; SANTOS, V.S. Avaliação de progênies $F_{2:4}$ e $F_{4:6}$ de soja e perspectivas do uso de teste precoce para a produção de grãos. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.4, p.857-861, 2009.

CARVALHO, A.D.F. **Avaliação da eficiência do teste precoce no melhoramento genético de soja**. Piracicaba, 2008. 103f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de ciências agrárias, Universidade de São Paulo Escola - Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2008.

CARVALHO, L.P.; LANZA, M.A.; SANTOS, J.W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.38, n.10, p.1149-1155, 2003.

CASTRO, L.P. **Herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja**. 2008. 45f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade Ciências agrárias, Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2008.

COLOMBARI-FILHO, J.M. **Seleção de genitores para cruzamentos com base em distâncias genéticas moleculares e perspectivas para o melhoramento de soja**. Piracicaba, 2009. 98f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2009.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos – décimo segundo levantamento**. Brasília: CONAB, janeiro de 2010, 45p.

Disponível em: http://www.conab.gov.br/conabweb/download/safra/3graos_09.12.pdf
Acesso em: 10 out. 2010.

CONTRERAS, J. A. M. **Estimation of genetic from generation means analysis in eight parent and related populations of corn**. Nebraska, 1990. 164 f. Tese (Doctor of Philosophy) – College biology, University of Nebraska, Lincoln, 1990.
Disponível em: <<http://digitalcommons.unl.edu/dissertations/AAI9121926/>>. Acesso em: 16 nov. de 2010.

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.

_____. et al. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.11, p.1095-1102, 2004.

_____.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelo biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa:UFV, v.2, 2006, 585p.

_____. **Princípios de Genética Quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, Imprensa Universitária, 2005. 394p.

_____.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, v.1, 2004. 480p.

_____. **Programa genes: diversidade genética**. Viçosa: UFV, 2008. 278 p.

_____.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997.

DELANNAY, X.; RODGERS, D.M.; PALMER, R.G. Relative genetic contribution among ancestral lines to North American soybean cultivars. **Crop Science**, Madison, v. 23, n. 5, p. 944-949, 1983.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja região central do Brasil 2011**. Londrina: Embrapa Soja; Embrapa Cerrados; Embrapa Agropecuária Oeste, 2008. 255p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. Essex: Longman, 1996. 464 p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de SILVA, M.A; SILVA J.C. Silva. Viçosa: UFV, 1987. 279 p.

FARIAS, G.J. **Avaliação de progênies F_{2:4} de uma população de soja e perspectiva de melhoramento**. Piracicaba, 2008. 62f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior Luiz de Queiroz, 2008.

FERREIRA, D. F. **Estatística multivariada**. Lavras: UFLA. 2008. 662p.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.409-414, 1999.

GARDNER, C.O. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants breeding. In: HANSON, W. D.; ROBISON, H. F. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: National Academy of Science. 1963. p. 225-252.

GIZLICE, Z.; CARTER JUNIOR, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybean. II. Prediction of heterosis in F₂ populations of southern founding stock using genetic similarity measures. **Crop Science**, Madison, v.33, n.3, p.620-626, 1994.

HIROMOTO, D.M.; VELLO, N.A. The genetic base of Brazilian soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] cultivars. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, v.9, n.2, p.295-306, 1986.

HYTEN, D.; et al. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **PNAS**, Washington, v.103, n.45, 2006.

IQBAL, Z.; et al. Genetic divergence and correlation studies of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes. **Pakistan Journal Botany**, Karachi, v.42, n.2, p.971-976, 2010.

JACQUARD, A. Heritability: one word, three concepts. **Biometrics**, Washington, v.39, n.2, p.465-477, 1983.

KARASAWA, M.; et al. Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.23, n.4, p.1000-1005, 2005.

KISHA, T.J.; et al. Genetic diversity among soybean plant introductions and North American germplasm. **Crop Science**, Madison, v.38, n.6, p.1669-1680, 1998.

KOGA, L.J.; et al. Análise multivariada dos componentes de resistência à Ferrugem Asiática em genótipos de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.43, n.10, p.1277-1286, 10p, 2008.

MEDEIROS, A.G. **Parâmetros genéticos e potencial agrônômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à Ferrugem Asiática**. Piracicaba, 2009. 158f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2009.

MOURA, M.F.; et al. Parâmetros genéticos da resistência da soja ao nematóide de cisto raça 1. **Bragantia**, Campinas, v.67, n.01, p.119-125, 2008.

MULATO, B.M. **Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, EST-SSR e caracteres agromorfológicos**. Piracicaba, 2009. 87f. Dissertação (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2009.

_____. 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, mar. 2010.

PRIOLLI, R.H.G.; et al. Genetic Diversity among Brazilian Soybean Cultivars Based on SSR Loci and Pedigree Data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.53 n.3 p. 519-531, .2010.

_____. et al. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 25, n. 2, p. 185-193, 2002.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ZIMMERMANN, M. J. O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

_____; _____. PINTO, C.A.B. **Genética na Agropecuária**, 4.ed. Lavras: UFLA, 2008. 464p.

RODRIGUEZ, J.M.; et al. Variation among and within Capsicum species revealed by RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v.99, p.147-156, 1999.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Piracicaba, 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2001.

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009. 314p.

SILVA, L.A.S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. Piracicaba, 2008. 173f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2008.

SILVEIRA, G.D. **Estimativas de parâmetros genéticos**. Jaboticabal, 2007, 56f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Estadual Paulista – Júlio de Mesquita Filho, 2007.

_____; DI MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal (SP) (Ano agrícola 2003-2004). **Científica**, Jaboticabal, v.34, n.1, p.92- 98, 2006.

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

VIEIRA, P.F.M.J. **Dialelo entre genitores de soja tolerantes à ferrugem asiática**. Piracicaba, 2009. 86f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2009.

CAPITULO II

PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERGÊNCIA EM GENÓTIPOS DE SOJA

PARÂMETROS GENÉTICOS E DIVERGÊNCIA EM GENÓTIPOS DE SOJA

RESUMO

O melhoramento de soja a cada dia tem buscado selecionar genótipos promissores, principalmente com relação ao rendimento. Contudo, selecionar progênes superiores não é fácil, uma vez que os caracteres de importância, em sua maioria, quantitativos apresentam comportamento complexo. O objetivo deste trabalho foi estudar a variabilidade genética entre genótipos F5 oriundos de 22 cruzamentos biparentais de soja por meio de técnicas uni e multivariadas. O experimento foi conduzido na fazenda experimental da Universidade Federal de Uberlândia-MG (18°52'S; 48°20'W e 805m de altitude) em delineamento de três blocos casualizados constituídos por 110 genótipos e 22 cruzamentos biparentais. Avaliaram-se 14 caracteres. Estimaram-se dois parâmetros genéticos: herdabilidade no sentido amplo (h^2_a) e ganho com seleção em relação as testemunhas. A divergência genética entre os cruzamentos foi determinada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de cruzamentos e testemunhas. Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas foi construído um dendrograma, utilizando o método de agrupamento UPGMA. Utilizaram-se também os métodos de agrupamento de Tocher e dispersão gráfica. A importância relativa dos caracteres avaliados foi estimada por meio da participação dos componentes da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), relativos a cada característica. No intuito de auxiliar a recomendação de combinações híbridas baseadas na magnitude da distância genética foi empregado um índice em relação ao cruzamento mais produtivo e ao ideótipo. A população exibiu grande variabilidade genética, com exceção dos caracteres vagem de três grãos, peso por planta e altura de inserção da primeira vagem, todos os caracteres apresentaram diferenças significativas. Os maiores valores de herdabilidade, no sentido amplo, foi para o caráter altura da planta na maturação (90%), seguido dos caracteres número de dias para a floração (87%), vagem de um grão (86%) e número de dias para a maturação (77%). Todos os cruzamentos apresentaram genótipos superiores às testemunhas, sendo os genótipos CR1-L4, CR3-L1, CR4-L7, CR6-L2, CR6-L16, CR6-18, CR12-L12, CR16-L14, CR16-6, CR16-12, CR16-14, CR17-L1, CR17-L2, CR19-L5 e CR20-L1 os mais promissores. Os maiores ganhos dentro do cruzamento foram observados para o CR6, CR8 e CR16. Entre os caracteres avaliados, altura de planta na maturidade, vagem de um grão e produtividade são os mais indicados para a análise da diversidade genética em soja. Os três métodos de agrupamento empregados nesse trabalho foram eficientes em representar a distância genética entre os cruzamentos e testemunhas avaliadas. Os cruzamentos que mais se destacaram foram CR5, CR10, CR21 e CR12. As linhagens dos cruzamentos CR13, CR14 e a Test2 cruzados com as linhagens do CR5, CR10, CR21 e CR12 são promissores para incremento de variabilidade genética.

Palavras-chave: *Glycine max.* L. Genótipos. Cruzamentos. Herdabilidade. Estimativa.

GENETIC PARAMETERS AND DIVERGENCE IN GENOTYPES OF SOYBEAN

ABSTRACT

The soybean breeding comes every day trying to select promised phenotypes, mainly related to yield. However, selecting superior progenies is not an easy work, once the characters of importance, mostly quantitative, show complex behavior. The objective was to study the genetic variability among genotypes F5 from 22 biparental soybean crosses through univariate and multivariate techniques. The experiment was conducted at the experimental farm of the Federal University of Uberlandia-MG (18 ° 52'S, 48 ° 20'W and 805m of altitude) in a randomized block design consisting of three 110 genotypes and 22 biparental crosses. We evaluated 14 characters. We estimated two genetic parameters, heritability in broad sense (h^2_a) and gain selection in relation to the witnesses. The genetic divergence between the crosses was determined by the Mahalanobis distance (D^2) between all pairs of crosses and witnesses. Based on the matrix of genetic distances generated a dendrogram was constructed using the UPGMA clustering method. We also used the clustering methods of Tocher and graphic. The relative importance of traits was estimated by the participation of components of Mahalanobis distance (D^2), for each feature. In order to support the recommendation of hybrid combinations based on the magnitude of the genetic distance was used in relation to an index dipped more productive and ideotype. The population exhibited considerable genetic variability, except three characters pod grain weight per plant and height of first pod, all traits showed significant differences. The higher values of broad sense heritability was for the plant height at maturity (90%), followed by the characters days to flowering (87%), a pod of beans (86%) and number of days to maturation (77%). All crosses showed superior genotypes to witnesses, and the genotypes CR1-L4, CR3-L1, CR4-L7, CR6-L2, CR6-L16, CR6-18, CR12-L12, CR16-L14, CR16-6, CR16-12, CR16-14, CR17-L1, CR17-L2, CR19-L5 and CR20 the most promising. The largest gains were seen in the cross for CR6, CR8, and CR16. Among the traits, plant height at maturity, pod yield of grain and are best suited for the analysis of genetic diversity in soybean. The three clustering methods employed in this study were effective in representing the genetic distance between the crosses evaluated and witnesses. The crossings that stood out were CR5, CR10, CR21 and CR12. The lines crossing CR13, CR14 and Test2 crossed with the strains of CR5, CR10, CR21 and CR12 are promising to increase genetic variability.

Keywords: *Glycine max.* L. Progeny. Crosses. Heritability. Expected gain.

1 INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das mais importantes culturas agrícolas em todo o mundo e, principalmente, no Brasil, que é o segundo maior produtor, em virtude de toda uma cadeia produtiva e tecnológica desenvolvida em torno desta espécie oleaginosa (SEDIYAMA, 2009).

O avanço da sojicultura brasileira se deve, em grande parte, aos resultados alcançados pelos programas de melhoramento genético. Com as novas demandas do mercado, uma parcela desses resultados está condicionada ao progresso das pesquisas para melhorar caracteres importantes como a qualidade de proteína e teores de óleo presentes nos grãos, que juntamente com níveis adequados de produtividade aumentam as possibilidades de o Brasil tornar-se o primeiro produtor mundial de soja nos próximos anos.

Apesar de a cultura ser grandemente melhorada, há uma constante necessidade de identificar materiais superiores àqueles existentes no mercado. Os principais caracteres agronômicos de interesse em programas de melhoramento genético são de herança complexa, como é o caso do rendimento de grãos. Esses caracteres possuem distribuição contínua, são altamente influenciados pelo ambiente e, geralmente, são controlados por um grande número de genes (MAIA *et al.*, 2009).

A variabilidade observada em certos caracteres, como, por exemplo, tolerância a doenças, pode ser causada, em maior parte, pelas diferenças genéticas existentes entre os indivíduos, enquanto em outros caracteres, como produtividade, maior parte da variabilidade identificada pode ser devido às diferenças ambientais aos quais os indivíduos foram expostos. Nesse sentido, nota-se a importância de se determinar a relação da herança genética e do ambiente na expressão do caráter, determinada por meio do cálculo da herdabilidade, que corresponde à proporção da variabilidade total que é de natureza genética, ou o quociente entre a variância genética e a total (SILVEIRA; DI MAURO; CENTURIUM, 2006).

A característica produtividade, geralmente, apresenta valores que variam de médios a baixos de herdabilidade, o que pode ser atribuído ao comportamento puramente quantitativo deste caráter, em função do grande número de locos que o controlam, permitindo maior influência ambiental e, conseqüentemente, uma diminuição da relação entre as variâncias genética e fenotípica (FARIAS, 2008). Diversos trabalhos têm sido realizados com estimativas de herdabilidade, tanto no

sentido amplo quanto restrito, para vários caracteres em soja (GODOI; PINHEIRO, 2009; KARASU *et al.*, 2009; COSTA *et al.*, 2008; REIS *et al.*, 2002; FARIAS NETO; VELLO, 2001; ROSSMANN, 2001; TOLEDO *et al.*, 2000; AZEVEDO FILHO *et al.*, 1998; MAURO; SEDIYAMA; SEDIYAMA, 1995).

Ao lado da herdabilidade, o ganho com a seleção possui grande importância para as inferências genéticas. Os aspectos essenciais para a maioria dos programas de melhoramento é a seleção dentro de uma população-base, constituída de indivíduos geneticamente variáveis e a utilização do material selecionado para a formação de novas populações (SILVEIRA, DI MAURO; CENTURIUM, 2006).

Outra forma de identificação e desenvolvimento de novos genótipos é por meio de estudos de divergência genética. Trabalhos têm destacado que o germoplasma de soja brasileiro possui uma base genética restrita, tendo se originado a partir de algumas poucas linhagens ancestrais (PRIOLLI *et al.*, 2004; PRIOLLI *et al.*, 2002; HIROMOTO; VELLO, 1986; ABDELNOOR, BARROS, MOREIRA, 1995).

Segundo IQBAL *et al.* (2010) a divergência genética é um componente chave de qualquer sistema de produção agrícola. Estudos com grau de parentesco e divergência entre genótipos têm comprovado que a maioria das cultivares presentes no mercado apresentam alta similaridade (MIRANDA *et al.*, 2007; HYTEN *et al.*, 2006; BONATO *et al.*, 2006; PRIOLLI *et al.*, 2002; KISHA, SNELLER, DIERS; 1997; ABDELNOOR, BARROS, MOREIRA, 1995).

Técnicas multivariadas, utilizadas para estimar a divergência genética, possibilitam a avaliação simultânea de vários caracteres (ARRIEL *et al.*, 2006). Essas técnicas podem gerar informações importantes para a manutenção dos recursos genéticos, simplificação de bancos de germoplasma e formação de coleções núcleo, além de auxiliar na escolha de descritores que melhor representem à diversidade presente na população (FONSECA; SILVA, 1999).

Os objetivos deste trabalho foram: a) avaliar a variabilidade genética entre genótipos segregantes de soja (progênes F5) e entre 22 cruzamentos e cinco testemunhas; b) estimar a herdabilidade no sentido amplo de onze caracteres e o ganho esperado para o caráter produtividade; e c) identificar a divergência genética existente entre os 22 cruzamentos por meio de técnicas multivariadas.

2 MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Características do local

O experimento foi conduzido em uma área experimental de 0,26 ha 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.

Segundo os dados climáticos (1981 a 2008) fornecidos pelo Instituto de Geografia da UFU, Uberlândia apresenta temperatura média do ar de 22,4° C, umidade relativa do ar média de 70% e precipitação pluvial anual média de 1.584 mm/ano.

A área em que foi realizado o experimento situa-se sobre um Latossolo Vermelho Escuro distrófico, sob cultivo de soja há mais de dez anos.

2.2 Execução experimental

O experimento foi conduzido seguindo o esquema de famílias com testemunhas intercaladas (cultivares comerciais), sendo essas T1 (UFUS Riqueza), T2 (UFUS Impacta), T3 (UFUS Xavante), T4 (UFUS Milionária) e T5 (M-Soy 8211), em que cada família foi derivada da debulha de uma planta individual, formando uma linha, que constituiu a parcela experimental. Esse esquema foi adotado em função da pequena quantidade de sementes disponíveis e o grande número de genótipos a serem avaliados, conforme metodologia utilizada por Costa *et al.* (2008). As principais características das testemunhas encontram-se na Tabela 1.

TABELA 1. Principais características das cinco testemunhas utilizadas no experimento. Uberlândia-MG, 2011.

Cultivar	Ciclo	Tipo de crescimento	Potencial produtivo (kg ha ⁻¹) ³
T1: UFUS ¹ Riqueza	Médio	D	3400
T2: UFUS Impacta	Semitardio	D	4098
T3: UFUS Xavante	Semitardio	D	4000
T4: UFUS Milionária	Semitardio	D	4014
T5: M-Soy ² 8211	Precoce	D	4100

¹Cultivares provenientes do Programa melhoramento de soja UFU; ²Cultivar proveniente da Empresa Monsanto Ltda – Brasil, Uberlândia-MG, ³dados da literatura.

A semeadura foi realizada no dia 22 de fevereiro de 2010. O delineamento experimental adotado foi o de blocos casualizados (DBC) com três blocos, contendo 110 progênies (geração F5) oriundas de 22 cruzamentos biparentais e cinco testemunhas intercaladas entre as progênies. A parcela experimental constituiu-se de uma linha de quatro metros de comprimento, desprezando 0,5 m de cada extremidade para formar a parcela útil. A densidade utilizada foi de dez plantas por metro linear, espaçadas de 0,10 m entre plantas e 0,5 m entre linhas, desprezando-se as linhas de bordadura. A parcela útil constituiu-se de 1,5 m².

Para a condução das gerações segregantes, utilizou-se o método genealógico, em que, a partir da geração F2 foi feita a seleção de plantas individuais. Na geração F3, cada planta selecionada em F2 foi plantada em linha e realizou-se a seleção entre linhas e dentro de cada linha. Como na geração anterior, as plantas individuais selecionadas foram novamente plantadas em linhas e uma nova seleção entre e dentro da linha foi realizada. Esses procedimentos foram repetidos até a geração do presente trabalho (F5).

O preparo do solo foi feito de forma convencional, ou seja, com arações e gradagens. Antes da semeadura, a área foi sulcada e adubada, conforme análise do solo (Tabela 2). Quanto aos tratos culturais empregados, no controle de plantas daninhas, foram utilizados herbicidas em pré- e pós-emergência, complementados com capinas manuais, quando necessário.

TABELA 2. Características químicas do solo da área experimental¹.

Prof.	pH	P (meh ⁻¹)	K ⁺	K ⁺	Ca ²⁺	Mg ²⁺	Al ³⁺	H+Al	M.O.	T	V	m
		mg.dm ⁻³							dag.kg ⁻¹		%	
0-10	6,0	6,6	84	0,21	1,4	0,9	0,0	3,00	2,6	5,51	46	0
10-20	5,9	5,3	91	0,23	1,3	0,8	0,0	3,20	2,5	5,53	42	0

1-Análise efetuada no Laboratório de Análises de Solos e Calcários do ICIAG/FUNDAP/UFU. Prof.: profundidade; T: CTC a pH 7,0; V: saturação de bases; m: Saturação por alumínio; P, K: (KCL 0,05 molL⁻¹ + H₂SO₄ 0,0125 molL⁻¹; Al, Ca, Mg: (LCL 1molL⁻¹); H-Al: (solução tampão – SMP a pH 7,5).

Logo após a semeadura e durante o desenvolvimento das plantas, foi feita irrigação suplementar, utilizando um sistema de irrigação por aspersão convencional. As doenças e insetos pragas foram controlados conforme recomendações técnicas apropriadas à cultura, sob condições adequadas de temperatura, umidade e ciclo da planta (EMBRAPA, 2008).

2.3 Caracteres agronômicos avaliados

Os caracteres agronômicos avaliados foram os mais relevantes em cultivares de soja, sendo esse procedimento realizado mediante observações visuais e medições rigorosas de acordo com os estádios de desenvolvimento da cultura proposto por Fehr; Caviness (1977). Foram avaliados:

2.3.1 Altura da planta na floração (APF)

Foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente.

2.3.2 Altura da planta na maturação (APM)

Foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a extremidade da haste principal de cinco plantas aleatoriamente quando essas se encontravam no estágio reprodutivo R8, onde 95% das vagens atingiram a cor de vagem madura.

2.3.3 Número de dias para a floração (DPF)

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).

2.3.4 Número de dias para a maturação (DPM)

Foi considerado o número de dias da emergência até a maturação, quando 95% das vagens da área útil da parcela estavam maduras (R8).

2.3.5 Altura de inserção da primeira vagem (AIV)

Foi mensurada a distância em centímetros, a partir da superfície do solo até a inserção da primeira vagem na haste principal, medida em cinco plantas quando as mesmas estavam no estágio R8.

2.3.6 Número grãos por vagem

Foram tomadas aleatoriamente cinco plantas da parcela útil, nas quais foi contado o número total de vagens. Classificando-as em V1 (vagem de um grão), V2

(vagem de dois grãos), V3 (vagem de três grãos) e em seguida calculou-se o TV (total de vagem).

2.3.7 Produtividade de grãos (PG)

Avaliada após a 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 teor de umidade de 13%, conforme a Equação (1):

$$PF = PI \times \frac{100 - UI}{100 - UF} \quad (1)$$

em que:

PF: peso final corrigido da amostra;

PI: peso inicial da amostra;

UI: umidade inicial da amostra;

UF: umidade final da amostra (13%).

2.3.8 Cor de Pubescência

Adotaram-se duas cores sem variação: cinza e marrom.

2.3.9 Tipo de crescimento

Esse caráter foi avaliado após o florescimento, em que as plantas foram classificadas em dois tipos, de hábito indeterminado quando continuaram o crescimento após início do florescimento e de hábito determinado quando cessaram o crescimento após o florescimento.

2.4 Análises estatísticas

Realizou-se a Análise de variância (ANAVA) e em seguida o teste de média de Scoot; Knott (1974) a 0,05 de significância. Esse teste foi utilizado por ser indicado para experimentos com grande número de materiais avaliados, pois facilita a interpretação, por agrupar melhor os tratamentos (BORGES; FERREIRA, 2003).

Para avaliação dos genótipos realizou-se uma estatística descritiva estimada, que fornece informações que ajudam na análise do potencial dos descendentes de cada

cruzamento. Para estimar o ganho esperado para o caráter produtividade nos 22 cruzamentos, selecionaram-se os melhores genótipos de cada cruzamento e, em seguida, obteve-se o diferencial de seleção (Equação 2):

$$DS = \bar{X}_{CR} - \bar{X}_{Gen} \quad (2)$$

em que:

DS = diferencial de seleção

$\bar{X}_{CR}$ = média do cruzamento “i”

$\bar{X}_{Gen}$ = média dos genótipos selecionados do cruzamento “i”

Em seguida, estimaram-se os coeficientes de herdabilidade no sentido amplo por meio das variâncias fenotípicas, ambientais e genéticas para cada caráter avaliado, obtidas a partir do quadrado médio dos cruzamentos e do quadrado médio residual (erro) da análise de variância (ANAVA), dividido pelo número de blocos.

Portanto, a herdabilidade no sentido amplo (h^2_a), em porcentagem, foi estimada de acordo com a seguinte Equação (3):

$$h^2 = \frac{\sigma_F^2 - \sigma_E^2}{\sigma_F^2} = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_F^2} \times 100 \quad (3)$$

em que:

σ_F^2 : é a variância fenotípica obtida diretamente do quadrado médio dos cruzamentos.

Esta variância tem um componente genético e outro ambiental;

σ_E^2 : é a variância ambiental obtida diretamente do quadrado médio residual (erro) e

σ_G^2 : é a variância genética estimada a partir da diferença entre a σ_F^2 e σ_E^2

O ganho estimado em porcentagem dentro do cruzamento, em relação à média das testemunhas e a melhor testemunha, foram obtidos de acordo com as equações 4, 5, 6 e 7, respectivamente:

$$GS = h_a^2 \times Ds \quad (4)$$

$$GS_{cr}(\%) = \frac{100 \times GS}{\bar{X}_o} \quad (5)$$

$$GS_T(\%) = \frac{100 \times GS}{\bar{X}_{Test}} \quad (6)$$

$$GS_{MT}(\%) = \frac{100 \times GS}{\bar{X}_{MT}} \quad (7)$$

em que:

GS: ganho estimado com a seleção

h^2 a: herdabilidade no sentido amplo

DS: diferencial de seleção

X_o : média da população original

XTest: média das testemunhas

XMT: média da melhor testemunha

A divergência genética entre os cruzamentos foi determinada pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) entre todos os pares de cruzamentos e testemunhas. Com base nas matrizes de distâncias genéticas geradas, foi construído um dendograma, utilizando o método de agrupamento UPGMA para projeção das distâncias. Foi realizado o corte no dendograma a 43% de dissimilaridade. Para a estimativa do ajuste entre a matriz de dissimilaridade e o dendograma gerado, foi calculado o coeficiente de correlação cofenética (r) (SOKAL; ROHLF, 1962),

A importância relativa dos caracteres avaliados quanto à dissimilaridade genética observada entre os genótipos foi realizada seguindo a metodologia empregada por Morais *et al.* (1998) e por meio da participação dos componentes da distância generalizada de Mahalanobis (D^2), relativos a cada característica, no total da dissimilaridade observada (SINGH, 1981).

No intuito de auxiliar a recomendação de combinações superiores baseadas na magnitude da distância genética, foi empregado um índice em relação ao cruzamento mais produtivo e o ideótipo (genótipo ideal proposto pelo melhorista) com base nos melhores comportamentos verificados em cada caráter avaliado. Em seguida, foram

estimadas as distâncias de Mahalanobis (D^2) entre os genótipos (22 cruzamentos e as cinco testemunhas) trabalhados e o ideótipo. Dessa forma, os cruzamentos e testemunhas foram classificados de acordo com a distância que apresentaram em relação ao cruzamento mais produtivo e ao ideótipo, sendo considerados os melhores cruzamentos aqueles que apresentaram as menores distâncias.

As análises foram realizadas com o auxílio do aplicativo computacional GENES (CRUZ, 2008).

3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na Tabela 3 encontram-se as médias dos 22 cruzamentos e das cinco testemunhas, quanto os onze caracteres avaliados, e o resumo da análise de variância com valores mínimos, máximos e média geral dos cruzamentos e testemunhas, quadrado médio dos cruzamentos, quadrado médio do resíduo, coeficiente de variação e herdabilidade no sentido amplo.

3.1 Média dos caracteres avaliados

Foram detectadas diferenças significativas ($P \leq 0,05$) pelo teste F em quase todos os caracteres avaliados, com exceção dos caracteres vagem de três grãos (V1), peso por planta (PP) e altura de inserção de primeira vagem (H1V) que não apresentaram diferenças significativas. Mas como a maioria dos caracteres apresentou significância, isso indica a existência de suficiente variabilidade nesses caracteres para o conjunto de cruzamentos avaliados

Para o caráter vagem de três grãos (V3), os cruzamentos que apresentaram as maiores médias foram CR20 (38), CR17 (36), CR3 (35) e CR4 (35). Para vagem de um grão (V1) os cruzamentos que apresentaram as menores médias foram o CR10 (1), CR5 (2) e CR14 (2) e para vagem de dois grãos (V2) os que apresentaram as menores médias foram CR14 (17), Testemunha 4 (21) e Testemunha 2 (22).

Para total de vagem (TV) a maioria dos cruzamentos superaram as médias das testemunhas apresentando diferenças significativas. O maior valor encontrado foi de 77 vagens por planta para o CR17 e o mínimo de 41 vagens para a testemunha 2. Em trabalho realizado por SOUZA *et al.* (2008) com o objetivo de avaliar os componentes de rendimento de variedades de soja em função da aplicação foliar de cálcio (Ca) e boro

(B), em duas fases reprodutivas da cultura, obtiveram média máxima de 52 vagens por planta, inferior ao encontrado neste trabalho.

O caráter peso por planta (PP) não variou entre os cruzamentos e testemunhas. A média geral foi de 25 gramas, semelhante à encontrada por Pandini; Vello; Lopes, (2002) e por Castro (2008).

Com relação ao número de dias para florescimento (DF), os cruzamentos apresentaram diferenças estatísticas, sendo de grande importância, pois facilita a seleção. A duração do período vegetativo é uma das características mais importantes a se considerar quando se estuda a adaptação de materiais a determinados ambientes, pois aqueles que não possuem genes de juvenilidade florescem precocemente, com baixa estatura e, conseqüentemente há perda no rendimento de grãos (KIHLE; GARCIA, 1989). A média dos cruzamentos foi de 47 dias e das testemunhas de 46 dias, ficando abaixo da encontrada por Marques (2010), que foi de 63 dias e semelhante à encontrada por Trevisoli *et al.* (2010), de 48 dias. Os cruzamentos que levaram mais dias para o florescimento foram o CR1, CR2, CR3, CR13, CR14, CR15 e CR21, que não apresentaram diferenças entre si. Logo os descendentes desses cruzamentos são materiais que merecem maior atenção no momento da seleção, já que se tem buscado selecionar materiais de período vegetativo intermediário, ou seja, nem tão longo nem tão curto.

A altura da planta na floração também é um caráter de grande importância, pois está relacionada com o tipo de crescimento que o material definirá. Houve diferenças significativas entre os cruzamentos e testemunhas. Os cruzamentos que apresentaram plantas mais altas foram o CR1, CR2, CR3, CR4, CR6, CR10, CR13, CR17, CR18, CR19, CR20, CR21 e CR22, se diferenciando estatisticamente das testemunhas e demais cruzamentos. Acredita-se que essa diferença encontrada seja devida à particularidade de resposta de cada cruzamento quanto ao fotoperíodo, já que a soja é uma cultura sensível à luz. Marques (2010), com o objetivo de avaliar as características agrônomicas, a interação genótipo x ambiente (GxA), a adaptabilidade e estabilidade de sete cultivares de soja em três épocas de semeadura em Uberlândia-MG, obteve diferenças significativas para esse caráter em todas as épocas, com média de 70 cm, aproximadamente 70% superior a média encontrada nesse trabalho de 41 cm. Trevisoli *et al.* (2010) também encontraram diferenças significativas para esse caráter.

O caráter número de dias para maturação associado ao fotoperíodo, latitude e condições edafoclimáticas é um indicativo de precocidade do material, ou seja, quanto

tempo ele vai permanecer no campo até a colheita. Esse caráter apresentou diferenças entre os cruzamentos, sendo o cruzamento CR7 o mais precoce com média de 117 dias, apesar de não ter apresentado diferenças significativas com outros dezenove cruzamentos e ficando abaixo da média das testemunhas que foi de 121 dias. Em trabalho realizado por Farias (2008), com o objetivo de obter estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos, em uma população de soja, visando ao melhoramento genético da produção de grãos e de caracteres agronômicos, foram obtidas médias superiores às encontradas nesse trabalho, de 141 dias para os genótipos avaliados e de 147 dias para as 11 testemunhas utilizadas. Marques (2010) encontrou média semelhante à deste trabalho, de 126 dias. Já Trevisoli *et al.* (2010) encontraram médias de 107 dias.

Para altura da planta na maturação, as médias dos tratamentos variaram de 43 (CR11) a 83 cm (CR21). Os cruzamentos que apresentaram maiores alturas foram o CR21 (83 cm) seguido do CR22 (75 cm) e CR20 (74 cm). Muniz (2007) encontrou média geral semelhante à deste trabalho. Costa *et al.* (2004), trabalhando com populações segregantes de soja, encontraram média de 82 cm e Souza *et al.* (2008) de 71 cm. Acredita-se que essas baixas alturas possam ter ocorrido devido ao fato de a semeadura ter sido realizada em época não recomendada para região e principalmente devido à sensibilidade diferenciada dos materiais ao fotoperíodo. Segundo Pinheiro (1993), o cultivo nessas condições ambientais provoca uma redução na produtividade de grãos, pois diminui o ciclo de maturidade e o porte da planta. Lopes (2001), avaliando genótipos de soja em diferentes épocas de semeadura, observou que as plantas não se desenvolvem tão bem nas diferentes épocas, quando comparadas às condições normais de verão, exceto aqueles genótipos que possuíam genes para período juvenil longo.

A altura de inserção de primeira vagem não apresentou diferenças entre os cruzamentos e testemunhas. Os valores médios para esse caráter variaram de seis a treze centímetros, não ficando distantes da faixa ideal para colheita mecanizada com o mínimo de perdas pela barra de corte, na faixa de dez a quinze centímetros, dependendo também da topografia do terreno (MARQUES, 2010). Carvalho *et al.* (2010) encontraram médias variando de 16 a 33 cm e já Souza *et al.* (2008) encontraram médias de 10 a 23 cm, também superiores às encontradas neste trabalho.

O caráter produtividade de grãos (PROD) apresentou alta variabilidade entre cruzamentos e testemunhas. O cruzamento que superou a média da melhor testemunha foi o CR10 com rendimento de 2820 kg ha⁻¹ cerca de 32% superior, seguido do CR5 com rendimento de 2804 kg ha⁻¹; esses cruzamentos foram os que apresentaram valores

intermediários de números de vagens, altura de maturação e de inserção de primeira vagem, pois são caracteres de alta correlação positiva com produtividade (MUNIZ, 2007). Resultados semelhantes foram encontrados em trabalhos recentes na literatura: Carvalho *et al.*; (2010), Trevisoli *et al.*; (2010) e Marques, (2010) e inferior aos encontrados por Farias (2008) de 3180 kg ha⁻¹ e por SOUZA *et al.* (2008) que encontraram 3350 kg ha⁻¹. Contudo esse rendimento pode ser considerado satisfatório, em virtude de a época de semeadura não ter sido a indicada para região.

Os coeficientes de variação experimental foram todos concordantes com os encontrados na literatura para esses caracteres (ANDRADE *et al.*; 2010; TREVISOLI *et al.*; 2010; MARQUES, 2010; MEDEIROS, 2009; BARONA, 2007; CARVALHO, 2008; ARAÚJO, 2006; SILVA, 2005; ROSSMANN, 2001).

TABELA 3. Médias estimadas¹ dos 22 cruzamentos (CRUZ) e cinco testemunhas, quanto os 11 caracteres avaliados: V1: vagem de um grão, V2: vagem de dois grãos, V3: vagem de três grãos, TV: total de vagens, PP: peso por planta (gramas), DF: dias para o florescimento, HPF: altura da planta na floração (cm), DM: dias para maturação, HPM: altura da planta na floração (cm), H1V: altura de inserção de primeira vagem (cm), PROD: produtividade (kg ha⁻¹) e resumo da análise de variância, valores mínimos, máximos e média geral dos genótipos (cruzamentos e testemunhas), QMCR: quadrado médio do cruzamento, QMRes: quadrado médio do resíduo, CV(%): coeficiente de variação e h²a: herdabilidade no sentido amplo. Uberlândia-MG, 2011.

CRUZ	V1 (n°)	V2 (n°)	V3 (n°)	TV (n°)	PP (g)	DF (n°)	HPF (cm)	DM (n°)	HPM (cm)	H1V (cm)	PROD (kg ha ⁻¹)
CR 1	3 a	31 b	29 a	62 a	25 a	49 a	41 a	129 c	71 b	11 a	1573 c
CR2	4 a	36 b	24 a	64 a	24 a	51 a	45 a	133 c	66 c	10 a	1332 c
CR 3	6 a	31 b	35 a	72 a	27 a	50 a	<u>47</u> a	122 b	67 c	10 a	1484 c
CR 4	4 a	26 a	35 a	65 a	24 a	47 b	43 a	125 c	60 d	10 a	1721 c
CR 5	2 a	31 b	25 a	58 a	25 a	<u>43</u> c	40 b	<u>110</u> c	53 d	7 a	2804 a
CR 6	5 a	30 b	26 a	58 a	25 a	47 b	43 a	125 c	59 d	11 a	1892 c
CR 7	3 a	31 b	28 a	61 a	23 a	45 c	<u>33</u> b	117 c	56 d	10 a	1597 c
CR 8	4 a	27 a	25 a	56 a	25 a	46 b	40 b	120 b	52 e	9 a	1750 c
CR 9	5 a	24 a	32 a	61 a	26 a	48 b	36 b	122 b	45 e	10 a	1435 c
CR 10	<u>1</u> a	30 b	26 a	47 b	23 a	48 b	47 a	128 c	61 d	11 a	<u>2820</u> a
CR 11	4 a	29 b	25 a	58 a	27 a	44 c	36 b	121 b	<u>43</u> e	<u>6</u> a	1609 c
CR 12	4 a	26 a	27 a	57 a	25 a	46 b	41 b	122 b	66 c	10 a	1254 c
CR 13	3 a	21 a	28 a	42 b	<u>21</u> a	<u>52</u> a	45 a	<u>139</u> c	73 b	<u>13</u> a	2182 b
CR 14	2 a	<u>17</u> a	32 a	50 b	25 a	51 a	40 b	126 c	57 d	10 a	1356 c
CR 15	3 a	24 a	33 a	60 a	26 a	49 a	41 b	128 c	65 c	12 a	1988 b
CR 16	4 a	27 a	27 a	59 a	25 a	47 b	41 b	127 c	55 d	9 a	1667 c
CR 17	3 a	<u>39</u> b	36 a	<u>77</u> a	24 a	48 b	43 a	124 c	57 d	10 a	1239 c
CR 18	4 a	32 b	29 a	63 a	23 a	47 b	43 a	126 c	55 d	11 a	1584 c
CR 19	5 a	34 b	29 a	68 a	<u>28</u> a	48 b	43 a	124 c	59 d	11 a	1510 c
CR 20	3 a	30 b	<u>38</u> a	71 a	26 a	48 b	44 a	128 c	74 b	11 a	1796 c

(TABELA 3, continuação)											
CRUZ	V1	V2	V3	TV	PP	DF	HPF	DM	HPM	H1V	PROD
CR21	3 a	23 a	21 a	47 b	23 a	50 a	45 a	129 c	83 a	12 a	1366 c
CR 22	3 a	26 a	30 a	60 a	25 a	47 b	45 a	131 c	75 b	9 a	971 c
Test 1	10 b	23 a	24 a	53 b	24 a	47 b	36 b	116 a	49 e	10 a	1682 c
Test 2	11 b	22 a	21 a	41 b	23 a	47 b	39 b	126 c	49 e	9 a	1895 c
Test 3	7 a	23 a	19 a	42 b	22 a	47 b	40 b	126 c	60 d	11 a	1998 b
Test 4	4 a	21 a	26 a	49 b	25 a	43 c	35 b	126 c	59 d	10 a	1678 c
Test 5	10 b	29 b	33 a	65 b	25 a	47 b	38 b	111 a	54 d	9 a	2133 b
FV (GL)											
QMCR (26)	19*	79*	70 ^{ns}	261*	7 ^{ns}	16*	42*	114*	275*	6 ^{ns}	537480*
QMRes (52)	2	28	52	118	8	4	17	30	21	4	96545
Máximo	11	39	38	77	28	52	47	139	83	13	2820
Mínimo	1	17	19	41	21	43	33	110	43	6	971
Média	4	27	28	58	25	47	41	124	60	10	1715
C.V(%)	36	19	26	19	11	4	10	4	8	19	18
h ² a (%).	86	62	25	54	60	87	62	77	90	51	71

¹Médias seguidas de letras iguais pertencem o mesmo grupo, pelo teste de Scoott e knott a 0.05 de significância. *,^{ns} significativo e não significativo respectivamente, pelo teste F a 0,05 de significância.

3.2 Herdabilidade

Na Tabela 3 também estão apresentados às estimativas de h^2a (herdabilidade no sentido amplo) para os caracteres avaliados. Como a herdabilidade é um parâmetro que varia de acordo com ao caráter, com as condições do ambiente e com o método de estimativa, observou-se que, no geral, os caracteres estudados apresentaram variabilidade. Para o caráter vagem de um grão (V1), a herdabilidade foi de 86%, seguida de 62 e 25% para os caracteres vagem de dois grãos (V2) e vagem de três grãos (V3) respectivamente. Para o caráter TV (total de vagens por planta), a estimativa foi de 54%. Morceli-Júnior *et al.* (2009), objetivando estimar os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito entre e dentro de famílias de progênies de soja, obtiveram h^2a para total de vagem de 96% em média. Costa *et al.* (2004) encontraram h^2a de 77,9%, valor que ficou acima do encontrado neste trabalho.

Para o caráter peso por planta (PP) a h^2a foi de 60%, aproximadamente 17% inferior a encontrada por Trevisoli *et al.* (2010) que foi 72,14%.

O caráter número de dias para floração (DF) apresentou herdabilidade de 87%, valor considerado alto, quando comparado com resultados da literatura. O valor encontrado no presente estudo foi maior que o informado por Carvalho (2008), e significativamente menor que de Reis *et al.* (2002), que encontraram valores de encontrou valor de 76% e 96%, respectivamente.

A estimativa de herdabilidade para o caráter altura da planta na floração (HPF) foi de 62%, valor que ficou acima do encontrado por Medeiros (2009) de 54%, e abaixo do encontrado por Carvalho (2008) de 76%. Contudo, esse valor não é considerado baixo, visto que a herança do caráter é de natureza quantitativa (PINHEIRO, 1993).

O caráter número de dias para maturação (DM) apresentou h^2a de 77%, abaixo do maior valor encontrado por Medeiros (2009) de 89% e ao encontrado por Reis *et al.* (2002) que relatam valores de 97,62%. Maior atenção deve ser dada para o caráter altura da planta na maturação (HPM), uma vez que ele se correlaciona com a altura de inserção de primeira vagem e rendimento. O maior valor encontrado foi para esse caráter que apresentou h^2a de 90%, estando acima do encontrado por Farias Neto; Vello (2001) de 71%, por Carvalho (2008) de 83,51%, Medeiros (2009) de 83% e por Costa *et al.* (2004) de 84,3%.

Para o caráter altura de inserção de primeira vagem (H1V), a estimativa foi de 51%, considerada baixa quando comparada a resultados de trabalhos encontrados na

literatura. Morceli-Júnior. (2009) encontraram 86%, Costa *et al.* (2008) 63% e Backes *et al.* (2002) encontraram 90%.

A produtividade apresentou herdabilidade de 71%, valor considerado alto, em virtude de esse caráter ser muito influenciado pelas condições de ambiente. No entanto, esse valor sugere considerável controle dos efeitos ambientais. Trevisoli *et al.* (2010) com o objetivo de avaliar a *performance* agrônômica de 19 cultivares precoces de soja, existentes e comercializados no mercado, para serem utilizados em cultivos em áreas de reforma de cana-de-açúcar na região de Ribeirão Preto e adjacências, obtiveram valor de h^2 de 72,14%. Essa estimativa também se assemelhou a outros trabalhos encontrados na literatura (MEDEIROS, 2009; BÁRBARO *et al.*, 2007; SILVEIRA, 2007 e REIS *et al.*, 2002).

3.3 Estatística descritiva

Na Tabela 4, está a classificação dos genótipos dos 22 cruzamentos com base numa estatística descritiva superior (S) e inferior (I) a média das testemunhas e o desvio-padrão.

Os genótipos apresentaram grande variabilidade e muitos superaram o desempenho das testemunhas em quase todos os caracteres avaliados, resultado que é de grande importância na seleção das melhores para prosseguir com o processo de melhoramento, pois essas informações subsidiam a análise do potencial agrônômico e variações entre os cruzamentos e descendentes analisados. De acordo com os resultados apresentados, verifica-se que, de maneira geral, quase todos os cruzamentos apresentaram genótipos superiores para todos os quatorze caracteres avaliados.

Para o caráter vagem de um grão (V1), nenhum cruzamento produziu descendentes que superassem o desempenho das testemunhas. Já para os caracteres V2, V3 e TV, com exceção dos genótipos dos cruzamentos CR13 e CR2 (para o caráter V3), todos os demais apresentaram genótipos que superaram as testemunhas, sendo os genótipos CR1-L4, CR3-L1, CR4-L7, CR6-L2, CR6-L16, CR6-18, CR12-L12, CR16-L4, CR16-6, CR16-12, CR16-14, CR17-L1, CR17-L2, CR19-L5 e CR20-L1 os que apresentaram maiores rendimentos dentro dos que superam as testemunhas. Para esses caracteres, o cruzamento CR17 foi o único que apresentou todos os genótipos com desempenho superior ao das testemunhas. Bárbaro (2006), realizou um trabalho com o objetivo de estimar parâmetros genéticos e fenotípicos e algumas estatísticas descritivas

em populações de soja, avaliadas em três gerações de endogamia com precocidade e resistência ao cancro da haste e para verificar a mais promissora quanto à possibilidade de ganhos. Obteve resultados semelhantes para a população descendente, em que a maioria dos genótipos também superou as testemunhas.

O cruzamento que apresentou maior número de genótipos superiores às testemunhas para o caráter PP foi o CR6, destacando-se a linha CR6-L8 com peso por planta (PP) de 34 g, aproximadamente 36% superior à média de peso da melhor testemunha (Test5). Silva (2008), em trabalho realizado com o objetivo de estimar parâmetros genéticos relacionados com a herança da densidade da semente e a eficiência da seleção no melhoramento do teor de proteína e produtividade de grãos, numa população descendente de dois cruzamentos, também obteve genótipos superiores ao das quatro testemunhas utilizadas.

Como pode ser verificado na Tabela 4, para os caracteres qualitativos, tipo de crescimento (HC), cor de pubescência (CP) e cor de flor (CF) houve pouca variação entre os genótipos de cada cruzamento. Acredita-se que essa variação possa ser devida à presença de um pequeno grau de segregação dos materiais, já que se encontram na geração F5. Nos últimos anos, o melhoramento tem buscado selecionar materiais de tipo de crescimento indeterminado, pois, com a escassez de água e constantes veranicos em muitas regiões produtoras, plantas de crescimento indeterminado têm apresentado menores perdas no rendimento, devido à característica de continuarem a florescer depois do pico de florescimento, após serem induzidas. Os cruzamentos que se destacaram com todos os genótipos de crescimento indeterminado foram o CR21 e CR22.

Quanto os caracteres relacionados ao florescimento e maturação: DF, HPF, DM e HPM, os genótipos que apresentaram melhores desempenhos em relação às testemunhas foram os descendentes do cruzamento CR2. CR13 e CR20 e para o caráter H1V, os cruzamentos que apresentaram maior número de genótipos com altura adequada (10 cm) foram os cruzamentos: CR7, CR9 e CR17, que apesar de não terem superado as testemunhas, apresentam comportamento satisfatório para a região.

TABELA 4. Classificação dos genótipos dos 22 cruzamentos com base na média das testemunhas e desvio-padrão. Uberlândia-MG, 2011.

GENOT	V1	V2	V3	TV	PP	TC	CP	CF	DF	HPF	DM	HPM	H1	PROD
CR1-L1	5 I	36 S	28 -	70 S	21 I	I	C	B	48 S	35 I	132 S	66 S	10 -	1493 -
CR1-L2	0 I	33 S	31 S	65 S	27 S	I	C	B	49 S	36 -	126 -	71 S	10 -	1227 -
CR1-L3	3 I	27 -	26 -	55 -	27 S	D	M	B	49 S	48 S	137 S	60 S	9 -	2098 S
CR1-L4	4 I	46 S	38 S	88 S	36 S	I	C	B	48 S	31 I	125 I	68 S	10 -	1369 -
CR1-L5	6 -	29 S	30 -	65 S	24 -	I	M	B	49 S	45 S	126 -	73 S	12 S	2167 S
CR1-L6	1 I	28 S	32 S	60 S	24 -	I	M	B	50 S	44 S	132 S	70 S	12 S	1356 -
CR1-L7	1 I	17 I	16 I	34 I	20 I	I	M	B	51 S	49 S	131 S	85 S	15 S	1333 -
CR2-L1	3 I	40 S	23 -	66 S	28 S	D	M	B	57 S	53 S	141 S	63 S	9 -	1147 -
CR2-L2	4 I	34 S	20 -	58 -	26 S	D	M	B	55 S	50 S	137 S	61 S	11 -	1644 -
CR2-L3	5 I	28 S	27 -	60 S	26 S	D	M	B	47 -	33 I	138 S	76 S	9 -	862 -
CR2-L4	3 I	47 S	23 -	73 S	18 I	D	M	B	55 S	53 S	137 S	67 S	10 -	1462 -
CR2-L5	3 I	38 S	23 -	64 S	22 I	D	M	B	43 I	41 S	112 I	57 -	11 S	1307 -
CR3-L1	10 -	36 S	41 S	96 S	29 S	D	M	B	47 -	42 S	109 I	59 -	8 I	1916 -
CR3-L2	2 I	26 -	20 -	48 -	24 -	I	C	B	53 S	53 S	135 S	75 S	12 S	1053 -
CR4-L1	1 I	22 -	33 S	56 -	23 -	D	M	B	48 S	45 S	130 S	58 -	11 -	1191 -
CR4-L2	1 I	36 S	32 S	69 S	25 -	D	M	B	47 -	41 S	124 I	56 -	10 -	862 -
CR4-L3	5 I	18 I	42 S	65 S	24 -	D	M	R	51 S	49 S	125 I	62 S	10 -	1231 -
CR4-L4	3 I	23 -	40 S	65 S	24 -	D	M	R	47 -	43 S	115 I	53 -	9 -	2084 S
CR4-L5	3 I	21 -	31 S	54 -	24 -	I	M	R	45 -	37 -	143 S	74 S	8 I	2147 S
CR4-L6	6 -	32 S	31 S	69 S	25 -	D	M	B	52 S	52 S	126 -	65 S	17 S	2289 S
CR4-L7	4 I	24 -	47 S	75 S	28 S	D	C	R	47 -	36 -	126 -	60 S	9 -	1533 -
CR4-L8	6 -	37 S	32 S	75 S	24 -	D	C	B	48 S	47 S	126 -	62 S	10 -	2289 S
CR4-L9	4 I	24 -	28 -	56 -	22 I	D	M	B	41 I	37 -	112 I	56 -	11 -	2244 S
CR4-L10	5 -	25 -	37 S	67 S	25 S	D	M	R	46 -	39 -	115 I	53 -	9 -	1516 -
CR5-L1	2 I	31 S	25 -	58 -	25 -	D	M	R	43 I	40 -	110 I	53 -	7 I	2804 S

(TABELA 4, Continuação)

GENOT	V1	V2	V3	TV	PP	TC	CP	CF	DF	HPF	DM	HPM	H1	PROD
CR6-L1	1 I	28 S	25 -	55 -	25 -	I	C	B	48 S	45 S	126 -	62 S	12 S	2200 S
CR6-L2	5 I	36 S	37 S	77 S	28 S	D	C	B	47 -	39 -	125 I	54 -	10 -	1867 -
CR6-L3	3 I	26 -	22 -	52 -	26 S	D	C	B	47 -	38 -	127 S	54 -	13 S	1378 -
CR6-L4	6 -	36 S	29 -	70 S	27 S	D	C	B	48 S	44 S	126 -	58 -	9 -	1680 -
CR6-L5	5 I	23 -	20 -	48 -	25 -	D	C	B	48 S	49 S	124 I	69 S	11 S	2111 S
CR6-L6	5 I	25 -	23 -	53 -	23 -	D	C	B	47 -	42 S	124 I	60 S	11 -	2053 -
CR6-L7	4 I	25 -	22 -	51 -	23 -	D	M	B	46 -	39 -	122 I	60 S	11 -	1302 -
CR6-L8	6 -	25 -	22 -	33 I	25 -	D	C	B	48 S	53 S	122 I	65 S	14 S	2124 S
CR6-L9	5 I	29 S	22 -	35 I	23 -	D	C	B	47 -	39 -	126 -	59 -	12 S	2702 S
CR6-L10	3 I	23 -	19 I	45 -	22 I	D	C	B	46 -	45 S	126 -	58 -	13 S	2942 S
CR6-L11	3 I	23 -	25 -	51 -	24 -	D	C	B	47 -	37 -	121 I	57 -	10 -	1431 -
CR6-L12	6 -	27 -	25 -	58 -	23 -	D	C	B	49 S	44 S	126 -	60 S	10 -	1564 -
CR6-L13	2 I	43 S	23 -	69 S	24 -	D	C	B	45 -	35 I	132 S	55 -	10 -	2018 -
CR6-L14	7 -	33 S	32 S	72 S	27 S	D	C	B	48 -	41 S	126 -	58 -	10 -	1058 -
CR6-L15	6 -	26 -	23 -	55 -	23 -	D	C	B	48 S	40 S	126 -	55 -	9 -	1738 -
CR6-L16	5 I	36 S	38 S	79 S	33 S	D	C	B	48 -	42 S	122 I	55 -	11 -	1956 -
CR6-L17	4 I	25 -	29 -	58 -	27 S	D	C	B	48 S	44 S	126 -	51 -	11 S	2098 S
CR6-L18	5 I	42 S	35 S	83 S	34 S	D	C	B	46 -	43 S	126 -	59 -	9 -	1911 -
CR6-L19	7 -	26 -	24 -	56 -	24 -	D	C	B	48 S	49 S	123 I	66 S	12 S	2209 S
CR7-L1	2 I	27 -	20 -	49 -	21 I	D	C	B	46 -	33 I	112 I	55 -	10 -	1327 -
CR7-L2	3 I	35 S	36 S	74 S	26 S	D	C	B	44 I	33 I	121 I	57 -	9 -	1867 -
CR8-L1	4 I	25 -	28 -	57 -	25 -	D	C	B	44 -	35 I	117 I	44 I	9 -	1662 -
CR8-L2	2 I	23 -	19 -	45 -	23 -	D	C	B	46 -	40 -	122 I	55 -	9 -	1391 -
CR8-L3	6 -	32 S	31 S	68 S	25 S	D	M	B	47 -	51 S	122 I	62 S	9 -	2747 S
CR8-L4	6 -	35 S	23 -	64 S	27 S	D	C	B	47 -	38 -	120 I	51 -	10 -	1649 -
CR9-L1	4 I	23 -	30 S	56 -	24 -	D	M	R	50 S	39 -	127 S	50 -	11 S	1498 -

(TABELA 4, Continuação)

GENOT	V1	V2	V3	TV	PP	TC	CP	CF	DF	HPF	DM	HPM	H1	PROD
CR9-L2	8 -	23 -	29 -	60 S	24 -	D	M	B	46 -	33 I	113 I	40 I	9 -	1136 -
CR9-L3	4 I	26 -	38 S	67 S	30 S	D	M	R	47 -	36 -	126 -	46 I	10 -	1671 -
CR10-L1	1 I	22 -	28 -	32 I	24 -	D	M	B	47 -	46 S	124 I	62 S	11 -	2813 S
CR10-L2	0 I	38 S	23 -	61 S	22 I	D	M	B	49 S	48 S	132 S	59 -	12 S	2827 S
CR11-L1	4 I	29 S	25 -	58 -	27 S	D	M	R	44 -	36 -	121 I	43 I	6 I	1609 -
CR12-L1	2 I	24 -	35 S	61 S	23 -	I	C	R	47 -	41 S	126 -	78 S	10 -	844 -
CR12-L2	7 -	36 S	33 S	76 S	32 S	D	M	B	50 S	39 -	126 -	78 S	11 S	813 -
CR12-L3	1 I	30 S	30 -	60 S	28 S	D	C	R	43 I	39 -	110 I	50 -	6 I	1262 -
CR12-L4	2 I	21 -	16 I	38 I	22 I	I	M	R	46 -	44 S	126 -	65 S	12 S	16761 -
CR12-L5	0 I	25 -	22 -	47 -	22 I	D	C	R	42 I	34 I	117 I	46 I	8 I	1227 -
CR12-L6	6 -	27 S	23 -	57 -	26 S	I	M	R	47 -	41 S	124 I	81 S	12 S	1249 -
CR12-L7	7 -	28 S	27 -	62 S	24 -	I	M	R	47 -	43 S	124 I	85 S	10 -	1756 -
CR12-L8	4 I	23 -	23 -	50 -	24 -	D	M	R	45 -	43 S	117 I	49 I	10 -	1316 -
CR12-L9	3 I	23 -	33 S	58 -	24 -	I	M	R	47 -	43 S	126 -	67 S	9 -	1142 -
CR13-L1	3 I	21 I	28 -	42 -	21 I	D	C	B	52 S	45 S	139 S	73 S	13 S	2182 S
CR14-L1	2 I	17 I	32 S	50 -	25 -	D	M	B	51 S	40 -	126 -	57 -	10 -	1356 -
CR15-L1	3 I	27 -	29 -	59 -	25 S	D	M	B	49 S	39 -	131 S	69 S	12 S	2087 S
CR15-L2	2 I	22 -	38 S	62 S	28 S	D	M	B	49 S	42 S	124 I	61 S	12 S	1889 -
CR16-L1	3 I	24 -	24 -	51 -	22 I	D	M	B	47 -	41 S	127 S	55 -	11 S	1844 -
CR16-L2	3 I	18 I	21 -	42 -	23 -	D	M	B	48 -	45 S	127 S	62 S	11 -	2413 S
CR16-L3	4 I	28 S	23 -	54 -	24 -	D	M	B	43 I	34 I	126 -	43 I	7 I	1080 -
CR16-L14	6 -	41 S	31 S	79 S	28 S	D	M	B	45 -	34 I	121 I	45 I	7 I	1147 I
CR16-L5	4 I	32 S	28 -	64 S	28 S	D	M	B	49 S	46 S	128 S	60 -	8 I	2644 S
CR16-L6	7 -	37 S	31 S	75 S	24 -	D	M	B	46 -	41 S	126 -	57 -	9 -	1609 -
CR16-L7	1 I	24 -	29 -	55 -	24 -	D	M	B	47 -	37 -	124 I	54 -	8 I	1080 -
CR16-L8	4 I	23 -	24 -	51 -	21 I	D	M	B	46 -	40 S	128 S	52 -	11 S	1653 -

(TABELA 4, Continuação)

GENOT	V1	V2	V3	TV	PP	TC	CP	CF	DF	HPF	DM	HPM	H1	PROD
CR16-L9	1 I	22 -	20 -	43 -	26 S	D	M	B	47 -	34 I	141 S	56 -	6 I	1151 -
CR16-L10	7 -	28 S	26 -	61 S	25 -	D	M	B	48 S	47 S	127 S	63 S	11 -	2129 S
CR16-L11	0 I	18 I	21 -	40 I	21 I	D	M	B	48 S	44 S	128 S	58 -	12 S	2049 -
CR16-L12	7 -	32 S	34 S	74 S	25 -	D	M	B	48 S	41 S	128 S	53 -	9 -	1613 -
CR16-L13	2 I	27 -	30 -	59 -	27 S	D	M	B	47 -	39 -	128 S	54 -	8 I	1511 -
CR16-L14	6 -	41 S	31 S	79 S	28 S	D	M	B	45 -	34 I	121 I	45 I	7 I	1147 I
CR16-L15	8 -	35 S	32 S	74 S	23 -	D	M	B	47 -	42 S	127 S	54 -	8 I	1711 -
CR17-L1	4 I	36 S	39 S	79 S	24 -	D	C	B	48 S	44 S	122 I	55 -	10 -	1380 -
CR17-L2	1 I	42 S	32 S	75 S	25 -	D	M	B	47 -	42 S	126 -	59 -	10 -	1098 -
CR18-L1	2 I	26 -	26 -	46 -	20 I	D	M	B	47 -	41 S	124 I	57 -	15 S	1453 -
CR18-L2	7 -	30 S	28 -	65 S	22 I	D	C	B	47 -	43 S	127 S	57 -	11 S	1467 -
CR18-L3	7 -	32 S	28 -	67 S	25 S	D	C	B	48 S	52 S	127 S	60 S	12 S	2244 S
CR18-L4	4 I	50 S	31 S	85 S	26 S	D	C	B	44 -	31 I	126 -	38 I	8 I	636 -
CR18-L5	3 I	30 S	32 S	66 S	24 -	D	M	B	48 -	46 S	126 -	62 S	10 -	1964 -
CR18-L6	0 I	24 -	26 -	51 -	23 -	D	M	B	47 -	43 S	127 S	58 -	10 -	1738 -
CR19-L1	5 I	34 S	32 S	72 S	33 S	D	C	B	46 -	36 -	124 I	58 -	10 -	1044 -
CR19-L2	6 -	38 S	41 S	85 S	30 S	D	C	B	50 S	52 S	127 S	61 S	11 S	2067 S
CR19-L3	1 I	51 S	33 S	85 S	42 S	D	C	B	47 -	45 S	123 I	61 S	11 -	1644 -
CR19-L4	8 -	31 S	25 -	64 S	25 -	D	C	B	48 S	42 S	124 I	64 S	11 S	2084 S
CR19-L5	11 -	35 S	31 S	76 S	25 -	D	C	B	47 -	47 S	117 I	59 -	12 S	1373 -
CR19-L6	5 I	34 S	27 -	66 S	24 -	D	C	B	49 S	44 S	127 S	62 S	13 S	1964 -
CR19-L7	3 I	24 -	21 -	48 -	22 I	D	C	B	47 -	40 S	126 S	58 -	9 -	1129 -
CR19-L8	4 I	29 S	29 -	62 S	25 S	D	C	B	47 -	37 -	121 I	52 -	9 -	1147 -
CR20-L1	4 I	39 S	40 S	83 S	30 S	I	M	B	48 S	42 S	127 S	75 S	12 S	1662 -
CR20-L2	2 I	24 -	35 S	62 S	22 I	D	M	B	48 S	41 S	131 S	68 S	7 I	1182 -
CR20-L3	3 I	27 -	38 S	68 S	27 S	I	M	B	48 -	50 S	127 S	78 S	14 S	2542 S
CR21-L1	5 I	25 -	26 -	56 -	22 I	I	M	B	53 S	47 S	131 S	86 S	11 -	1298 -

(TABELA 4, Continuação)

GENOT	V1	V2	V3	TV	PP	HC	CP	CF	DF	HPF	DM	HPM	H1	PROD
CR21-L2	0 I	23 -	18 I	40 -	23 -	I	M	B	48 -	42 S	127 S	74 S	13 S	1071 -
CR21-L3	4 I	24 -	29 -	58 -	24 -	I	M	B	49 S	49 S	127 S	90 S	12 S	1589 I
CR21-L4	5 I	21 -	21 -	48 -	25 -	I	M	B	47 -	43 S	127 S	76 S	10 -	1591
CR21-L5	2 I	21 -	17 I	40 -	21 I	I	M	B	52 S	45 S	132 S	87 S	14 S	1324 -
CR22-L1	1 I	34 S	34 S	69 S	25 S	I	C	R	46 -	43 S	130 S	68 S	10 -	1093 -
CR22-L2	6 -	19 I	26 -	50 -	24 -	I	M	R	47 -	47 S	131 S	83 S	9 -	849 -
Test1	10	23	24	53	24	D	M	B	47	36	126	49	10	1682
Test2	11	22	21	41	23	D	M	R	47	39	126	49	9	1895
Test3	7	23	19	42	22	D	M	B	47	40	126	60	11	1998
Test4	4	21	26	49	25	D	M	R	43	35	126	59	10	1678
Test5	10	29	33	65	25	D	C	R	47	38	126	54	9	2133
X TEST	8	24	24	50	24	-	-	-	46	38	126	54	10	1871
DP	3	3	6	10	1	-	-	-	2	2	0	5	1	188
X+DP	11	27	30	60	25	-	-	-	48	40	126	60	11	2059
X-DP	5	21	19	40	22	-	-	-	44	35	126	49	9	1682

V1: vagem de um grão, V2: vagem de dois grãos, V3: vagem de três grãos, TV: total de vagens, PP: peso por planta (gramas), TC: tipo de crescimento, CP: cor de pubescência, CF: cor de flor, DF: dias para o florescimento, HPF: altura da planta na floração (cm), DM: dias para maturação, HPM: altura da planta na floração (cm), H1V: altura de inserção de primeira vagem (cm) e PROD: produtividade (kg ha⁻¹), X Test: média das testemunhas, DP: desvio-padrão, X+DP: média das testemunhas + desvio-padrão, X-DP: média das testemunhas – o desvio-padrão.

Para produtividade, que é o caráter de maior interesse no processo de seleção, aproximadamente 73 % dos cruzamentos apresentaram descendentes com desempenho superior ao das testemunhas e ao da melhor testemunha, que apresentou média de 2133 kg ha⁻¹. Os genótipos que se sobressaíram foram o CR5-L1, CR6-L9, CR8-L3, CR10-L1, CR10-L2, CR16-L5 e CR20-L3, com médias de 2804 kg ha⁻¹, 2702 kg ha⁻¹, 2747 kg ha⁻¹, 2813 kg ha⁻¹, 2827 kg ha⁻¹, 2644 kg ha⁻¹ e 2542 kg ha⁻¹, respectivamente. Bernardi (2008) trabalhou com progênes descendentes de dez cruzamentos e com duas testemunhas, e também identificou progênes superiores ao das testemunhas. Medeiros (2009), trabalhando com 27 cruzamentos e doze testemunhas, identificou progênes superiores às testemunhas para esse caráter.

3.4 Ganho com a seleção

Na Tabela 5 estão as estimativas dos ganhos esperados com a seleção dentro dos 22 cruzamentos e em relação à média das testemunhas e a da melhor testemunha. Como já foi observado, todos os genótipos apresentaram grande variabilidade, logo a estimativa desse ganho com seleção antes da sua realização, servirá de subsídio para o melhoramento dessa população. Com exceção do CR5, CR13 e CR14 todos os cruzamentos apresentaram ganho.

Os maiores ganhos dentro do cruzamento foram observados para o CR6, CR8 e CR16, apresentando média de 40,47%, inferior à encontrada por Costa *et al.* (2004), que, trabalhando com progênes provenientes de cruzamentos biparentais, objetivaram comparar diferentes critérios de seleção por meio de ganhos estimados e encontraram média de ganho para produtividade de 53%. Silveira (2007), avaliando cinco cruzamentos e duas testemunhas, com o objetivo de selecionar genótipos segregantes de soja em três gerações iniciais (F3, F4 e F5) por meio da estimativa de parâmetros genéticos e fenotípicos como herdabilidade, ganhos com a seleção e correlações, obteve média de ganho inferior a encontrada nesse trabalho.

A média de ganho dentro de cruzamento também ficou superior a encontrada por Moceli-Júnior *et al.* (2008) que obtiveram maior estimativa para o caráter de 5,60%, semelhante ao resultado encontrado por Mauro *et al.* (2000) e Campos *et al.* (2002).

TABELA 5. Estimativas dos ganhos esperados com a seleção dentro de 22 cruzamentos e em relação à média das testemunhas e da melhor testemunha, para o caráter produtividade (kg ha⁻¹). Uberlândia-MG, 2011.

Cruzamento	Xorig	Xsel	h ² a	GD	GMdTest	GMItest
CR 1	1572,72	2166,67	0,71	26,81	11,24	2,25
CR2	1332,49	1644,00	0,71	16,60	-8,60	-15,42
CR 3	1484,45	1915,56	0,71	20,62	1,71	-6,24
CR 4	1721,23	2288,89	0,71	23,42	15,88	6,39
CR 5	2804,44	2804,44	0,71	0,00	35,45	23,82
CR 6	1892,20	2942,22	0,71	39,40	40,68	28,48
CR 7	1596,67	1866,67	0,71	12,01	-0,15	-7,89
CR 8	1750,37	2746,67	0,71	40,41	33,25	21,86
CR 9	1434,82	1671,11	0,71	11,69	-7,57	-14,50
CR 10	2820,00	2826,67	0,71	0,17	36,29	24,57
CR 11	1608,89	1973,33	0,71	16,08	3,90	-4,28
CR 12	1253,83	1755,56	0,71	28,41	-4,37	-11,65
CR 13	2182,22	2182,22	0,71	0,00	11,83	2,78
CR 14	1355,55	1355,55	0,71	0,00	-19,55	-25,17
CR 15	1987,78	2086,67	0,71	3,53	8,20	-1,55
CR 16	1667,26	2644,44	0,71	41,61	29,37	18,41
CR 17	1238,89	1380,00	0,71	8,09	-18,62	-24,34
CR 18	1583,70	2244,44	0,71	29,62	14,19	4,88
CR 19	1510,12	2084,44	0,71	27,00	8,12	-0,53
CR 20	1795,55	2542,22	0,71	29,52	25,49	14,95
CR 21	1366,30	1591,00	0,71	11,68	-10,61	-34,02
CR 22	971,11	1093,33	0,71	8,94	-29,50	-34,61
Média	1678,66	2082,10	-	17,98	8,03	-1,71
Média T	1870,58	-	-	-	-	-
Média MT	2133,00	-	-	-	-	-

Xorig – média da população original (kg ha⁻¹), Xsel – média da população selecionada (kg ha⁻¹), h²a - herdabilidade no sentido amplo, GD – ganho esperado dentro de cada cruzamento (%), GMdTest – ganho esperado em relação a média das testemunhas (%), GMItest – ganho esperado em relação a melhor testemunha (%).

Em relação ao desempenho da melhor testemunha cerca de 41% dos cruzamentos as superaram, sendo os mais promissores os cruzamentos CR6, CR8, CR10 e CR16, com os ganhos de 24,48; 21,86; 24,57 e 18,41%, respectivamente. O alto ganho obtido deve-se à forte seleção e à grande variabilidade genética inicial entre os genótipos de cada cruzamento. Esses resultados demonstram que ainda é possível obter ganhos genéticos para produtividade. Além disso, existe variabilidade a ser explorada em futuros ciclos de seleção.

3.5 Divergência genética

Avaliando a divergência genética entre os cruzamentos, por meio de análise multivariada, destaca-se primeiramente a contribuição relativa de cada caráter. Essa análise baseou-se nos dados referentes aos onze caracteres quantitativos, que contribuíram de maneira variável na avaliação do grau de divergência dos cruzamentos. A contribuição relativa de cada caráter pode ser visualizada na Figura 1, com destaque para a altura de planta na maturação (HPM), que se mostrou o mais importante para a análise, contribuindo com mais de 31% da divergência seguido de vagem de um grão (V1), produtividade (PROD) e total de vagens (TV), com 19,6; 13,2 e 13,0 % respectivamente. No entanto, como o caráter V1 não é interessante na seleção de materiais promissores, ele pode ser descartado como critério de seleção. As demais variáveis apresentaram estimativas de contribuição relativa de pequena magnitude, indicando que sua utilização foi de pequena participação na discriminação da divergência.

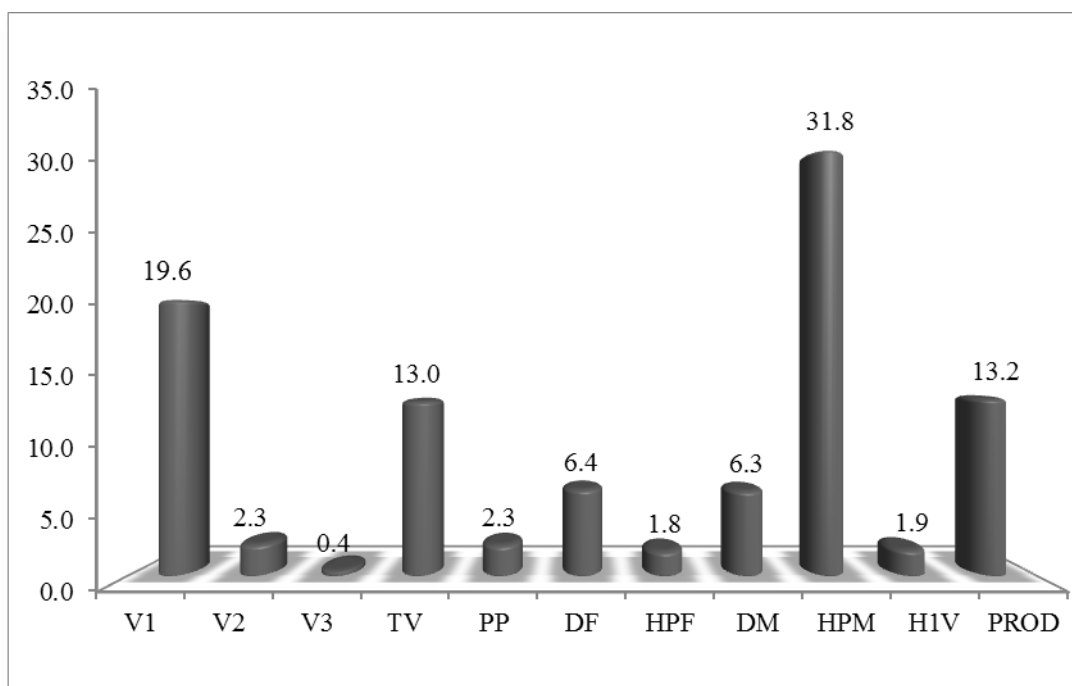


FIGURA 1. Contribuição relativa dos 11 caracteres avaliados: V1: vagem de um grão, V2: vagem de dois grãos, V3: vagem de três grãos, TV: total de vagens, PP: peso por planta (gramas), DF: número de dias para o florescimento, HPF: altura da planta na floração (cm), DM: número de dias para maturação, HPM: altura da planta na floração (cm), H1V: altura de inserção de primeira vagem (cm) e PROD: produtividade (kg ha^{-1}), para quantificar a divergência genética entre 22 cruzamentos biparentais de Soja. Uberlândia-MG, 2011.

Bharadwaj *et al.* (2009) em trabalho realizado na Índia, avaliando a divergência genética entre 85 genótipos de soja e duas testemunhas (cultivares comerciais), concluíram que o caráter que mais contribuiu para divergência entre os genótipos foi total de vagens (TV) com 29,7% de importância, seguido de altura da planta na maturação (HPM) com 17,5%. O caráter produtividade (PROD) ficou em oitavo lugar com 3,4%. Resultados semelhantes foram encontrados por Guerra *et al.* (1999) trabalhando com 104 genótipos de soja, concluíram que o caráter que mais contribuiu para divergência genética foi HPM com 23,3% de importância, seguido de HPF com 19,2% e por Azevedo *et al.* (2004) que buscando quantificar a divergência genética entre oito linhagens de soja e duas cultivares comerciais, identificaram 47,01% de importância para o caráter HPM na divergência entre os genótipos avaliados.

As medidas de dissimilaridade genética, estimadas pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2), com base nos onze caracteres avaliados, apresentaram amplitude das distâncias com valor máximo de 155,5 entre a Test2 e CR21, e o mínimo de 3,2 entre os cruzamentos CR6 e CR 16. Assim, sob o ponto de vista genético, os genótipos Test2 e CR21 são os mais divergentes e os cruzamentos CR6 e CR 16 os mais similares (Tabela 6). Mulato *et al.* (2010), em trabalho visando a analisar a divergência genética de 79 acessos de soja de diferentes regiões do mundo encontraram amplitude das distâncias com valor máximo de 1506, e valor mínimo de 9,6, acima dos valores encontrados neste trabalho.

O critério adotado pelo método de agrupamento hierárquico UPGMA, representado na Figura 2, estabelece que primeiramente se forma um grupo de cruzamentos similares e as distâncias dos demais são calculadas em relação ao grupo formado (CRUZ; REGAZZI, 1997). A delimitação dos grupos é feita, em geral, de maneira subjetiva, observando-se pontos de alta mudança de nível no dendrograma (ARRIAL, 2006). Para os caracteres avaliados proporcionou uma divisão dos cruzamentos em oito grupos: 1) CR6, CR16, CR18, CR19, CR8, CR4, CR15, CR17, CR7 e Test4; 2) CR9 e CR11; 3) CR14; 4) CR1, CR20, CR2, CR3, CR12, CR21 e CR22; 5) CR13; 6) Tes1, Test5 e Test4; 7) Test2 e 8) CR5 e CR10, observando esse agrupamento pode-se verificar que os cruzamentos pertencentes ao mesmo grupo apresentam comportamento semelhante quanto aos caracteres avaliados (Tabela 6).

TABELA 6. Medidas de dissimilaridade genética entre 22 cruzamentos de soja, com base em 11 caracteres, utilizando a distância de Mahalanobis (D^2) como medida de distância genética. Uberlândia-MG, 2001.

	CR1	CR2	CR3	CR4	CR5	CR6	CR7	CR8	CR9	CR10	CR11	CR12	CR13	CR14	CR15	CR16	CR17	CR18	CR19	CR20	CR21	CR22	Test1	Test2	Test3	Test4	Test5
CR1	-																										
CR2	9,6	-																									
CR3	19,8	14,1	-																								
CR4	14,9	18,7	15,6	-																							
CR5	75,7	78,8	80,3	46,3	-																						
CR6	21,8	17,6	23,3	9,6	37,7	-																					
CR7	23,5	35,5	46,7	16,4	37,3	18,6	-																				
CR8	39,9	34,7	35,1	14,6	28,7	5,8	19,1	-																			
CR9	53,2	51,9	50,8	24,7	60,5	19,3	25,8	11,6	-																		
CR10	58,8	57,8	80,2	44,5	25,2	31,2	42,6	39,8	64,3	-																	
CR11	70,0	57,7	61,9	36,1	39,3	22,2	39,2	8,1	18,3	56,8	-																
CR12	12,6	17,5	14,1	11,2	64,7	17,5	24,3	22,9	40,6	73,2	43,6	-															
CR13	25,7	34,3	54,0	37,8	93,3	37,7	50,6	63,4	72,9	42,7	94,5	52,4	-														
CR14	30,4	41,7	38,5	18,8	65,7	28,4	23,8	26,3	18,8	65,0	42,0	28,1	51,9	-													
CR15	10,5	26,3	30,5	9,6	52,7	15,6	14,3	25,6	29,7	41,2	52,2	20,6	28,6	14,2	-												
CR16	25,7	20,2	25,2	7,7	41,4	<u>3,2</u>	19,2	4,0	14,2	39,2	14,0	16,1	43,7	22,9	18,6	-											
CR17	20,4	15,3	24,4	11,1	59,1	19,7	19,9	26,2	37,2	53,8	46,3	21,8	58,3	35,2	23,7	18,4	-										
CR18	23,7	17,2	25,7	7,0	43,9	4,0	16,2	8,2	18,7	36,7	24,1	19,2	44,8	30,1	18,7	3,8	9,1	-									
CR19	20,9	14,0	15,1	10,8	52,9	4,7	24,1	9,3	20,6	53,5	24,2	12,1	54,7	28,1	19,9	5,9	14,7	6,5	-								
CR20	5,7	17,7	18,8	14,5	79,2	31,6	35,4	50,2	69,2	66,7	82,7	15,8	33,8	41,1	16,8	33,7	23,1	30,9	29,8	-							
CR21	14,3	28,4	28,9	40,2	120,6	53,7	59,9	77,4	100,8	107,2	118,0	22,0	44,6	60,9	38,7	59,2	54,8	59,6	50,3	15,1	-						
CR22	28,2	31,2	27,0	37,6	127,8	55,4	71,7	70,7	96,3	125,6	95,3	17,0	70,8	69,6	55,4	50,4	48,4	53,9	44,2	20,9	17,8	-					
Test1	72,1	60,3	51,7	44,0	73,3	24,3	52,0	21,0	22,9	79,7	31,5	50,2	79,2	56,0	59,3	25,5	66,7	32,9	30,5	90,1	104,0	101,6	-				
Test2	121,9	95,6	99,0	91,5	120,5	58,4	111,3	60,5	68,4	101,9	59,8	100,1	94,9	114,2	114,6	57,8	121,1	71,2	73,3	141,4	<u>155,5</u>	141,2	23,3	-			
Test3	40,4	35,2	42,5	28,1	56,2	10,2	35,8	17,8	31,5	42,5	34,5	33,5	35,1	48,6	35,0	14,6	50,2	19,6	22,9	54,9	65,8	71,9	14,0	28,7	-		
Test4	33,7	43,5	51,4	21,1	58,6	16,6	22,3	17,5	26,8	59,0	28,8	20,3	50,8	35,9	24,6	13,4	41,6	19,7	23,0	42,9	60,6	52,9	37,4	69,8	19,1	-	
Test5	63,6	52,3	40,7	39,7	60,2	24,6	51,7	27,8	37,3	61,4	44,7	52,1	61,8	60,0	55,3	29,6	61,2	34,7	34,0	74,8	93,6	99,1	10,2	31,2	16,8	51,3	-

Segundo Almeida (2008), a formação desses grupos pelo método UPGMA é de fundamental importância para a escolha dos progenitores, pois as novas combinações híbridas a serem estabelecidas devem ser baseadas na magnitude de suas dissimilaridades e no potencial *per se* dos genitores. As cultivares reunidas em grupos mais distantes dão um indicativo de serem dissimilares, podendo ser consideradas como promissoras em cruzamentos artificiais. Entretanto, além de dissimilares, é necessário que os genitores associem média elevada e variabilidade para os caracteres que estejam sendo melhorados. De acordo com Barroso; Artes (2003) o coeficiente de correlação cofenética do dendograma ($r=0,70$) evidenciou um bom ajuste entre a representação gráfica das distâncias e a sua matriz original. Priolli *et al.* (2010) objetivando avaliar a diversidade genética entre 168 cultivares de soja por meio de marcadores moleculares, identificaram sete grupos distintos, resultado semelhante ao encontrado neste trabalho, assim como Mannan *et al.* (2010), Bharadwaj *et al.* (2009) e Guerra *et al.* (1999).

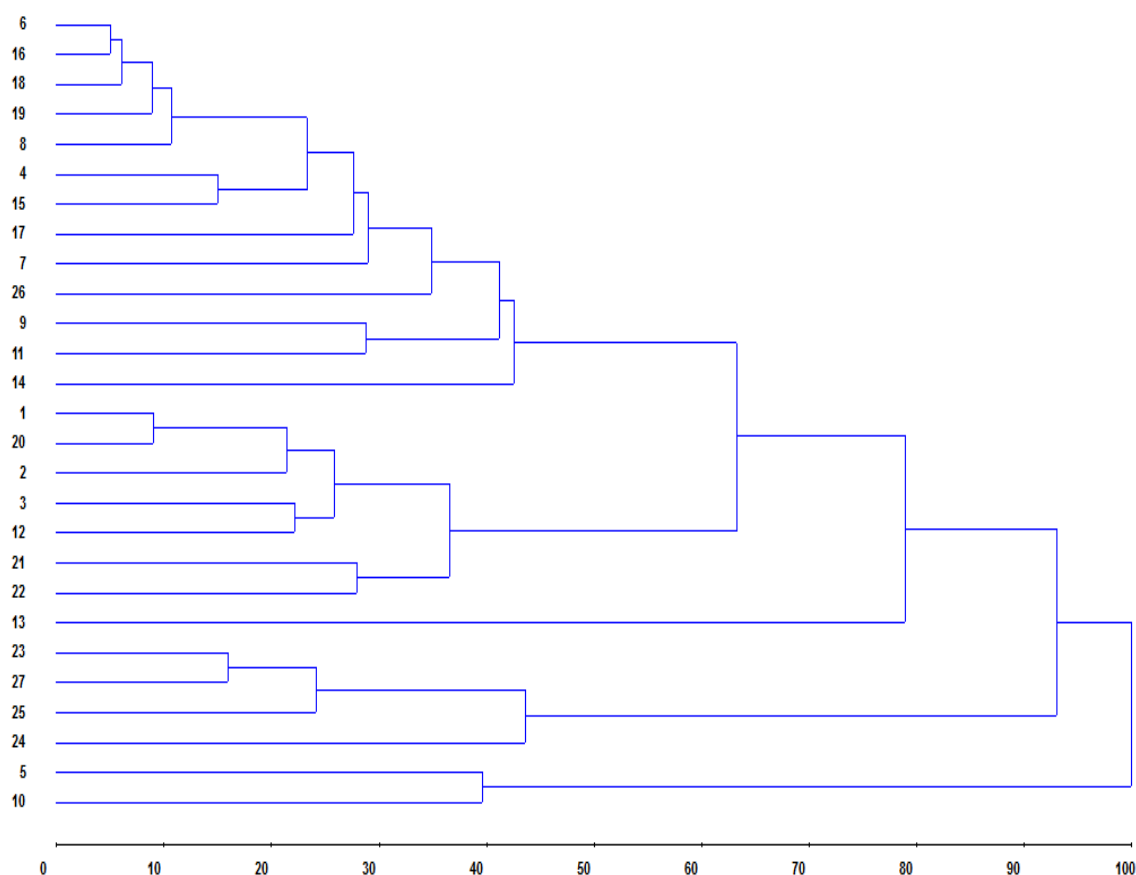


FIGURA 2. Dendrograma da dissimilaridade genética entre 22 cruzamentos de soja e cinco testemunhas, resultante da análise de agrupamento pelo método UPGMA, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis (D^2). O valor do coeficiente de correlação cofenética (r) é de 0,70. Uberlândia-MG, 2011.

Com relação ao agrupamento pelo método de Tocher (RAO, 1962), fundamentado na matriz de dissimilaridade expressa pelas distâncias de Mahalanobis (D^2), ocorreu a distribuição dos cruzamentos em nove grupos, um a mais que o agrupamento pelo método UPGMA, conforme se verifica na Tabela 7, mas inferior ao encontrado por Mulato *et al.* (2010), que, visando a avaliar a divergência genética de 79 acessos de soja, identificou a formação de vinte grupos, e superior ao encontrado por Koga *et al.* (2008) que avaliando ciclos de infecção da ferrugem em genótipos de soja, para o estabelecimento de grupos de genótipos mais promissores para o uso como fontes de resistência, identificaram a formação de apenas cinco grupos, assim como no agrupamento de Azevedo *et al.* (2004), mas superior ao encontrado por Marques (2010) que obteve a formação apenas de três grupos.

TABELA 7. Agrupamento pelo método de Tocher de 22 cruzamentos biparentais e cinco testemunhas de soja. Uberlândia-MG, 2011.

Grupo	Número de genótipos	Cruzamento e Testemunhas
1	14	CR6, CR16, CR18, CR19, CR8, CR4, CR12, CR17, CR15, CR7, CR1, CR2, CR3, CR20
2	3	Test1, Test3, Tes5
3	2	CR21, CR22
4	2	CR9, CR11
5	2	CR5, CR10
6	1	Test4
7	1	CR14
8	1	CR13
9	1	Test2

O primeiro grupo foi atribuído como o principal por abranger 52% dos genótipos avaliados; somente o grupo 1 representou 63% dos cruzamentos; grupo 2, 0% dos cruzamentos, formado apenas por testemunhas; os grupos 3, 4 e 5 representaram cada um 9,0%; e os grupos 6, 7 e 8, cada um com apenas um componente, representaram 4,5% cada. Mulato *et al.* (2010) utilizando o método UPGMA houve a formação de cinco grupos e o grupo que reuniu maior número de genótipos abrangeu cerca de apenas 29,1% dos genótipos avaliados, ficando abaixo do encontrado neste trabalho e semelhante ao encontrado por Iqbal *et al.* (2008) e Matsuo (2009).

Cruz; Regazzi (2004) sugerem o não envolvimento de indivíduos de mesmo padrão de dissimilaridade nos cruzamentos, de modo a não restringir a variabilidade genética e, assim, evitar reflexos negativos nos ganhos a serem obtidos pela seleção. Conforme relatado por Abreu *et al.* (1999), Carpentieri *et al.* (2000), as melhores combinações híbridas a serem testadas em um programa de melhoramento devem envolver parentais tanto divergentes como de elevada performance média. De acordo com Cruz; Regazzi (2004), o estabelecimento de grupos com genótipos com homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos é o ponto de partida para uma avaliação mais minuciosa dos mesmos, a fim de realizar seu aproveitamento nos programas de melhoramento.

Analisando os valores médios de cada cruzamento em relação aos onze caracteres avaliados (Tabela 3), nota-se que no grupo 1 (CR6, CR16, CR18, CR19, CR8, CR4, CR12, CR17, CR15, CR7, CR1, CR2, CR3 e CR20) ficou reunido os cruzamentos mais tardios, com média de número de dias para maturação (DM) de 125 dias, maior número vagens por planta (TV), mas um dos que apresentou produtividade abaixo da média. No grupo 2 ficaram as testemunhas 1, 3 e 5, apresentando características de maior precocidade em relação ao grupo 1, com média de dias para maturação de 117 dias. O grupo 3 reuniu os cruzamentos CR21 e CR22, com maiores alturas na floração e maior número de dias para maturação, com média de 130 dias. O grupo 4 (C29 e CR11) reuniu dois cruzamentos que apresentaram grande semelhança ao grupo 1, quanto o baixo rendimento de grãos.

O grupo 5 (CR5, CR10) merece maior destaque, porque apresentou cruzamentos mais produtivos, com média de 2812 kg ha⁻¹, aproximadamente 32% maior que o rendimento da melhor testemunha (Test5). O grupo 6 (Test4), 7 (CR14), 8 (CR13) e 9 (Test2) apresentaram comportamento mediano quanto os onze caracteres avaliados.

As diferenças entre os métodos de agrupamentos é devida ao método UPGMA levar ao estabelecimento de grupos de forma que exista homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos, com alto rigor (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Entretanto, o agrupamento dos genótipos pelo método UPGMA se apresentou similar ao método de Tocher quanto à formação de grupos entre genótipos mais divergentes. A concordância entre essas duas técnicas pode ser constatada pelo fato de os cruzamentos pertencentes aos grupos 2, 5, 7, e 9 de Tocher terem sido os mesmos dos agrupamentos de maior distância em relação os demais pelo UPGMA (Tabela 4 e Figura 1). Esse resultado se assemelhou a trabalhos encontrados na literatura recente (MULATO *et al.* 2010; MARQUES, 2010; TEIXEIRA *et al.* 2008; ALMEIDA, 2008).

Na representação das distâncias pelo método de agrupamento de dispersão gráfica os cruzamentos que mais se distanciaram dos demais foram CR21, CR22, CR 5, CR10 e CR13. Este resultado demonstra concordância entre a técnica UPGMA (Figura 3), sendo que o mesmo pode ser constatado na comparação com o agrupamento de Tocher. A maior distância verificada entre dois cruzamentos foi determinada pelo CR21 e Tes2, resultado semelhante à distância generalizada de Mahalanobis (D^2).

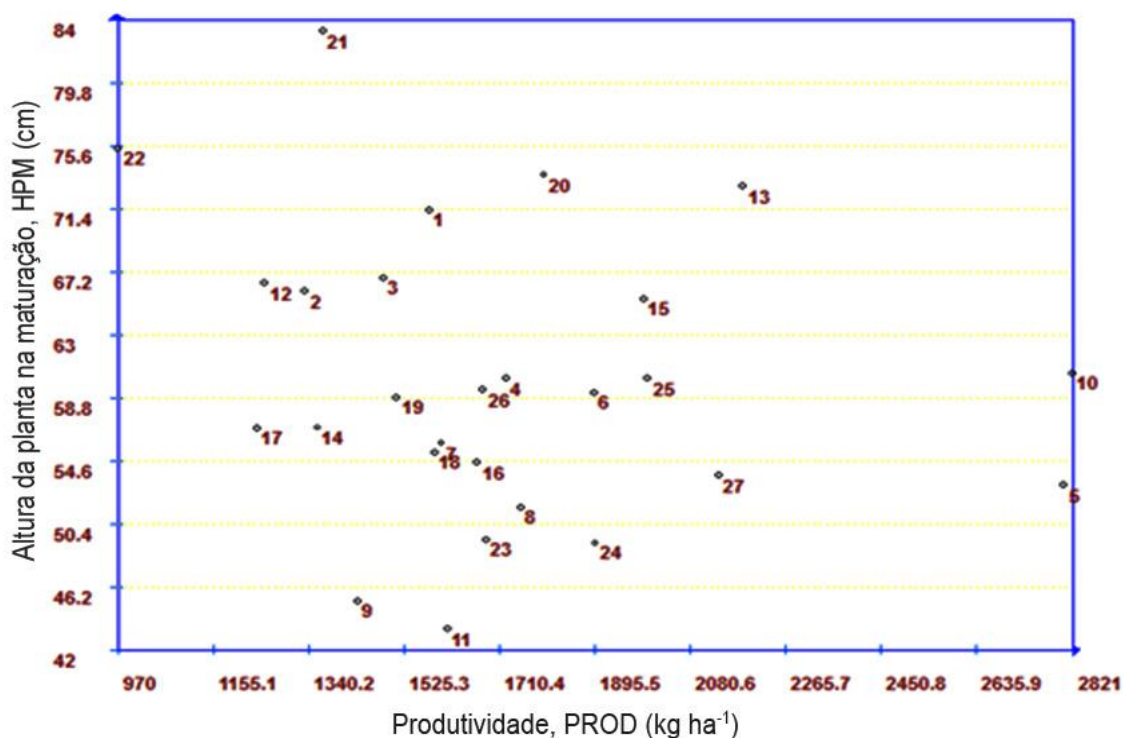


FIGURA 3. Dispersão gráfica dos 22 cruzamentos e cinco testemunhas, com base em dois caracteres: altura da planta na maturação (HPM) e produtividade (PROD). Os genótipos 23, 24, 25, 26 e 27 referem-se as testemunhas. Uberlândia-MG, 2011.

Considerando que a eficiência de um método de agrupamento (capacidade de apresentar graficamente os contrastes entre genótipos) depende da distribuição da divergência genética entre os genótipos testados (BERTAN *et al.*, 2006), as técnicas de Tocher, UPGMA e dispersão gráfica foram eficientes. Comparando-se os resultados obtidos pela análise multivariada e os obtidos pelo teste de médias de Scott; Knott (1974), pode-se verificar que houve concordância entre as duas técnicas na identificação da divergência genética entre os cruzamentos avaliados e que as técnicas utilizadas foram eficientes na identificação e quantificação dessa divergência genética.

Quanto ao índice de seleção realizado com base na distância em relação o cruzamento mais produtivo (CR10) (Tabela 8) ficou evidente que a maioria dos genótipos com distância genética intermediária em relação aos demais, ou seja, os mais similares avaliados nos três métodos de agrupamento foram aqueles que se apresentaram mais próximos do CR10 (CR5, CR6, CR18, CR16 e CR8). Na escala do Ranking, os descendentes dos cruzamentos de menor distância em relação ao cruzamento mais produtivo, poderão ser empregados como fontes de alta produtividade em programas de melhoramento de soja que realizam cruzamentos.

TABELA 8. Distância e ranking dos 22 cruzamentos de soja e cinco testemunhas avaliadas no estudo, em relação o melhor cruzamento (CR10) e ideótipo. Uberlândia, 2011.

Cruzamento	CR10	Cruzamento	Ideótipo	Ranking
CR10	0	CR21	96,68	1º
CR5	25,21	CR12	98,40	2º
CR6	31,18	CR15	107,06	3º
CR18	36,70	CR20	109,69	4º
CR16	39,18	CR22	113,38	5º
CR8	39,85	Test4	115,93	6º
CR15	41,22	CR1	117,85	7º
Test3	42,50	CR14	121,86	8º
CR7	42,60	CR4	122,64	9º
CR13	42,70	CR3	127,05	10º
CR4	44,51	CR19	135,97	11º
CR19	53,53	CR6	137,51	12º
CR17	53,76	CR8	139,99	13º
CR11	56,78	CR16	139,83	14º
CR2	57,79	CR7	147,77	15º
CR1	58,81	Test3	152,69	16º
Test4	59,03	CR5	155,51	17º
Test5	61,36	CR2	160,51	18º
CR9	64,33	CR18	162,46	19º
CR14	65,03	CR13	167,46	20º
CR20	66,70	CR9	169,61	21º
CR12	73,22	CR11	172,73	22º
Test1	79,45	CR17	180,91	23º
CR3	80,19	Test1	181,18	24º
Test2	101,91	Test5	189,83	25º
CR21	107,16	CR10	201,82	26º
CR22	125,55	Test2	259,14	27º

Quanto à distância ao ideótipo, os cruzamentos mais próximos também ficaram no grupo dos intermediários quanto à distância do maior grupo nos métodos de agrupamentos anteriores. Houve diferença dos cruzamentos mais próximos ao ideótipo com os mais

próximos do CR10. Como o ideótipo é o cruzamento com todas as características desejáveis era de se esperar essa diferença, pois os mais próximos ao CR10 são os mais produtivos, mas não os melhores. Na escala do Ranking, os cruzamentos de menor distância em relação o ideótipo foram: 1º-CR21, 2º-CR12, 3º-CR15 e 4º-CR20, com isso poderão ser empregados como fontes de caracteres desejáveis em programas de melhoramento de soja.

A elevada concordância entre as técnicas utilizadas fornece subsídios para a realização de inferências mais seguras a respeito da distância entre os cruzamentos avaliados. Dessa forma, é possível inferir que os cruzamentos CR13, CR14 e Test2 são divergentes aos demais e que os cruzamentos CR5, CR10, CR21 e CR12 se destacaram e são sugeridos em combinação com aqueles mais distantes pelos estudos de divergência genética apresentados neste trabalho. No entanto, além de apresentar divergência, é esperado que os cruzamentos associem elevado desempenho para esses caracteres, oportunizando a seleção de indivíduos superiores principalmente em produtividade.

4 CONCLUSÕES

- a) A população estudada exibiu variabilidade genética, com exceção dos caracteres V3, PP e H1V, todos os caracteres apresentaram diferenças significativas.
- b) Os maiores valores de herdabilidade no sentido amplo foram para o caráter HPM (90%), seguido pelos caracteres DF (87%), V1 (86%) e DM (77%).
- c) Todos os cruzamentos apresentaram genótipos promissores.
- d) Os maiores ganhos dentro do cruzamento foram observados para o CR6, CR8 e CR16.
- e) Os caracteres altura de planta na maturidade (APM) e produtividade (PROD) são os mais indicados para a análise da divergência genética entre cruzamentos de soja.
- f) Os métodos de agrupamento de Tocher, UPGMA e dispersão gráfica são eficientes em representar a divergência genética entre os cruzamentos e cultivares comerciais de soja avaliadas.
- g) As hibridações entre os cruzamentos CR13, CR14 e a Test2 x os cruzamentos CR5, CR10, CR21 e CR12 são promissoras para obtenção de populações segregantes com variabilidade superior.

REFERÊNCIAS

- ABDELNOOR, R.V.; BARROS, E.G.; MOREIRA, M.A. Determination of diversity within Brazilian soybean germplasm using random amplified polymorphic DNA techniques and comparative analysis with pedigree data. **Brazilian Journal of Genetics**, Ribeirão Preto, n.18, p.265-273, 1995.
- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA D.F. Selection potential for seed yield from intra and inter-racial populations in common bean. *Euphytica*, **Wageningen**, Holanda, v.108, p.121-127, 1999.
- ALMEIDA, R.D. **Divergência genética entre cultivares de soja e correlações entre suas características, sob condições de várzea irrigada, no sul do estado do Tocantins**. Tocantins, 2008. 59f. Dissertação (Mestrado em produção vegetal) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Tocantins, 2008.
- ANDRADE, F.M.; et al. Genótipos de soja em quatro épocas de semeadura e populações de plantas em Uberlândia-MG. **Revista Verde**, Mossoró, v.5, n.4, p.124 – 129, 2010.
- ARAÚJO, P.A. **Detecção da epistasia para produção de grãos e caracteres agrônômicos em soja**. Piracicaba, 2006. 79f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) - Escola Superior Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2006.
- ARRIEL, N.H.C.; et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.801-809, 2006.
- AZEVEDO, P.H.; et al. Divergência genética entre genótipos de soja ausentes de enzimas lipoxigenases. **Revista Ceres**, Viçosa, v.1, n.298, p.664-670, 2004.
- AZEVEDO FILHO, J.A.; VELLO, N.A.; GOMES, R.L.F. Estimativas de parâmetros genéticos de populações de soja em solos contrastantes na saturação de alumínio. **Bragantia**, Campinas, v.57, p.227-239, 1998.
- BACKES, R.L.; et al.. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F5 e F6 de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v.49, p.201-216, 2002.
- BÁRBARO, I.M.; et al.. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas de reforma de canavial. **Científica**, Jaboticabal, v.35, n.2, p.136-145, 2007.
- _____. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. Jaboticabal, 2006. 89f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento), Faculdade de ciências agrárias e veterinárias, Universidade Estadual Paulista, 2006.

BARONA, M.A. **Epistasia e interação epistasia por locais para a produção de grãos em soja**. Piracicaba, 2007. 81f. Dissertação (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2007.

BARROSO, L.P.; ARTES, R. **Análise multivariada**. Lavras: UFLA, 2003. 151p.

BERNARDI, W.F. **Estratégias de seleção de genótipos de soja para resistência à podridão vermelha das raízes**. Piracicaba, 2008. 126f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Universidade de São Paulo - Escola Superior Luiz de Queiroz, 2008.

BERTAN, I.; et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Agrociência**, Pelotas, v.12, n.3, p.279-286, 2006.

BHARADWAJ, C.H.; et al. Divergence studies in early-maturing soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm accessions in India. **Plant Genetic Resources Newsletter**, n.149, p.17-21, 2009.

BONATO, A. L. V.; et al. Genetic similarity among soybean [*Glycine max* (L) Merrill] cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetics and Molecular Biology**, v.29, p.692-704, 2006.

BORGES, L.; FERREIRA, D.F. Poder e taxas de erro tipo i dos testes Scott-Knott, Tukey e Student-Newman-Keuls sob distribuições normal e não normais dos resíduos. **Revista Matemática e Estatística**, São Paulo, v.21, n.1, p.67-83, 2003.

CAMPOS, F.L.; et al.. Análises genéticas de soja na região de Jaboticabal-SP. **Acta Scientiarum**, Maringá, v.10, p.81-89, 2002.

CARPENTIERI, V. P.; et al. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, p.1613-1619, 2000.

CARVALHO, E.R.; et al. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.34, n.4, p.892-899, 2010.

CARVALHO, A.D.F. **Avaliação da eficiência do teste precoce no melhoramento genético de soja**. Piracicaba, 2008. 103f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento) - Escola Superior Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2008.

CASTRO, L.P. **Herança da produção de grãos e dos componentes de produção em soja**. Piracicaba-SP, 2008. 45f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento). Escola Superior Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2008.

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.

_____. et al. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária brasileira**, Brasília, v.39, n.11, p.1095-1102, 2004.

CRUZ, C.D. **Programa genes**: diversidade genética. Viçosa: UFV, 2008. 278 p.

_____; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3ed. Viçosa: UFV, 2004. 480p.

_____; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1997. 390p.

EMPRESA BRASILEIRA DE PESQUISA AGROPECUÁRIA. **Tecnologias de produção de soja região central do Brasil 2011**. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2008. 255p.

FARIAS, G.J. **Avaliação de progênies F_{2:4} de uma população de soja e perspectiva de melhoramento**. Piracicaba, 2008. 62f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) - Escola Superior Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2008.

FARIAS NETO, J.T.; VELLO, N.A. Avaliação de progênies F_{4:3} e F_{5:3} e estimativas de parâmetros genéticos com ênfase para porcentagem de óleo, produtividade de grãos e óleo em soja. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.25, p.812-820, 2001.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University. Special Report, 80, Iowa Cooperative Extensive Service, Iowa, 12 p, 1981.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. da. Identificação de duplicidades de acessos de feijão por meio de técnicas multivariadas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.34, n.3, p.409-414, 1999.

GODOI, C.R.C.; PINHEIRO, J.B. Genetic parameters and selection strategies for soybean genotypes resistant to the stink bug-complex. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.2, n.32 p.328-336, 2009.

GUERRA, E.P.; et al. Parent selection for intercrossing in food type soybean through multivariate genetic divergence multivariate genetic divergence. **Acta Scientiarum**, v.21, n.3, p.429-437, 1999.

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

HYTEN, D.L.; et al. Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. **Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America**, v.103, p.1666-1667, 2006.

IQBAL, Z.; et al. Evaluation of soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. **Pakistan Journal Botany**, Karachi, v.40, n.6, p.2323-2328, 2008.

KARASU, A.M.O.; GOKSOY, A.T.; TURAN, Z.M. Genotype by environment interactions, stability, and heritability of seed yield and certain agronomical traits in Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill]. **African Journal of Biotechnology**, v.8 n.4, p.10, 2009.

KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE, 4. Buenos Aires. **Anais...** Proceedings. Buenos Aires: A ASOJA, v.2, p.994-1000, 1989.

KISHA, T.J.; SNELLER, C.H.; DIERS, B.W. Relationship between genetic distance among parents and genetic variance in populations of soybean. **Crop Science**, Madison, v.37, n.4, p.1317-1325, 1997.

KOGA, L.J.; et al. Análise multivariada dos componentes da resistência à ferrugem-asiática em genótipos de soja. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.43, n.10, p.1277-1286, 2008.

LOPES, A.C.A. **Análise dialélica envolvendo genótipos parentais de soja resistentes ao nematóide de cisto**. Piracicaba, 2001. 122f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, 2001.

MAIA, M.C.; et al.. Seleção de linhagens experimentais de soja para características agronômicas e tolerância a insetos. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.1, p.85-97, 2009.

MANNAN, M.A.; et al. Assessment of genetic divergence in salt tolerance of soybean (*Glycine max* L.) genotypes. **Crop Science and Biotechnology**, [S.L], v.13, n.1, p.33-37, 2010.

MARQUES, M.C. **Adaptabilidade, estabilidade e diversidade genética de cultivares de soja em três épocas de semeadura, em Uberlândia-MG**. Viçosa, 2010. 84f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Federal de Viçosa, 2010.

MATSUO, E. **Estratégias para análise do comportamento de genótipos de soja ao nematóide de cisto (Heterodera glycines)**. Viçosa, 2009. 104f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento de plantas) - Universidade Federal de Viçosa, 2009.

MAURO, A. O.; et al.. Ganho genético por seleção em linhagens de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, p.135-144, 2000.

MAURO, A.O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C.S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.667-672, 1995.

MEDEIROS, A.G. **Parâmetros genéticos e potencial agronômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à Ferrugem Asiática**. Piracicaba-SP, 2009. 158f. Dissertação (Mestrado em genética e melhoramento) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2009.

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.

MOCELI-JÚNIOR, A.A.M.; et al.. Análise genética em cruzamentos de soja com fonte de resistência ao nematóide de cisto. **Revista Ceres**, Viçosa, v.55, n.3, p.153-159, 2008.

MORAIS, O.P.; et al. Divergência genética entre os genitores da população de arroz irrigado CNA-IRAT 4. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.28, n.8, p. 150-158, 1998.

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.

MUNIZ, F.R.S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de Soja**. Jaboticabal, 2007. 94f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Estadual Paulista, Júlio de Mesquita Filho, 2007.

PANDINI, F.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A. Heterosis in soybeans for seed yield components and associated traits. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, Curitiba, v.45, n.4, p. 401-412, 2002.

PINHEIRO, J.B. **Dialelo parcial entre parentais de soja resistentes e suceptíveis a insetos**. Piracicaba, 1993. 143f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 1993.

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.

_____. et al. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.39, n.10, p.967-975, 2004.

_____. et al. Characterization of Brazilian soybean cultivars using microsatellite markers, **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v.25, n.2, p.185-193, 2002.

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

REIS, E, F.; et al.. Estimativa de variância e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.26, n.4, p. 749-761, 2002.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. Piracicaba, 2001. 80f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, 2001.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. Cluster analysis methods for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.

SEDIYAMA, T. **Tecnologias de produção e usos da soja**. Londrina: Mecenaz, 2009. 314p.

SILVEIRA, G.D. **Estimativas de parâmetros genéticos**. Jaboticabal, 2007. 56f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) – Faculdade de Ciências agrárias, Universidade Estadual Paulista – Júlio de Mesquita Filho, 2007.

SILVEIRA, G.D.; DI MAURO, A.O.; CENTURION, M.A.P. Seleção de genótipos de soja para a região de Jaboticabal (SP) (Ano agrícola 2003-2004). **Científica**, Jaboticabal, v.34, n.1, p.92-98, 2006.

SILVA, L.A.S. **Herança e relações genéticas entre densidade da semente, teores de proteína e óleo e produtividade em soja**. Piracicaba, 2008. 173f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, 2008.

SILVA, V.S. **Seleção de pré-cultivares de soja baseada em índices**. Piracicaba, 2005. 104f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, 2005.

SILVEIRA, G.D. **Estimativas de parâmetros genéticos**. Jaboticabal, 2007. 56f. Tese (Doutorado em genética e melhoramento de plantas) - Universidade Estadual Paulista – Júlio de Mesquita Filho, 2007.

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**, Berlin, v.11, n.1, p.30-40, 1962.

SOUZA, L.C.D.; et al.. Produtividade de quatro cultivares de soja em função da aplicação de fertilizante mineral foliar a base de cálcio e boro. **Revista de biologia e ciências da terra**, Campina Grande, v.8, n.2, p.37-44, 2008.

TEIXEIRA, L.R.; et al. Avaliação de cultivares de soja quanto à tolerância ao estresse hídrico em substrato contendo polietileno glicol. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.30, n.2, p. 217-223, 2008.

TOLEDO, J.F.F.; et al.. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.35, n.9, p.1783-1796, 2000.

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