

ANA PAULA OLIVEIRA NOGUEIRA

**CORRELAÇÕES, ANÁLISE DE TRILHA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA E
MOLECULAR EM SOJA**

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

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011

ANA PAULA OLIVEIRA NOGUEIRA

**CORRELAÇÕES, ANÁLISE DE TRILHA E DIVERSIDADE FENOTÍPICA E
MOLECULAR EM SOJA**

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

APROVADA: 26 de Janeiro de 2011.

Prof. Dr. Múcio Silva Reis
(Co-orientador)

Prof. Dr. Cosme Damião Cruz
(Co-orientador)

Prof. Dr. Derval Gomes Pereira

Pesq. Dr(a). Maria Aparecida Nogueira
Sedyama

Prof. Dr. Tuneo Sedyama
(Orientador)

À minha mãe Doralice Oliveira Paula.

Aos meus irmãos Marco Aurélio Oliveira Nogueira e Ana
Caroline Oliveira Nogueira.

À minha tia Coracy Oliveira Paula.

Dedico

AGRADECIMENTOS

À Deus, minha fonte de esperanças, por estar ao meu lado em todos os momentos, permitindo superar todos obstáculos que me foram colocados, sendo meu guia e fazer com que tudo aconteça no momento certo.

À minha mãe Doralice Oliveira Paula, por me conceder à vida e por ter zelado da minha educação, me incentivando aos estudos e me fazer acreditar que esse é o melhor caminho.

Aos meus irmãos Marco Aurélio Oliveira Nogueira e Ana Caroline Oliveira Nogueira, pelo constante carinho, amor e compreensão em todos momentos que precisei.

À minha tia Coracy Oliveira Paula, por ser sempre minha incentivadora e acreditar que seria capaz, por todas palavras de conforto, principalmente nos momentos de angústia.

À minha tia Doracy Oliveira Gomes, pelo apoio dado à minha mãe e meus irmãos na minha ausência, e pelas palavras positivas e de esperança.

Aos meus primos Maicon Oliveira Gomes e Andressa Oliveira Gomes pelo carinho.

Ao meu namorado Leonardo Campos Faria, por estar sempre ao meu lado, sendo meu amigo e companheiro, pelas palavras positivas, pelo amor e carinho que tornaram meus dias em Viçosa mais felizes.

À minha amiga Leonília Ferreira (*In memorian*) por me receber em Viçosa com todo carinho, sendo uma verdadeira amiga, me fazendo acreditar a cada dia no meu potencial.

À minha amiga Katiene Régia Silva Sousa, pelos momentos felizes de convívio, pelas inúmeras palavras boas sempre que necessitei.

À minha amiga Cássia Ângela Pedrozo pela amizade e diferentes oportunidades de dividir anseios e alegrias.

Aos amigos distantes que na torcida ficaram pelo meu sucesso profissional e pessoal.

À Universidade Federal de Viçosa, ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento, pela possibilidade da realização do mestrado e doutorado.

Ao Conselho Nacional de Pesquisa e Desenvolvimento Tecnológico (CNPq) e à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (Capes) pelas concessões das bolsas de estudo que possibilitaram a realização do doutorado.

Ao meu orientador PhD. Tuneo Sedyama, pelos ensinamentos e valores transmitidos que possibilitaram meu crescimento profissional e pessoal. Pela compreensão, respeitando minhas deficiências e valorizando o meu potencial.

Ao co-orientador Dr. Cosme Damião Cruz pelo co-orientação, pela paciência e disposição em todos momentos que precisei

Ao co-orientador Dr. Múcio Silva Reis pela co-orientação e atenção sempre que necessário.

Ao Prof. Dr. Everaldo Gonçalves de Barros e Prof. Dr. Maurílio Alves Moreira pela disponibilidade do laboratório para realização das análises moleculares.

Ao Prof. Dr. Derval Gomes Pereira, pelas palavras de incentivo e consideração e também pela participação na banca.

Ao Dr. Newton Piovesan pela atenção dispensada sempre que necessitei.

À pesquisadora Dra. Maria Aparecida Nogueira Sedyama pela atenção e participação na banca.

Aos docentes do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pelos ensinamentos, compromisso e seriedade na educação que possibilitaram o meu excelente aprendizado.

Às secretárias do Programa da de Genética e Melhoramento, Edna e Rita pela gentileza e atenção.

Ao José Custódio pela amizade, pela constante atenção e ajuda durante toda a pós-graduação.

À equipe da soja José Bernardino Luiz Pires, Paulo Afonso Paiva, Paulo Daniel Fontes, Adílio Pinto da Silva e José Cupertino Pinheiro pelo excelente convívio e ajuda prestada na condução dos experimentos.

À MSc. Rita de Cássia Teixeira de Oliveira pela possibilidade de estágios ao longo do curso de doutorado que muito contribuíram para complementação do meu aprendizado. Além disso, pelas palavras de otimismo e consideração.

Aos amigos Alberto Souza Boldt, Éder Matsuo, Fábio Daniel Tancredi, Lígia Rossetto Lopes, Marcelo Cunha Marques, Renata Oliveira Batista pelo bom convívio, ajuda e amizade.

Aos estagiários Nara Beatriz Carneiro, Natanael Vilanova Junior, Andressa, Jaqueline pela ajuda e bom convívio.

A todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente para a realização deste trabalho.

Muito Obrigada!

BIOGRAFIA

Ana Paula Oliveira Nogueira, filha de Lázaro da Silva Nogueira e Doralice Oliveira Nogueira nasceu no dia 13 de Abril de 1981 em Quirinópolis - GO.

Ingressou, em Março de 2001, no Curso de Agronomia na Universidade Federal do Tocantins, concluindo-o em Fevereiro de 2005.

Em Agosto de 2005, iniciou o Curso de Mestrado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de dissertação em Março de 2007.

Em Março de 2007, iniciou o curso de Doutorado em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais, submetendo-se à defesa de tese em Janeiro de 2011.

Em Janeiro de 2011 tomou posse do cargo Professor Adjunto na Universidade Federal de Uberlândia.

ÍNDICE

| | |
|--|-----------|
| RESUMO | ix |
| ABSTRACT | xi |
| 1. INTRODUÇÃO GERAL..... | 1 |
| 2. REVISÃO DE LITERATURA | 4 |
| 2.1 Aspectos gerais sobre a cultura da soja | 4 |
| 2.2 Correlações | 6 |
| 2.3 Análise de trilha | 7 |
| 2.4 Diversidade genética | 8 |
| 2.4.1 Metodologias para avaliação da diversidade genética..... | 10 |
| 2.4.2 Diversidade com base em caracteres fenotípicos | 11 |
| 2.4.3 Diversidade com base em marcadores moleculares..... | 12 |
| 3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 14 |
| CAPÍTULO 1. CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES E ANÁLISE DE TRILHA EM SOJA CULTIVADA EM DUAS ÉPOCAS DE SEMEADURA .. | 20 |
| RESUMO | 21 |
| ABSTRACT | 23 |
| 1. INTRODUÇÃO | 24 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 28 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 35 |
| 4. CONCLUSÕES | 48 |
| 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 49 |
| CAPÍTULO 2. DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA CONVENCIONAL E TRANSGÊNICA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS | 52 |
| RESUMO | 53 |
| 1. INTRODUÇÃO | 57 |

| | |
|--|------------|
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 60 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 69 |
| 4. CONCLUSÕES | 96 |
| CAPÍTULO 3. DIVERSIDADE GENÉTICA EM CULTIVARES DE SOJA COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES | 101 |
| RESUMO | 102 |
| ABSTRACT | 104 |
| 1. INTRODUÇÃO..... | 106 |
| 2. MATERIAL E MÉTODOS..... | 108 |
| 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO | 112 |
| 4. CONCLUSÕES | 121 |
| 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS | 122 |
| ANEXO | 126 |

RESUMO

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, janeiro de 2011. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja.** Orientador: Tuneo Sedyama. Co-orientadores: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

A soja é um dos principais produtos agrícolas que participam da economia brasileira, ocupando posição de destaque nas exportações do País. Sabe-se que a base genética da soja, no Brasil, é estreita e o estudo de diversidade genética propicia informações importantes para o melhoramento genético. Ao longo do processo seletivo, deseja-se melhorar simultaneamente vários caracteres. Desse modo, informações sobre correlações e análise de trilha contribuem para elaboração de estratégias de seleção. Os objetivos deste trabalho foram estudar as correlações entre caracteres, bem como seu desdobramento pela análise de trilha tendo-se como caráter principal a produção de grãos; avaliar a diversidade genética em soja com base em caracteres fenotípicos e marcadores moleculares microssatélites. Foram conduzidos experimentos em condições de casa de vegetação e em laboratório. Este primeiro envolveu 90 genótipos de soja, cultivados em duas épocas de semeadura em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Foram avaliados caracteres qualitativos e quantitativos. No experimento em laboratório, foram estudadas 41 cultivares de soja mais produtivas e mais cultivadas em diferentes regiões do País, utilizando-se 40 marcadores microssatélites. Foram verificadas diferenças significativas na ordem de 1% de probabilidade para todos os caracteres estudados. Os estudos das correlações fenotípicas, genotípicas e a análise de trilha identificaram o número de vagens por planta, independente da época de semeadura, de maior efeito favorável sobre a produção de grãos em soja. A época de semeadura influenciou na expressão de caracteres agronômicos e, conseqüentemente, nas estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. Para os caracteres fenotípicos, empregaram-se análises uni e multivariadas. Com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) observou-se alta divergência entre os genótipos estudados. Na semeadura de fevereiro, D^2 oscilou de 4,38 a 458,68, ao passo que, na semeadura de dezembro, tal medida teve menor amplitude, variando de 2,62 a 362,46. Os caracteres de maior contribuição da dissimilaridade genética foram o número de dias para maturidade, a altura de planta na maturidade e a massa seca da

parte aérea. Os métodos de Tocher e UPGMA apresentaram semelhança no padrão de agrupamento. Em torno de 50% dos 90 genótipos estudados constituíram um mesmo grupo e pertencem à região de adaptação no Centro-oeste. Os agrupamentos gerados permitem a identificação de genitores divergentes para cruzamentos. Entre os 40 locos microssatélites, dois foram monomórficos e 38 marcadores amplificaram 131 alelos, oscilando entre dois e cinco alelos por loco, com média de 3,45. Adotou-se o índice ponderado pelo número de alelos para estimar a dissimilaridade entre as 41 cultivares. Essa, por sua vez, oscilou entre 0,26 a 0,80 com média de 0,57. A distribuição da dissimilaridade entre os pares de 41 genótipos compreendeu 75% entre as distâncias de 0,5 e 0,69. Ao realizar um corte em torno de 87% de dissimilaridade, verificou-se a formação de doze grupos com número distintos de cultivares. Houve semelhança entre as metodologias de UPGMA e Tocher na constituição dos grupos. O uso de marcadores moleculares microssatélites permitiu detectar significativa variabilidade genética em cultivares elites indicando que ainda existe variabilidade genética útil ao melhoramento de soja no Brasil.

ABSTRACT

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, January, 2011. **Correlations, path analysis and phenotypical and molecular diversity in soybean.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Múcio Silvar Reis.

Soybean is one of the economically most important grain producing plants. It is known that the genetic base of Brazilian soybeans is narrow and the study of genetic diversity provides important information for genetic breeding. During the selection process it is desirable to simultaneously improve several characters. Thus information about correlation and path analysis contribute for the elaboration of selection strategies. This study analyzed the correlations between traits, as well as its partitioning by path analysis considering as the principal character grain production; evaluated the genetic diversity in soybean based on phenotypical traits and microsatellite markers. Experiments were done in greenhouse and in the laboratory. The first one involved 90 soybean genotypes, grown in two sowing dates as randomized blocks with 3 repetitions. Qualitative and quantitative traits were evaluated. The laboratory experiment evaluated the 41 most productive soybean cultivars and mostly grown in different regions of Brazil, using 40 microsatellite markers. The studies of phenotypical and genotypical correlations, and the path analysis identified the total number of pods per plant, independently of sowing date, as the greatest favorable effect on soybean grain production. Sowing date affected the expression of agronomic traits and, consequently, the estimates of phenotypical, genotypical and environment correlations. Uni and multivariate analyses were used for the phenotypical traits. Significant differences were observed at 1% probability for all characters analyzed. Based on Mahalanobis' generalized distance (D^2) high divergence among the genotypes studied was observed. In February sowing, D^2 varied from 4.38 to 458.68, while smaller range was observed for December sowing, varying from 2.62 to 362.46. The traits with greatest contribution for genetic dissimilarity were number of days for maturity, plant height at maturity and above ground dry matter. The methods of Tocher and UPGMA presented similarity in the grouping pattern. Around 50% of the 90 genotypes analyzed constituted one single group belonging to the region of adaptation to the Middle West. The generated groupings allowed the identification of the diverging parents for the crossings.

Among the 40 microsatellites loci, 2 were monomorphic and 38 markers amplified 131 alleles, oscillating between 2 and 5 alleles per locus, with an average of 3.45. The index weighted by the number of alleles was adopted to estimate the dissimilarity among the 41 cultivars. This, in turn, varied between 0.26 and 0.80 with average of 0.57. Dissimilarity distribution between the 41 genotype pairs comprehended 75% between the distances of 0.5 and 0.69. Making a cut at about 87% dissimilarity, the formation of 12 groups with distinct number of cultivars was observed. There were similarities between the methodologies of UPGMA and Tocher on the constitution of the groups. The use of microsatellite molecular markers allowed the detection of significant genetic variability in elite cultivars, indicating that there still is useful genetic variability for soybean breeding in Brazil.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A soja é um dos principais produtos agrícolas que participam da economia brasileira, ocupando posição de destaque nas exportações do País. O Brasil destaca-se como o segundo maior produtor, exportador e processador mundial. A área plantada na safra 2009/2010 foi 23,47 milhões de hectares com produtividade média de 2918 kg/ha, totalizando uma produção nacional de 68,69 milhões de toneladas (CONAB, 2010).

O aumento da produção, observado a partir da década de 1970, ocorreu, em grande parte, graças à ocupação das áreas de cerrado pela cultura, aliada à ação conjunta do melhoramento ambiental e melhoramento genético.

O desenvolvimento de material genético apropriado para as diversas áreas produtoras no País tem sido um dos fatores responsáveis pelo progresso da soja. Permitiu que se expressassem, em termos de produção econômica do grão, as potencialidades das diferentes regiões brasileiras. Dessa maneira, no Brasil, a soja é cultivada em grande diversidade de ambientes, englobando altas e baixas latitudes.

No Brasil, os programas de melhoramento da soja destacam-se pela busca incessante de novos materiais genéticos que apresentem alto potencial produtivo, resistentes a doenças, período juvenil longo e ciclos adequados à exploração em ambientes específicos. Materiais superiores e estáveis representam um equilíbrio genético que, uma vez atingido, ganhos adicionais de produtividade e estabilidade tornam-se mais difíceis de serem conseguidos e, em geral, cultivares adaptadas a uma determinada região tendem a ter uma similaridade genética. Como consequência desse equilíbrio, a maioria das cultivares, dentro de uma mesma região, é geneticamente similar, portanto, com uma base genética mais restrita (Gizlice *et al.*, 1993).

Estudos sobre variabilidade genética da cultura da soja têm demonstrado que o germoplasma brasileiro é de base genética restrita, tendo-se originado de poucas linhagens ancestrais o que justifica a frequente similaridade entre duas ou mais cultivares no momento de pedido de proteção. Assim, a identificação de genótipos distintos é uma ferramenta útil na orientação em programas de melhoramento genético.

Segundo Bonetti (1983) cerca de 70% das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, na década de 1960, descendiam das cultivares americanas Hill,

Hood ou de ambas. Utilizando coeficiente de parentesco, Hiromoto e Vello (1986) determinaram a base genética do germoplasma de soja e relataram que 100% do conjunto gênico de soja existente no Brasil naquela época era oriundo da contribuição de 26 ancestrais e que onze linhagens asiáticas ancestrais contribuíram com mais de 90%. Quatro ancestrais com maior contribuição para o germoplasma brasileiro são os mesmos que dão maior contribuição para o germoplasma do sul dos Estados Unidos, que também é de base genética estreita (Gizlice *et al.*, 1993).

Os programas de melhoramento envolvem quatro etapas principais: escolha dos parentais; cruzamentos entre parentais e obtenção de genótipos segregantes; avanço das gerações iniciais por meio de autofecundações naturais, de teste de desempenho agrônômico e de seleção das linhagens experimentais.

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade na população de trabalho. Dessa forma, na escolha dos parentais que constituirão o bloco de cruzamento para a formação da população base, devem ser priorizados aqueles genótipos de alto desempenho e que ainda sejam divergentes.

Os estudos sobre divergência genética são de suma importância em programas de melhoramento genético, uma vez que possibilitam a identificação de genitores que, quando cruzados, aumentem as chances de seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz *et al.*, 2004). Desse modo, a avaliação da diversidade genética pode facilitar a ampliação da base genética em programas de melhoramento. Essa diversidade genética pode ser quantificada com marcadores moleculares (Narvel *et al.*, 2000; Miroslav *et al.*, 2002; Priolli *et al.*, 2002; Priolli *et al.*, 2004; Fu *et al.*, 2007), caracteres fenotípicos (Yokomizo *et al.*, 2000; Cui *et al.*, 2001; Dong *et al.*, 2004; Ma *et al.*, 2006;) e coeficiente de parentesco (Cui *et al.*, 2000; Oda, 2007).

Uma vez obtida uma população segregante, o próximo passo é avanço de gerações e seleção de genótipos superiores. Entre os principais objetivos do melhoramento genético da soja encontra-se o aumento da produtividade de grãos (Sediyama *et al.*, 2005), cujo caráter é de natureza quantitativa (Unêda-Trevisolli, 1999). Desse modo, o conhecimento do grau de associação entre os caracteres, em especial com a produtividade de grãos, torna-se essencial para seleção dos melhores genótipos.

A produtividade de grãos, por ser um dos caracteres de maior complexidade, resultante da expressão e da associação de diferentes componentes genéticos é

altamente influenciada pelo ambiente. Os estudos de correlações contribuem para a identificação de caracteres que possam ser utilizados na seleção indireta para a produtividade de grãos, além de permitirem a avaliação do material genético para um conjunto de caracteres, simultaneamente, informando como um caráter pode ocasionar alteração em outros (Bárbaro *et al.*, 2007).

Embora a produção de grãos seja o quesito mais importante em um programa de melhoramento de soja, outros caracteres merecem atenção dos melhoristas, quando o objetivo é a obtenção de cultivares superiores. Desse modo, para garantir a produtividade e estabilidade de produção, os materiais genéticos precisam apresentar porte e ciclo adequados, resistência ao acamamento e resistência a doenças.

A grande variação na magnitude dos valores de correlação encontrada na literatura evidencia as diferenças existentes entre populações de soja e indica a necessidade de se obterem estimativas de correlações para cada população em particular, principalmente quando o objetivo for eficiência no processo seletivo (Unêda-Trevisoli, 1999).

Os estudos de correlações são de grande valia no melhoramento de plantas, todavia, alguns cuidados devem ser considerados para não se cometerem equívocos na interpretação de suas magnitudes e estratégia de seleção. As correlações não são medidas de causa e efeito, logo a alta correlação entre dois caracteres pode ser em decorrência do efeito indireto de um ou um conjunto de outros caracteres (Dewey,; Lu, 1959).

Com o intuito de compreender melhor as causas envolvidas nas associações entre caracteres, Wrigt (1921,1923) propôs a análise de trilha, cujo método desdobra as correlações estimadas em efeitos diretos e indiretos de caracteres sobre um caráter básico.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 Aspectos gerais sobre a cultura da soja

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill), pertencente à família *Fabaceae*, subfamília *Faboideae*, gênero *Glycine* tendo como centro de origem a China e, desse país, expandiu-se para outras partes da Ásia, por volta do século XI a.C (Sediyama *et al.*, 2009). Domesticada em latitudes compreendidas entre 30 e 45°N, foi disseminada, posteriormente, para a América do Norte, Europa e América do Sul. No Brasil, a primeira referência foi no fim do século XIX no ano de 1882, por meio da introdução de genótipos na Bahia (Sediyama *et al.*, 2005).

A altura da planta de soja varia em função do local e da época de cultivo. A planta é herbácea, anual, ereta e pubescente. Seu sistema radicular consta de uma raiz principal pivotante, com ramificações ricas em nódulos de bactérias fixadoras de nitrogênio atmosférico. As folhas são alternadas, têm pecíolos longos e são compostas de três folíolos grandes, geralmente ovais. As flores são axilares ou terminais, brancas ou roxas, segundo a variedade. Os frutos, do tipo vagem, são achatados, curtos, de cor cinzenta, amarelo-palha ou preta e encerram de duas a cinco sementes, que são, geralmente, elípticas e achatadas, de cor amarela, verde ou preta nas variedades cultivadas (Sediyama *et al.*, 1996).

Embora seja planta originária de clima temperado, a soja adapta-se bem em uma ampla faixa de outros climas, em razão da sua aclimação em climas tropical e subtropical. As temperaturas médias, ótimas para melhor desenvolvimento da soja, estão entre 20 e 35°C. Acima ou abaixo dessas temperaturas, há o aparecimento de distúrbios fisiológicos, especialmente no que se refere à floração e à ação dos nódulos nas raízes. A necessidade total de água na cultura da soja, para obtenção do máximo rendimento, oscila entre 450 e 800 mm/ciclo (Embrapa, 2008).

As cultivares de soja apresentam tipo de crescimento determinado, semideterminado e indeterminado. O tipo determinado pertencente ao grupo de maturidade V a X, típicas de cultivo no Sul dos Estados Unidos da América (EUA) e no Brasil são caracterizadas por plantas que possuem inflorescência racemosa terminal e axilar, tendo o crescimento vegetativo paralisado após o florescimento, ou em algumas circunstâncias, elas ainda podem crescer cerca de 10% da sua altura e massa seca final. Normalmente, possuem maior ramificação, menor altura e,

consequentemente, menor número de nós. As folhas da parte superior do caule são semelhantes às demais (Sediyama *et al.*, 2005; Nogueira *et al.*, 2009).

As plantas de tipo crescimento semideterminado também apresentam a inflorescência racemosa terminal e axilar; contudo, na ocasião do florescimento, estão com cerca de 70% da sua altura e massa seca final, podendo ainda crescer após a floração.

Nas plantas de tipo de crescimento determinado, como semideterminado, as primeiras flores surgem no terço superior e as últimas, no terço inferior. A maturação inicia-se de cima para baixo.

Nas cultivares de tipo de crescimento indeterminado, cultivadas especialmente na região norte dos EUA, incluídas nos grupos de maturidade 00 a IV, as plantas possuem apenas inflorescência axilar. A gema terminal mantém atividade vegetativa após o florescimento, desenvolvendo nós e alongando o caule. Desse modo, têm maior altura e número de nós na haste principal e, após o florescimento, podem até dobrar de altura. A parte terminal do caule é mais delgada, e as folhas e os pecíolos possuem maiores dimensões na região central do caule. A maturação das vagens inicia-se na parte inferior (Sediyama *et al.*, 2005; Nogueira *et al.*, 2009).

A época de semeadura é definida por um conjunto de fatores ambientais que reagem entre si e interagem com a planta, promovendo variações na produtividade e afetando as características agrônômicas (Câmara *et al.*, 1997). Influenciam o desenvolvimento das plantas de soja, as condições ambientais, como a temperatura, a altitude, a umidade relativa do ar, a precipitação pluviométrica, o tipo de solo, e principalmente, o fotoperíodo (Marcos Filho, 1986; Sinclair, 1994; Sediyama *et al.*, 1996; Câmara *et al.*, 1997; Barros e Sediyama, 2009).

O fotoperíodo (número de horas de luz por dia) é o mais importante fator ambiental que interfere na passagem da soja do estágio vegetativo para o reprodutivo. Garner e Allard (1920) foram um dos primeiros a observar a importância do período luminoso no processo de indução floral na soja, denominando esse fenômeno de fotoperiodismo. Assim, a soja destacou-se como espécie de dias curtos, pois é induzida ao florescimento quando o comprimento do dia é menor que determinado nível crítico, específico de cada genótipo (Barros e Sediyama, 2009).

A indução ao florescimento somente ocorre quando as temperaturas estão acima de 13°C. Alterações na data de floração, entre anos, para cultivar semeada

numa mesma época, são atribuídas às variações na temperatura e, sobretudo, ao fotoperíodo (Embrapa, 2008; Barros e Sedyama, 2009).

O aumento de temperaturas médias superior a 24°C, em especial as noturnas, ocasiona rápido crescimento vegetativo, enquanto temperaturas inferiores a 24°C normalmente retardam o florescimento em até três dias, para cada decréscimo de 0,5°C. A maturação das vagens é acelerada pela ocorrência de altas temperaturas. Estas, quando associadas à alta umidade relativa do ar, comprometem a qualidade da semente (Sedyama *et al.*, 1996).

2.2 Correlações

A correlação é uma medida de intensidade de associação linear entre duas variáveis ou uma medida do grau de variação conjunta, que pode ser negativa ou positiva. Informações sobre as correlações entre caracteres têm grande relevância, pois permitem ao melhorista o conhecimento das alterações que ocorrem em um caráter quando se realiza a seleção em outro caráter a ele correlacionado (Ramalho *et al.*, 1993).

No melhoramento genético de plantas, o conhecimento das correlações entre caracteres torna-se ainda mais importante em casos em que a seleção para um determinado caráter é difícil, em virtude da baixa herdabilidade e/ou dificuldade de mensuração e identificação (Cruz *et al.*, 2004).

As correlações que podem ser estimadas são fenotípicas, genotípicas e ambientais. A correlação estimada com base nos dados diretamente mensurados é a fenotípica. Ela, por sua vez, tem duas causas, a genética e a ambiental. A principal causa da correlação genética é o pleiotropismo, isto é, propriedade pelo qual um gene influencia dois ou mais caracteres. O desequilíbrio de ligação também é causa de correlação genética, todavia, ela é transitória, ocorrendo principalmente em populações originárias de cruzamentos divergentes (Falconer, 1987).

O ambiente é causa de correlações entre caracteres quando estes são influenciados pelas mesmas variações ambientais. Estimativas negativas de correlação ambiental indicam que o ambiente favorece um caráter em detrimento do outro e estimativa positiva evidencia que dois caracteres são beneficiados ou prejudicados pelas mesmas variações ambientais (Cruz *et al.*, 2004).

Os coeficientes de correlação são adimensionais e seu valor absoluto não ultrapassa a unidade, tanto positiva quanto negativa; o coeficiente de correlação igual

a zero evidencia a falta de relação linear entre duas variáveis e não a ausência de relação ou de dependência.

Os valores de correlações dependem da base genética da população para a qual os caracteres são avaliados, apresentando oscilação entre estimativas positivas e negativas, propiciando indicativo de como a seleção de um caráter pode influenciar outro (Heiko, 2001).

Segundo Lopes *et al.* (2002), embora seja possível acrescentar níveis de significância estatística para as correlações fenotípica e genotípica, existe uma tendência entre os melhoristas de plantas a valorizar mais o sinal (positivo e negativo) e a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações. Desse modo, é comum valorizar as estimativas abaixo de -0,5 e acima de 0,5.

Os caracteres, cuja herdabilidade é mais alta, permitem maior sucesso na seleção, de modo que a chance de obtenção de progênes superiores com indivíduos selecionados é elevada. Por essa razão, os melhoristas podem adotar o uso da seleção indireta para caracteres quantitativos, de baixa herdabilidade, por meio da seleção de caracteres correlacionados.

2.3 Análise de trilha

Embora as correlações sejam de grande importância no melhoramento genético, elas podem conduzir a estratégias de seleção equivocadas, se interpretadas inadequadamente, pois suas estimativas não expressam uma relação de causa e efeito, tal como estimado em análises de trilha.

A análise de trilha consiste no desdobramento das correlações nos efeitos diretos e indiretos de caracteres independentes e explicativos sobre uma variável principal básica, cujas estimativas são obtidas por meio de equações de regressão, em que as variáveis são previamente padronizadas (Wright, 1921; 1923; LI, 1975).

Em diversas culturas tem-se verificado o emprego da análise de trilha, como, por exemplo, no amendoim (Santos *et al.*, 2000), capim elefante (Daher *et al.*, 2004), eucalipto (Correia *et al.*, 1996), feijão (Coimbra *et al.*, 1999; Furtado *et al.*, 2002), pimentão (Carvalho *et al.*, 1999), mandioca (Gomes *et al.*, 2007) e também, na soja (Carvalho *et al.*, 2002; Iqbal *et al.*, 2003; Bizeti *et al.*, 2004).

O sucesso na análise de trilha reside, basicamente, na formulação do relacionamento de causa e efeito entre as variáveis. Além disso, o desdobramento das correlações depende do conjunto de caracteres estudados, que normalmente é

estabelecido pelo conhecimento prévio do pesquisador, de sua importância e das possíveis inter-relações expressas em diagramas de trilha (Cruz *et al.*, 2004).

Um problema comum em estudos de análise de trilha é a ocorrência da multicolinearidade, isto é, inter-relação nas variáveis explicativas. Condições de multicolinearidade alta conduzem a estimativas inconsistentes de coeficiente de regressão e também, superestima os efeitos diretos das variáveis explicativas sobre a variável resposta. Algumas estratégias têm sido adotadas com intuito de amenizar os efeitos adversos da multicolinearidade, tais como, eliminação de variáveis e análise em crista (Carvalho, 1995; Bizeti *et al.*, 2004).

2.4 Diversidade genética

A diversidade genética é a soma de informações genéticas contidas nos genes de plantas, animais e microorganismos. Todo indivíduo contém uma quantidade particular de informações. O valor da diversidade está relacionado com a variedade de diferentes genes que podem ser expressos pelos organismos com características potencialmente úteis (Karp *et al.*, 1996).

Conforme Tanksley e McCouch (1997), a diversidade genética das espécies silvestres foi alterada significativamente ao longo do processo de domesticação, devido à forte pressão de seleção exercida pelo homem. Com o desenvolvimento dos métodos de melhoramento, foram desenvolvidas variedades altamente produtivas e dependentes dessa diversidade.

O desenvolvimento de cultivares é feito principalmente a partir da hibridação entre um grupo de genótipos elites, geneticamente semelhantes (Bertini, 2004). Estudos revelam que os métodos e práticas modernas de melhoramento podem reduzir a diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando a vulnerabilidade ao ataque de pragas, patógenos e estresses ambientais (Clunies-Ross, 1995).

No melhoramento genético de plantas, a divergência genética é fundamental, pois, quando adequadamente explorada, pode reduzir a vulnerabilidade da cultura a doenças e, concomitantemente, acelerar o progresso genético para determinado caráter (Cui *et al.*, 2001).

Com o intuito de selecionar genitores para formação de híbridos ou para formação de novas populações segregantes, estudos de diversidade genética têm sido realizado em diversas culturas. Neles são utilizados caracteres agrônômicos para identificar genótipos divergentes e complementares (Machado *et al.*, 2002;

Carpentieri-Pípolo *et al.*, 2003; Barbieri *et al.*, 2005; Amorim *et al.*, 2007; Arriel *et al.*, 2007; Furat; Uzun, 2010). O uso de genitores divergentes resulta em maior variabilidade da população segregante e, conseqüentemente, maior a probabilidade de rearranjar os alelos em novas combinações favoráveis.

Em alguns estudos, tem sido demonstrado que a diversidade genética da soja domesticada é restrita (Dong *et al.*, 2004). Diversos programas de melhoramento genético contribuíram para o desenvolvimento de cultivares de soja de alta produtividade de grãos e adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas no Brasil.

Em região de expansão, os programas de melhoramento genético seguiram a estratégia de desenvolvimento de linhagens adaptadas às baixas latitudes, por meio da incorporação da característica período juvenil longo (P JL). Contudo, tal estratégia não foi acompanhada de avaliações de aumento ou da redução da diversidade genética da soja cultivada (Alcântara Neto, 2005).

Bonetti (1983) estimou que 70% das cultivares de soja desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, naquela época, descendiam das cultivares americana Hill, Hood ou ambas. Em pesquisas sobre a base genética das cultivares brasileiras, Hiromoto e Vello (1986) relataram que apenas onze ancestrais contribuíram com 89% do conjunto de genes de todo germoplasma brasileiro de soja.

Em pesquisa realizado por Bonato *et al.* (2006), utilizando 100 cultivares de soja lançadas entre os anos 1984 e 1998, os autores observaram valores de coeficiente de parentesco oscilando entre 0 e 1 com média de 0,21. Em estudos com 90 cultivares elites adaptadas a diferentes ambientes brasileiros, Miranda *et al.* (2007) estimaram o coeficiente de parentesco e reportaram que o tamanho efetivo é reduzido (11 e 13) sustentando assim, o alto grau de similaridade de cultivares brasileiras.

Ao avaliar as genealogias de 444 cultivares brasileiras agrupadas por período de lançamento anterior a 1971 até o ano de 2009, Wysmierski (2010) constatou que quatorze parentais contribuíram com mais de 90% da base genética das cultivares brasileiras. O autor comenta, também, que houve um aumento no número de ancestrais com o passar do tempo, mas quatro principais ancestrais foram os mesmo em todos os períodos de lançamento e sua contribuição ficou mais concentrada, passando de 46,60% no período anterior à 1971 para 57,59% para o período de 2001-2009, indicando estreitamento da base genética. Além disso, comenta que a base genética da soja brasileira é bastante similar à da soja americana.

Yamanaka *et al.* (2007) citam que Catelli e colaboradores, em estudos com uso de marcadores moleculares microssatélites, em 437 cultivares comerciais brasileiras lançadas entre 1968 e 2001, verificaram que as cultivares são oriundas de um limitado número de variedades.

Estimativas de variabilidade genética têm destacado que o germoplasma brasileiro provém de base genética restrita, tendo originado de poucas linhagens ancestrais (Priolli *et al.*, 2002, 2004).

O melhor conhecimento da diversidade genética é valioso para a utilização, a conservação e o gerenciamento dos recursos genéticos. Estudos sobre diversidade genética têm sido empregados para identificar combinações híbridas superiores aos progenitores, bem como avaliar a evolução de plantas, identificar conjunto gênico mais amplo e a viabilidade de cruzamentos. Para avaliar a diversidade entre indivíduos, as características fenotípicas têm sido utilizadas em técnicas biométricas multivariadas (Miranda, 1998).

2.4.1 Metodologias para avaliação da diversidade genética

Diversas metodologias multivariadas podem ser empregadas no estudo de divergência genética, entre as quais se podem destacar a análise por componentes principais, as variáveis canônicas e os métodos de agrupamentos. A escolha do método mais adequado tem sido determinada de acordo com os objetivos do pesquisador, pela facilidade de análise e pela forma que os dados foram obtidos (Cruz *et al.*, 2004).

Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro dos subgrupos e heterogeneidade entre eles. Entre estes métodos, os hierárquicos e os de otimização são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas (Cruz, 2007).

As metodologias citadas anteriormente são feitas com base nas medidas de dissimilaridade tais como, distância euclidiana, distância euclidiana média, distância euclidiana média padronizada, distância de *Mahalanobis* e diferentes medidas de similaridade (ponderado, não-ponderado e Smouse e Peakall) para caracteres moleculares (Cruz, 2007).

Estudando a diversidade genética de soja no estado do Tocantins, com base em caracteres agrônômicos, Almeida (2008) observou que os métodos de otimização de Tocher, vizinho mais próximo e dispersão gráfica das variáveis canônicas, foram concordantes entre si na identificação de genótipos divergentes.

Alcântara Neto (2005) realizou caracterização molecular, genealógica e morfológica em 100 acessos de soja de um banco de germoplasma. O autor relatou que a metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA) teve maior consistência no agrupamento dos acessos do que o método de otimização do Tocher, ao comparar as análises morfológica e molecular com a genealógica.

Em estudos de diversidade genética de soja, a metodologia de ligação média entre grupo (UPGMA) tem sido intensivamente utilizada para identificação de grupos de genótipos mais similares.

Pode-se também, em estudos de diversidade genética, aplicar em dados referentes a marcadores moleculares, a análise de variância molecular, sendo as fontes de variação os grupos estabelecidos pelo pesquisador de acordo com objetivo de cada estudo (Cruz, 2007).

Li e Nelson (2001) utilizaram a análise de variância molecular (Amove), cujos grupos foram grupos de maturidade e programas de melhoramento da soja em estudos de diversidade genética com marcadores moleculares

2.4.2 Diversidade com base em caracteres fenotípicos

Em pesquisas sobre a diversidade genética da soja cultivada na China, Dong *et al.* (2004) utilizaram características fenotípicas qualitativas e quantitativas. Os autores relataram que foi possível identificar maior diversidade genética em determinadas localizações geográficas.

Almeida (2008) relatou que os caracteres que mais contribuíram para divergência genética entre genótipos de soja foram número de dias para maturação, peso de 100 sementes e número de dias para o florescimento, contribuindo com 39,49%, 26,56% e 13,59%, respectivamente.

Em pesquisas com cultivares chinesa e norte-americana, Cui *et al.* (2001) avaliaram 25 características fenotípicas entre caracteres bioquímicos, morfológicos e agrônômicos em genótipos que foram cultivados em câmaras de crescimento. Os

autores relataram que o agrupamento com base nas características avaliadas foram concordantes com análise genealógica realizadas anteriormente.

2.4.3 Diversidade com base em marcadores moleculares

Com o advento dos marcadores moleculares, tornou-se possível a avaliação da diversidade genética com base nas diferenças existentes no ácido desoxirribonucléico (DNA). Existem diversos tipos de marcadores, entre os quais se podem citar os marcadores microssatélites.

Os marcadores moleculares microssatélites são sequências de um a seis pares de bases repetidas e adjacentes distribuídas no genoma. Esses marcadores são altamente polimórficos, multialélicos. Os alelos são diferenciados pelo número diferente de repetições em *tandem* provenientes de *crossing over* desigual durante a meiose ou pelo deslizamento da DNA polimerase durante a duplicação da molécula (Pinto *et al.*, 2001).

O polimorfismo dos microssatélites é revelado por PCR (*Polymerase Chain Reaction*) por amplificação do DNA genômico total, utilizando *primers* únicos, constituídos de sequências curtas de nucleotídeos e, portanto, definem o loco microssatélite.

A reação de PCR baseia-se no anelamento e na extensão de um par de oligonucleotídeos (pequenas moléculas de DNA de fita simples) usados como iniciadores que delimitam a sequência de DNA-alvo (fita dupla) de amplificação. As reações de PCR envolvem três etapas: desnaturação, anelamento e extensão. Na primeira etapa, a temperatura é elevada entre 92-95 °C para desnaturação da fita dupla de DNA. Com as fitas de DNA separadas, a temperatura é reduzida a 35-60 °C, e os *primers* (*forward* e *reverse*) anelam-se, em cada uma das fitas de DNA em suas respectivas sequências complementares que flanqueiam a região alvo. Posteriormente, a temperatura é elevada a 72 °C (ótima para atividade da Taqpolimerase) para extensão do *primer*, utilizando o DNA como molde (CAIXETA *et al.*, 2006).

De acordo com Yamanaka *et al.* (2007) informações sobre diversidade genética de soja com base em marcadores moleculares contribuem para o entendimento das limitações inerentes à base genética de materiais de programas de melhoramento. Diversos tipos de estudos têm usado marcadores moleculares na

determinação da diversidade genética de germoplasma de soja (Abe *et al.*, 2003; Ude *et al.*, 2003; Yamanaka *et al.*, 2007).

Segundo Alcântara Neto (2001), entre os marcadores disponíveis, os microssatélites têm sido considerados adequados, ideais para a caracterização e a avaliação da diversidade genética, pois são multialélicos, co-dominantes, reprodutíveis e amplificados via PCR. Comenta ainda, que a aplicação rotineira desse tipo de marcador requer que a relação benefício/custo seja considerada, entretanto, vários *primers* já foram desenvolvidos e estão disponíveis para análise genética da cultura.

Em pesquisas com 186 cultivares brasileiras morfologicamente similares, Priolli *et al.* (2002) com uso de doze marcadores microssatélites, distinguiram os genótipos. Relatam ainda, que a variação encontrada foi compatível com a genealogia das cultivares

Em pesquisas sobre a relação genética entre cultivares da China, Japão e Brasil, Yamanaka *et al.* (2007) utilizaram doze marcadores microssatélites. Os autores analisaram seus resultados obtendo o índice de diversidade genética e com uso do agrupamento pela metodologia UPGMA e a técnica de componentes principais cujos resultados demonstraram que o pool gênico do Brasil é distinto dos outros países estudados.

Com o intuito de estabelecer uma coleção núcleo a partir de uma coleção de germoplasma da China, Ma *et al.* (2006) utilizaram 50 marcadores microssatélites para identificar diversidade genética para fontes de resistência ao nematóide de cisto. Os autores analisaram os dados com base no índice de conteúdo de informação polimórfica, na similaridade pelo índice de Shannon e agrupamento pelo método da ligação média entre grupo.

Wang *et al.* (2006) avaliaram a diversidade genética em 129 acessos da China amostrados de modo a representar a variabilidade agrônômica e morfológicas de 14 características. Foram amplificados 60 locos SSRs, os quais apresentaram conteúdo de informação polimórfica oscilando entre 0,5 a 0,92 com 0,78 em média.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE, J.; XU, S.H.; SUZUKI, Y.; KANAZAWA A.; SHIMAMOTO, Y. Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. **Theoretical Applied Biotechnology**, v. 106, p. 445-453, 2003.

ALCÂNTARA NETO, F. **Marcadores microssatélites na identificação de cultivares de soja**. 2001. 57p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

ALCÂNTARA NETO, F. **Caracterização genético-molecular de um banco ativo de germoplasma de soja**. 2005. 75p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

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**. 2009, 59p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal), Universidade Federal do Tocantins, 2008.

AMORIM, E.P.; RAMOS, N.P.; UNGARO, M.R.G.; KIIHL, T.A.M. Divergência genética em genótipos de girassol. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, p. 1637-1644, 2007.

ARRIEL, N.H.C.; DI MAURO, A.O.; ARRIEL, E.F.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; BÁRBARO, I.M.; MUNIZ, F.R.S. Genetic divergence in sesame based on morphological and agronomics traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 7, p. 253-261, 2007.

BÁRBARO, I.M.; CENTURION, M.A.Pda C.; DI MAURO, A.O.D.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; COSTA, M.M.; MUNIZ, F.R.S.; SILVEIRA, G.D.da; SARTI, D.G.P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica**, v. 35, n.2, p. 136-145, 2007.

BARBIERI, R.L.; LEITE, D.L.; CHOER, E.; SINIGAGLIA, C. Divergência genética entre populações de cebola com base em marcadores morfológicos. **Ciência Rural**, v. 35, p. 303-308, 2005.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T. **Luz, umidade e temperatura**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecenas, 2009, p. 17-27.

BERTINI, C.H.C. de M.; TEÓFILO, E.M.; DIAS, F.T.C. Divergência genética entre acessos de feijão-caupi do banco ativo de germoplasma da UFV. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 40, p. 99-105, 2004.

BIZETI, H.S.; CARVALHO, C.G.P.; SOUZA, J.R.; DESTRO, D. Path analysis under multicollinearity in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v.47, n.5, p. 669-676, 2004.

BONATO, A.L.; CALVO, E.S.; GERALDI, I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetic and Molecular Biology**, v. 29, n.4, p. 692-704, 2006.

BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006, 9-78p.

CÂMARA, G. M. S; SEDIYAMA, T.; DOURADO-NETO, D.; BERNARDES, M. S. Influence of photoperiod and air temperature on the growth, flowering, and maturation of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Scientia Agricola**, v.54 (Número especial), p. 149-154, 1997.

CARVALHO, S.P.de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Viçosa:UFV. 1995. 163p.

CARVALHO, C.G.P. et al. Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.34, n.4, p.603-613, 1999.

CARVALHO, C. G. P.; ARIAS, C. A. A.; TOLEDO, J. F. F.; OLIVEIRA, M. F.; VELLO, N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.37, n.3, p.311-320, 2002.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; SILVA, F.A.M.da; SEIFERT, A.L. Popcorn parental selection based on genetic divergence. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, p. 261-268, 2003.

COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F.; CARVALHO, F.I.F.; COIMBRA, S.M.M.; MARCHIORO, V.S. Análise de trilha I: análise do rendimento de grãos e seus componentes. **Ciência Rural**, v. 29, p. 213-218, 1999.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Décimo Segundo Levantamento da Safra de Grãos**. Disponível em: <<http://WWW.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/7e055115f822082610088f5a2376c6af.pdf>>Aceso em: 18 de setembro de 2010.

CORREIA, J.R.; COSTA, L.M.; NEVES, J.C.L.; CRUZ, C.D. Análise de trilha (“path analysis”) no estudo do relacionamento entre características físicas e químicas do solo e a produtividade do eucalypto. **Revista Árvore**, v. 20, p. 161-169, 1996.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético II**. Viçosa: UFV, 2004, 480p

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Aplicativo computacional em genética e estatística**. Versão Windows – 2007, Viçosa, UFV.

CLUNIES-ROSS, T. Mangolds, manure and mixtures: the importance of crop diversity on British farms. **Ecologist**, v.25, p.181-187, 1995.

CUI, Z.; CARTER JR, T.E.; BURTON, J.W.; WELLS, R. Phenotypic diversity of modern chinese and north american soybean cultivars. **Crop Science**, v.41, p.1954-1967, 2001.

DAHER, R.R.; PEREIRA, A.V.; PEREIRA, M.G.; LÉDO, F.J.da; AMARAL JUNIOR, A.T.; ROCAABADO, J.M.; FERREIRA, C.F.; TARDIN, F.D. Análise de trilha de caracteres forrageiros do capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Ciência Rural**, v. 34, p. 1531-1535, 2004.

DEWEY, D.R.; LU, K.H. Acorrelation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. **Agronomy Journal**, v. 51, p. 515-518, 1959.

DONG, Y.S.; ZHAO, L.M.; LIU, B.; WANG, Z.W. The genetic diversity of cultivated soybean grown in China. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 108, p. 931-936, 2004.

EMBRAPA, 2008. **Sistemas de produção 13: Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2009 e 2010**. Londrina: EMBRAPA SOJA, EMBRAPA CERRADOS, EMBRAPA AGROPECUÁRIA OESTE. 2008. 262p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva MA. & Silva JC. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa, Imprensa Universitária, 1987. 279p. (Original em inglês).

FU, Y.; PETERSON, G.W.; MORRISON, M.J. Genetic diversity of Canadian soybean cultivars and exotic germplasm revealed by simple sequence repeat markers. **Crop Science**, v. 47, p. 1947-1954, 2007.

FURAT, S.; UZUN, B. The use of agro-morphological characters for the assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.). **Plant Omic Journal**, v.3, p. 85-91, 2010.

FURTADO, M.R. CRUZ, C.D.; CARDOSO, A.A.; COELHO, A.D.F.; PETERNELLI, L.A. Análise de trilha do rendimento do feijoeiro e seus componentes primários em monocultivo e em consórcio com a cultura do milho. **Ciência Rural**. V.32, p. 217-220, 2002.

GARNER, W. W.; ALLARD, H. A. Effect of relative length of day and night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. **Journal of Agricultural Research**, Washington, v. 18, p. 553-606, 1920.

GIZLICE, Z., CARTER JUNIOR, T.E., BURTON, J.W. Genetic diversity in North American soybean: Multivariate analysis of founding stock and relation to coefficient of parentage. **Crop Science**. v.33, p.614-617, 1993.

GOMES, C.N.; CARVALHO, S.P.; JESUS, A.M.S.; CUSTÓDIO, T.N. Caracterização morfoagronômica e coeficientes de trilha de caracteres componentes da produção em mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, p. 112-1130, 2007.

HEIKO, R. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80p. Dissertação (Mestrado em

Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2001.

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

IQBAL, S.; MAHMOOD, T.; MUHAMMAD, T.A.; MUHAMMAD, A.; MUHAMMAD, S. Path coefficient analysis in different genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Pakistan Journal of Biological Science**, v. 12, p. 1085-1087, 2003.

KARP, A.; SEBERG, O.; BUIATTI, M. Molecular techniques in the assessment of botanical diversity. **Annals of Botany**, v.78, n.2., p. 143-149, 1996.

LI, C.C. **Path analysis** – a primer. Boxwood: Pacific Grove, 1975, 346p.

LI, Z.; NELSON, R. Genetic diversity among soybean accessions from three countries measured by RAPDs. **Crop Science**, v.41, p. 1337-1347, 2001.

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; MOURA, R. M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agricola**, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MA, Y.S.; WANG, W.H.; MA, F.M.; WANG, P.W.; CHANG, R.Z.; QIU, L.J. Genetic diversity soybean and the establishment of core collection focused on resistance to soybean cyst nematode. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 48, n.6, p. 722-731, 2006.

MACHADO, C.de F.; NUNES, G.H. de S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. **Ciência Rural**, v. 32, p. 251-258, 2002.

MARCOS FILHO, J. **Produção de sementes de soja**. Campinas: Fundação Cargill, 1986, 86p.

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

MIRANDA, Z,F,S,; ARIAS, C,A,A,; PRETE, C,E,C,; KIIHL, R,A,S,; ALMEIDA, L,A,; TOLEDO, J,F,F,; DESTRO, D, Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n,3, p,363-369, 2007,

MIROSLAV, B.; MIROSLAV, JANA. R.; MIROSLAV, V.; MIROSLAV, P.. Evaluation of genética diversity 19 *Glycine max* (L.) Merr. Accessions included in Czech National Collection of Soybean Genotypes. **Czech J. Genet. Plant Breed.** v. 38, n.2, 69-74, 2002.

NARVEL, J.M.; FEHR, W.R.; CHU, W.S. GRANT, D.; SHOEMAKER, R.C. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions an elite genotypes. **Crop Science**, v. 40, p. 1452-1458, 2000.

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T.; BARROS, TEIXEIRA, R.C. **Morfologia, crescimento e desenvolvimento**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.) Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecenasa, 2009, p. 7-16.

ODA, M.C. **Adaptabilidade de produção e análise molecular, genealógica e morfológica de cultivares de soja**. 2007. 76f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2007.

WYSMIERSKI, P.T. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileira**. 2010. 99p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas). Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2010.

PINTO, L.R.; VIEIRA, M.L.C.; SOUZA, A.P.; SOUZA JUNIOR, C.L. Isoenzima e microssatélites em plantas. **Biotecnologia, Ciência e Desenvolvimento**. n.20, p. 16-19, 2001.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; ARANTES, N.E.; CONTEL, E.P.B. Characterization of brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 2, p. 185-193, 2002.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; SOUSA, S.M.B.; SOUSA, N.E.A.; CONTEL, E.P.B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

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

SANTOS, R.C.; CARVALHO, L.P.; SANTOS, V.F. Análise de coeficiente de trilha para os componentes de produção em amendoim. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 24, p. 13-16, 2000.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. **Cultura da Soja – I Parte**. 3ª Reimpressão. Viçosa: UFV, 1996, 96p.

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

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

SINCLAIR, T. R. Limits to crop yield? In: BOOTE, K. J. (ed). **Physiology and determination of crop yield**. Madison : American Society of Agronomy/Crop Science Society of America/Soil Science Society of America, p. 509-532, 1994.

TANKSLEY, S.D.; MCCOUCH, S.R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. **Science**, v.277, p. 1063-1066, 1997.

UDE, G.N.; KENWEORTHY, W.J.; COSTA, J.M. CREGAN, P.B.; ALVERNAZ, J. Genetic diversity of soybean cultivars from China, Japan, North America, and North American ancestral lines determined by amplified fragment length polymorphism. **Crop Science**, v.43, p. 1858-1867, 2003.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja.**1999. 228f. Tese (Doutorado em Agronomia - Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1999.

WANG, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L.; CHANG, R.; QIU, L. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. **Crop Science**, v. 46, p.1032-1038, 2006.

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

WRIGH, S. The theory of path coefficients – a replay to Niles criticism. **Genetics**, v. 8, p. 239-255, 1923.

YAMANAKA, N.; SATO, H.; YANG, Z.; XU, D.H.; CATELLI, L.L.; BINNECK, E.; ARIAS, C.A.A.; ABDELNOOR, R.V. Genetic relationships between Chinese, Japanes and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence repeat (SSR) markers. **Genetic and Molecular Biology**, v.30, n.1, p. 85-88, 2007.

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

CAPÍTULO 1

CORRELAÇÕES ENTRE CARACTERES E ANÁLISE DE TRILHA EM SOJA CULTIVADA EM DUAS ÉPOCAS DE SEMEADURA

RESUMO

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, Janeiro de 2011. **Correlações entre caracteres e análise de trilha em soja cultivada em duas épocas de semeadura**. Orientador: Tuneo Sedyama. Co-orientadores: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

O conhecimento das relações existentes entre caracteres, tais como estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção. Todavia, a quantificação e a interpretação da magnitude das correlações não implicam efeitos diretos e indiretos. Nesse contexto, a análise de trilha apresenta-se como uma alternativa viável. Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais de caracteres agronômicos importantes no melhoramento genético da soja; realizar análise de trilha, tendo como caráter principal a produção de grãos; estudar o efeito de época de semeadura sobre as correlações entre caracteres em soja; identificar critérios de seleção indireta para produtividade de grãos. Foram conduzidos dois experimentos em condições de casa de vegetação, semeados em fevereiro e em dezembro de 2007. Os tratamentos foram constituídos de 90 genótipos de soja, adaptados ao Sul, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do País, provenientes de instituições públicas e privadas de melhoramento. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída por três plantas cultivadas em substrato num vaso de 3dm³. Avaliaram-se os caracteres: número de dias para o florescimento e para maturidade; altura da planta no florescimento e na maturidade; número de nós na haste principal; altura primeira vagem; número de vagens por planta; número de vagens com um, dois e três grãos; massa seca da parte aérea; produção de grãos por planta; número médio de grãos por vagem; e o peso de 100 grãos. A análise estatística foi realizada no Programa Genes. As correlações genotípicas tiveram, predominantemente, magnitude superior à das correlações fenotípicas, sendo ambas de mesmo sinal nas duas épocas de semeaduras. Os estudos das correlações fenotípicas, genotípicas e a análise de trilha identificaram o caráter número de vagens por planta, independente da época de semeadura, de maior efeito favorável sobre a produção de grãos. A época de semeadura influenciou a expressão de caracteres agronômicos

e, conseqüentemente, as estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais.

ABSTRACT

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, January 2011. **Correlations between traits and path analysis soybean grown in sowing dates.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

Knowledge of the existing relations between characters, such as those estimated by correlations, has great relevance in plant breeding, since it provides useful information for the breeder in the selection process. However, quantifying and interpreting the range of correlations does not imply in direct or indirect effects. In this context, path analysis becomes a viable alternative. This study evaluated the phenotypic, genotypic and environment correlations of important agricultural traits for soybean genetic breeding; used path analysis with grain production as the principal trait; analyzed the effect of sowing date on the correlations between traits in soybean; and indentified grain yield indirect selection criteria. Two experiments were done in greenhouse, sown in February and December 2007. Treatments consisted of 90 soybean genotypes, adapted to the South, Middle West, North and Northeast of the country, from public and private breeding institutions. The experimental design was randomized blocks with 3 replications. Each experimental unit consisted of 3 plants grown in 3-dm³ containing substratum. The traits number of days to flowering and to maturity; plant height at flowering and at maturity; number of internodes in the main stem; height of first pod insertion; total number of pods per plant; number of pods with one, two and three beans; above ground dry matter; grain production per plant; average number of seeds per pod; and the weight of 100 seeds. The statistical analysis was done in the software Genes. Genotypic correlations were mostly of greater range than the phenotypic ones, and both had the same sign in both sowing dates. The studies of phenotypic and genotypic correlations and path analysis identified the trait total number of pods per plant, independently of sowing date, as the one with the greatest favorable effect on soybean grain yield. The sowing dates affected the expression of agricultural characters and, consequently, the estimates of phenotypic, genotypic and environment correlations.

1. INTRODUÇÃO

A importância da correlação no melhoramento genético reside no fato de ser possível avaliar quantitativamente o quanto a alteração em um caráter pode influenciar os demais caracteres. Normalmente, ao longo do processo de seleção, objetiva-se melhorar um caráter principal, além de manter ou melhorar a expressão de outros caracteres simultaneamente (Lopes *et al.*, 2002). Nesse aspecto, o conhecimento das relações existentes entre caracteres tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção. Com base em estimativas de correlação, é possível praticar a seleção indireta para um caráter principal, caracterizado por baixa herdabilidade e/ou de difícil avaliação, obtendo-se ganhos genéticos mais rápidos em relação ao uso da seleção direta (Cruz *et al.*, 2004).

Sabe-se que a correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental e somente as correlações genotípicas que envolvem uma associação de natureza herdável provocam maior interesse para o melhoramento. Conforme Falconer (1987), a correlação genética tem duas causas, uma devida à pleiotropia, causa principal, e a outra ocasionada pela ligação gênica, causa temporária. O ambiente torna-se causa de correlação quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais.

Embora seja de grande importância o conhecimento das correlações, alguns cuidados devem ser considerados, pois elas não são medidas de causa e efeito; a interpretação direta das suas magnitudes pode resultar em equívocos na estratégia de seleção, pois a correlação alta entre dois caracteres pode ser resultado do efeito, sobre estes, de um terceiro caráter ou de um grupo de caracteres. Nesse caso, o emprego de metodologias específicas, como, por exemplo, a análise de trilha, em que se realiza a decomposição da correlação em efeitos diretos e indiretos, como o proposto inicialmente por Wright (1921, 1923) e detalhada por Li (1975), auxilia no entendimento das reais relações entre os caracteres.

Na cultura da soja, os estudos sobre correlações genotípicas, fenotípicas e de ambiente têm envolvido os caracteres coletados desde o florescimento até a maturação, destacando-se a produtividade e seus componentes e, mais recentemente, envolvendo análises quantitativas e qualitativas de óleo e proteína (Sharma, 1979; Cecon *et al.*, 1993; Akhter; Sneller, 1996; Taware *et al.*, 1997; Wilcox; Shibles, 2001). A análise de trilha tem sido realizada considerando-se como caráter principal

a produtividade de grãos, haja vista que este é um caráter complexo, resultante da interação de diferentes componentes e que está entre os principais objetivos dos programas de melhoramento genético da soja.

Embora seja possível acrescentar níveis de significância estatística para as correlações fenotípica e genotípica, existe uma tendência, entre os melhoristas de plantas, a valorizar mais o sinal (positivo e negativo) e a magnitude dos valores na interpretação aplicada das correlações, sendo comum valorizar as estimativas abaixo de -0,5 e acima de 0,5 (Lopes *et al.*, 2002).

Correlações genotípicas com sinal igual e valores maiores que as fenotípicas têm sido comuns em soja (Moro *et al.*, 1992; Taware *et al.*, 1997). Em estudos com parentais homozigóticos e uma população F₂, Lopes *et al.* (2002) observaram que as correlações genotípicas e fenotípicas foram bastante concordantes nos dois grupos em relação às magnitudes e sinais.

Os caracteres relacionados ao florescimento e à maturidade mostraram-se importantes para o melhoramento da produtividade, com destaque para valor agrônomo, existindo evidências de dificuldades em obter novos genótipos produtivos e precoces (Lopes *et al.*, 2002).

Avaliando caracteres agrônômicos em soja, Pelúzio *et al.* (1997) observaram valores de correlações genotípicas oscilando entre médios a altos entre os caracteres número de dias para maturidade, altura de planta na maturidade e peso de grãos. Yang e Wang (2000), avaliando a correlação entre caracteres agrônômicos encontraram que o peso de 100 sementes teve correlação negativa com o número de sementes e o número de vagens por planta.

Em estudo de correlações, Pandini Vello e Lopes (2003) relataram que o caráter número de vagens por planta demonstrou ter potencial para a seleção indireta de genótipos mais produtivos. Segundo esses autores, os caracteres de importância agrônômica podem estar correlacionados entre si em diferentes magnitudes, podendo assim, a seleção para um caráter trazer reflexos em outros, com interesse ou não para o melhoramento.

Em pesquisas com sete populações de soja cujas gerações eram F₄ e F₅, Bárbaro *et al.* (2007) observaram altas estimativas de correlações entre produtividade de grãos e o número de sementes, recomendando tal caráter para a seleção indireta para produção de grãos.

Estudando doze cultivares de soja cultivadas em campo, Almeida *et al.* (2010) estimaram correlações fenotípicas e genótípicas entre oito caracteres. Conforme os autores, a seleção de plantas cujo florescimento é tardio e com maior altura da primeira vagem seria possível o melhoramento indireto para o caráter produção de grãos.

Khan *et al.* (2000) reportaram o número de vagens por planta, seguido do peso de 100 sementes com efeito direto e positivo sobre a produção de grãos. Por outro lado, salientaram que o efeito indireto de número de vagens por planta via altura da planta, altura da primeira vagem e número de grãos por vagem foi negativo para produção de grão. Iqbal *et al.* (2003) verificaram que o número de vagens por planta teve o máximo efeito direto positivo sobre a produção de soja, seguido do peso de 100 grãos e número de grãos por vagem.

Carvalho *et al.* (2002) realizaram estudos de correlações e análise de trilha em linhas puras F₉ e F₁₀ provenientes de quatro cruzamento distintos. Os autores avaliaram a multicolinearidade entre os caracteres independentes para proceder a análise de trilha, adotando-se como critério o número de condição conforme relatado anteriormente. Os resultados da pesquisa evidenciaram que o número de dias para maturidade e altura da planta no florescimento individualmente ou a combinação do número de dias para maturidade, altura de planta no florescimento e o número de nós podem auxiliar na seleção quanto à produtividade.

Avaliando nove genótipos de soja cultivados sob condição de casa de vegetação, Bizeti *et al.* (2004) desdobraram as correlações fenotípicas em efeitos diretos e indiretos de várias características sobre a variável principal produção de grãos e, ainda, compararam métodos alternativos para atenuar o efeito da multicolinearidade. Os autores observaram que o tamanho da semente não foi importante para aumento da produção, ao passo que, número de nós e altura da planta apresentaram correlações significativas com a produção de grãos. Verificaram também, que a eliminação de variáveis (número de vagens por planta, largura da vagem, número de grãos por vagem, comprimento da vagem e peso de 100 grãos) foi eficiente em reduzir os efeitos diversos de multicolinearidade.

Avaliando 40 genótipos de soja em condições de campo, Showkat e Tyagi (2010) estimaram correlações e análise de trilha. Os autores verificaram que o índice de colheita foi o principal efeito direto e indireto sobre a produtividade de grãos.

Os objetivos deste estudo foram avaliar as correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais de caracteres agronômicos importantes no melhoramento genético da soja; realizar análise de trilha tendo como caráter principal a produção de grãos; identificar critérios de seleção indireta para produtividade de grãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Instalação dos experimentos

O trabalho foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja, do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, localizado no Campus Universitário, no município de Viçosa, Estado de Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 20°45'S e 42°51'W.

Foram realizados dois experimentos, em duas épocas de semeadura; o primeiro foi semeado em 08/02/2007 e o segundo, em 20/12/2007. Os tratamentos foram constituídos de 90 genótipos de soja, conforme consta na Tabela 1, que foram escolhidos de modo a representar linhagens e cultivares adaptadas a diferentes regiões.

Os experimentos foram instalados em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída por um vaso de aproximadamente três dm³ cultivado com três plantas.

Os vasos de plásticos foram preenchidos com substrato (2/3 solo com 1/3 de esterco bovino curtido). Todos os tratamentos receberam adubação de plantio com N (20 kg.ha⁻¹), P₂O₅ (200 kg.ha⁻¹), e K₂O (100 kg.ha⁻¹). Os adubos foram misturados uniformemente ao substrato, para evitar contato direto com a semente. Os vasos foram colocados sobre bancadas de 1,0 m de largura, 4 m de comprimento e 0,6 m de altura, sendo colocados em cada bancada 30 vasos, distribuídos em três fileiras de dez. No dia anterior à semeadura foi realizada uma irrigação nos vasos, para facilitar a abertura de covas. Foram feitas seis covas em cada vaso, na profundidade de 3cm, e em cada uma foi semeada uma semente. Após a emergência, foi feito o desbaste e realizada a padronização das plantas, deixando três plantas por vaso.

Tabela 1. Relação dos genótipos estudados

| Genótipos | Genótipos | Genótipos |
|-----------------------------|-----------------------|-----------------------|
| 01 - A 7002 | 31 - CD 215 | 61 - M-SOY 9001 |
| 02 - A 7003 | 32 - CD 221 | 62 - M-SOY 9056 RR* |
| 03 - A 7004 | 33 - CD 222 | 63 - M-SOY 9350 |
| 04 - A 7006 | 34 - BRS GO Caiapônia | 64 - BRSGO Mineiros |
| 05 - Ágata | 35 - BRS GO Chapadões | 65 - Fundacep Missões |
| 06 - Ametista | 36 - FMT Cachara | 66 - NK 412 113 |
| 07 - B193HPFRP ⁺ | 37 - Fundacep 38 | 67 - Ônix-1 |
| 08 - B193HPFBM ⁺ | 38 - FT-Cristalina | 68 - Ônix-2 |
| 09 - BRS 213 | 39 - Granada | 69 - BRS Pirarara |
| 10 - BRS 214 | 40 - IAC-100 | 70 - BRSM T Pintado |
| 11 - BRS 215 | 41 - UFUS Impacta | 71 - P98C21 |
| 12 - BRS 216 | 42 - BRSGO Ipameri | 72 - P98C81 |
| 13 - BRS 230 | 43 - BRSGO Indiará | 73 - P98N31 |
| 14 - BRS 232 | 44 - M-SOY 108 | 74 - P98N71 |
| 15 - BRS 239 | 45 - M-SOY 5942 | 75 - P98N82 |
| 16 - BRS 240 | 46 - M-SOY 6101 | 76 - P99R01* |
| 17 - BRS 243 RR* | 47 - M-SOY 7204 | 77 - BRS Raimunda |
| 18 - BRS 244 RR* | 48 - M-SOY 7373 | 78 - FMT Saara |
| 19 - BRS 246 RR* | 49 - M-SOY 7501 | 79 - BRS Sambaíba |
| 20 - BRS 255 RR* | 50 - M-SOY 7575 RR* | 80 - BRS Silvânia RR* |
| 21 - BRS 256 RR* | 51 - M-SOY 7894 | 81 - FMT Tabarana |
| 22 - BRS 257 | 52 - M-SOY 7900 | 82 - BRS Tianá RR |
| 23 - BRS Diferente (263) | 53 - M-SOY 8000 | 83 - BRS Tracajá |
| 24 - BRS Baliza RR* | 54 - M-SOY 8008 RR* | 84 - TMG-103 RR* |
| 25 - BRS Barreiras | 55 - M-SOY 8336 RR* | 85 - BRSM T Uirapuru |
| 26 - BRS Candeia | 56 - M-SOY 8527 RR* | 86 - BRS Valiosa RR* |
| 27 - BRS Carnaúba | 57 - M-SOY 8866 | 87 - Safira |
| 28 - CD 204 | 58 - M-SOY 8787 RR* | 88 - UFUS Riqueza |
| 39 - CD 205 | 59 - M-SOY 8925 RR* | 89 - Turmalina |
| 30 - CD 210 | 60 - M-SOY 8998 | 90 - Tópazio SM |

⁺ Linhagem; * Cultivar transgênica.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Derosal 500 SC, na dose recomendada para a cultura, e posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*. No período de condução do experimento, foram realizadas irrigações de acordo com a necessidade, mantendo-se os vasos livres de plantas daninhas. Periodicamente, efetuou-se escarificação superficial do solo, objetivando seu melhor arejamento.

Adubações de coberturas e controle de pragas e doenças foram realizadas de acordo com a necessidade da cultura. Quando necessário, as plantas foram tutoradas, utilizando um tutor (bambu) por planta.

Em cada parcela, durante o crescimento e desenvolvimento das plantas e, também após a colheita foram realizadas as seguintes avaliações:

a) Número de dias para o florescimento (NDF): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a emergência e o florescimento (estágio R1);

b) Número de dias para maturidade (NDM): período que corresponde ao número de dias decorridos desde a emergência até a data em que 95% das vagens apresentaram-se maduras (estágio R8);

c) Altura da planta no florescimento (APF, cm): medida da superfície do solo até o último nó na haste principal);

d) Altura da planta na maturidade (APM, cm): medida da superfície do solo até o último nó da haste principal;

e) Número de nós na haste principal na maturidade (NNM): foram contados todos os nós visíveis na haste principal.

f) Altura da primeira vagem (APV, cm): distância a partir da superfície do solo até a primeira vagem.

g) Número de vagens por planta (NVP): posterior a colheita foram contados todas as vagens em cada planta.

h) Número médio de grãos por vagem (NGV): foi obtido, dividindo-se o número total de grãos pelo número total de vagens;

i) Peso da matéria seca da parte aérea (peso da matéria seca das vagens + peso da matéria seca da haste sem folhas, g);

j) Peso médio do grão: obtido pela razão entre o peso da matéria seca da semente por planta e o número total de grãos de cada planta. Posteriormente, obteve-se o peso de 100 grãos (PCG);

l) Produção de grãos por planta (PG, g): após a debulha das vagens, por meio da pesagem das sementes de cada parcela.

m) Índice de colheita: obtido pela razão entre o peso da matéria seca dos grãos e o peso da matéria seca da parte aérea.

Os estádios de desenvolvimento foram identificados de acordo com a escala de Fehr e Caviness (1977).

As análises estatísticas foram realizadas no Programa Genes (CRUZ, 2006). Inicialmente, procedeu-se à análise de variância individual em cada época de semeadura e, posteriormente a análise conjunta adotando o modelo:

$$Y_{ij} = \mu + B/A + G_i + A_j + G \times A_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

μ - média geral;

B_k/A_j - efeito do bloco k dentro da época de semeadura j;

G_i - efeito do i-ésimo genótipo;

A_j - efeito da j-ésima época de semeadura;

$G \times A_{ij}$ - efeito da interação do i-ésimo genótipo com j-ésima época de semeadura; e

ε_{ijk} - erro aleatório

No modelo estatístico da análise conjunta, foram considerados fixos os efeitos de genótipos e épocas de semeadura. Verificou-se a existência de homogeneidade das variâncias residuais obtidas nas análises individuais, pela razão entre o maior e o menor quadrado médio residual, adotando-se como critério o valor 7, de acordo com Pimentel-Gomes (2000).

Quando a interação foi significativa, realizou-se sua decomposição, estimando a porcentagem da parte simples, segundo metodologia de Cruz e Castoldi (1991).

Foram estimadas as correlações fenotípicas e genotípicas para um mesmo caráter entre os pares de ambientes pelas seguintes expressões:

$$r_f = \frac{\text{COV}(Y_{ij}, Y_{ij'})}{\sqrt{\hat{V}(Y_j)\hat{V}(Y_{j'})}}$$

Em que:

$COV(Y_{ij}, Y_{ij'}) =$ covariância fenotípica do caráter X avaliado nas épocas de semeadura j e j';

$\hat{V}(Y_j) =$ variância fenotípica do caráter X na época de semeadura j; e

$\hat{V}(Y_{j'}) =$ variância fenotípica do caráter X na época de semeadura j'.

O coeficiente de correlação genotípico foi estimado utilizando a seguinte expressão:

$$rg = \frac{\hat{\phi}_{g(jj')}}{\hat{\phi}_{g(jj')} + \hat{\phi}_{ga(jj')}}}$$

em que:

$\hat{\phi}_{g(jj')}$ = variabilidade genética do caráter X estimada nos pares épocas de semeadura j e j'; e $\hat{\phi}_{ga(jj')}$ = variabilidade da interação de genótipos e pares de épocas de semeadura.

A significância estatística do coeficiente de correlação fenotípica foi testada pelo teste t, ao nível de 1% e 5% de probabilidade.

Posteriormente foram estimadas as correlações em todos os pares de caracteres para cada ambiente, conforme os seguintes estimadores:

a) Fenotípica:

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

Em que:

rf: estimador da correlação fenotípica;

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

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

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

b) Genotípica:

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

$$\hat{\sigma}_{g(XY)} = \frac{QMG_X - QMR_X}{r}$$

$$\hat{\sigma}_{g(Y)} = \frac{QMG_Y - QMR_Y}{r}$$

Em que:

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

$\hat{\sigma}_{g(X)}$ e $\hat{\sigma}_{g(Y)}$: estimadores dos componentes quadráticos associados a variabilidade genotípica para os caracteres X e Y, respectivamente;

c) Ambiental:

$$r_a = \frac{PMR_{xy}}{\sqrt{QMR_x QMR_y}}$$

Em que:

r_a : estimador da correlação ambiental entre os caracteres X e Y;

PMR_{xy} : produto médio entre os resíduos para o caráter X e Y;

QMR_x : quadrado médio entre os resíduos para o caráter X;

QMG_y : quadrado médio entre os resíduos para o caráter Y;

A significância da correlação fenotípica foi estimada pelo teste t com $(n - 2)$ graus de liberdade, em que n corresponde ao número de genótipos avaliados. A significância das correlações genotípicas e ambientais foi avaliada pelo *bootstrap* com 10.000 simulações.

O modelo matemático que explica a produção de grãos em soja é multiplicativo dado por: Produção de grãos (PG) = número de vagens por planta (NVP) x número de grãos por vagem (NGV) x peso médio de um grão (PM1G). Desse modo, realizou-se a logaritmização do modelo, com intuito de torná-lo aditivo, pois uma das premissas da análise de trilha é a aditividade (SANTOS *et al.*, 1995).

Realizou-se o diagnóstico de multicolinearidade envolvendo as onze variáveis. Na matriz X'X, o grau de multicolinearidade foi estabelecido conforme os critérios sugeridos por Montgomery e Peck (1981), em que os valores do determinante e do número de condição (NC), dado pela razão entre o maior e menor autovalor da matriz. Para identificar os caracteres que contribuíram para o aparecimento da multicolinearidade, analisaram-se os elementos dos autovetores associados aos autovalores, conforme descrito por Belsley *et al.* (1980). As variáveis

que contribuíram para a multicolinearidade moderada a severa foram eliminadas da análise de trilha.

As interpretações dos resultados de trilha foram realizadas conforme Singh e Chaudary (1979) como citado por Vencovsky e Barriga (1992), que consiste em: coeficientes de correlação e efeitos diretos (coeficiente de trilha) altos indicam que essas variáveis explicam grande parte da variável básica; coeficientes de correlação positivos ou negativos mas o coeficiente de trilha é de efeito diferente, variáveis de efeitos indiretos devem ser consideradas simultaneamente para explicação da variável básica

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pela análise de variância conjunta, observaram-se efeitos significativos para interação genótipos x épocas de semeadura para todos os caracteres avaliados, indicando comportamento diferencial dos genótipos nas duas épocas de semeadura.

Predominantemente, verificou-se, pela Tabela 2, que os coeficientes de variação foram de baixa a média magnitude, sendo, na maior parte das vezes, superiores para altura da planta e primeira vagem, número de vagens por planta e produção de grãos em ambas as épocas de semeadura.

A situação mais favorável foi verificada na semeadura de dezembro, cujas médias foram predominantemente superiores, exceto para os caracteres altura de planta e altura da primeira vagem. Considerando que o ciclo vegetativo e total foram maiores em dezembro, seria de se esperar também altura de planta superior, entretanto, isso não ocorreu, pelo fato de uma limpeza realizada no teto da casa de vegetação anterior à semeadura de dezembro, que aumentou a luminosidade dentro da casa de vegetação e, conseqüentemente, menor estiolamento das plantas.

A interação entre genótipos e ambientes (GxA) pode ser constituída por duas partes. A primeira, denominada simples, denota a resposta diferencial dos genótipos aos ambientes, sem que ocorra alteração na classificação dos genótipos. A segunda parte, denominada complexa, é dada pela menor correlação entre o desempenho dos genótipos nos ambientes e é ocasionada pela alteração da ordem da classificação dos genótipos (Cruz *et al.*, 2004).

Com o intuito de analisar melhor a interação, realizou-se sua decomposição em partes simples. Para a maioria dos caracteres, notou-se interação do tipo simples, exceto para os caracteres peso de 100 grãos e número de grãos por vagens, cujas estimativas da decomposição da interação em parte simples foram inferiores a 35% (Tabela 2). Constatou-se também, que os caracteres produção de grãos e o número de vagens por planta, a parte simples da interação ficou no limiar para a classificação de interação entre parte simples e complexa.

Tabela 2. Coeficiente de correlação fenotípica (rf) e genotípica (rg) entre as épocas semeaduras fevereiro e dezembro, decomposição da interação em parte simples, média e coeficiente de variação

| Caráter | rf _{fev.dez} | rg _{fev.dez} | GxA(%) | Média (cm) | | CV (%) | |
|------------|-----------------------|-----------------------|--------|------------|--------|--------|-------|
| | | | | Fev. | Dez. | Fev. | Dez. |
| NDF | 0,89** | 0,91 | 75,60 | 48,39 | 58,05 | 2,88 | 4,78 |
| NDM | 0,80** | 0,83 | 65,44 | 106,47 | 131,87 | 2,51 | 3,31 |
| APF | 0,85** | 0,92 | 60,72 | 74,00 | 66,04 | 19,67 | 15,92 |
| APM | 0,82** | 0,87 | 59,58 | 91,69 | 82,56 | 11,81 | 14,24 |
| NNF | 0,85** | 0,88 | 67,31 | 11,21 | 12,76 | 5,87 | 7,59 |
| NNM | 0,76** | 0,82 | 59,02 | 14,13 | 14,93 | 9,77 | 8,00 |
| APV | 0,86** | 0,94 | 77,59 | 35,33 | 20,23 | 20,18 | 29,19 |
| PG | 0,10 ^{ns} | 0,13 | 50,85 | 4,39 | 11,91 | 16,74 | 10,10 |
| NVP | 0,46** | 0,57 | 53,65 | 14,14 | 28,44 | 17,65 | 10,51 |
| PCG | 0,54** | 0,71 | 34,15 | 14,82 | 18,15 | 8,08 | 9,28 |
| NGV | 0,55* | 0,66 | 33,73 | 2,15 | 2,34 | 6,34 | 4,55 |
| IC | 0,65** | 0,88 | 56,80 | 0,52 | 0,57 | 10,38 | 6,78 |

Fev: semeadura em fevereiro; Dez: semeadura em dezembro; ** e * significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo test t; ns: não significativo. NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade respectivamente; NNF e NNM: número de nós na haste principal no florescimento e maturidade respectivamente; APV: altura da primeira vagem; PG: produção de grãos por planta; NVP: número de vagens por planta; PCS: peso médio de cem grãos; NSV: número de grãos por vagem; IC: índice de colheita.

As estimativas de correlações fenotípicas e genotípicas entre as duas épocas de semeadura foram predominantemente de alta magnitude, acima de 0,7 para maioria dos caracteres (Tabela 2), exceto para produção de grãos e seus componentes primários (número de vagens por planta, peso 100 grãos e número de grãos por vagem).

Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentadas as estimativas de correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais. Na interpretação de correlações, três aspectos devem ser considerados: a magnitude, a direção e a significância. Estimativas de

coeficiente de correlação positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui.

A correlação entre caracteres que pode ser diretamente mensurada é a fenotípica, sendo proveniente de causas genéticas e ambientais (Falconer, 1987; Cruz *et al.*, 2004). Nas duas épocas de semeadura, verificou-se que, predominantemente, as correlações genotípicas foram mais elevadas do que as fenotípicas e de igual sinal, indicando menor influência do ambiente na expressão dos caracteres. Esses resultados são concordantes com os obtidos em outras pesquisas (Tware *et al.*, 1997; Carvalho *et al.*, 2002; Lopes *et al.*, 2002; Pelúzio *et al.*, 2005; Arshad *et al.*, 2006; Almeida *et al.*, 2010; Showkat; Tyagi, 2010).

As maiores correlações fenotípicas e genotípicas de mesmo sinal e significativas foram observadas entre os caracteres número de dias para o florescimento e maturidade (0,917); altura de planta na maturidade e altura da primeira vagem (0,897) na semeadura de fevereiro (Tabela 3). Em dezembro, verificaram-se correlações de mais alta magnitude entre altura de planta no florescimento e maturidade (0,950) e altura de planta no florescimento e altura da primeira vagem (0,918) (Tabela 4). De acordo com Falconer (1987), uma das causas para altas correlações é o pleiotropismo, no qual um mesmo gene influencia na expressão de mais de um caráter. Essa informação é útil no melhoramento de plantas, pois favorece a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, pela seleção em apenas um destes.

As correlações fenotípicas foram significativas e de alta magnitude para o número de dias para o florescimento e maturidade com os caracteres altura de planta e altura de primeira vagem em ambas épocas de semeaduras (Tabelas 3 e 4). Estes resultados discordam dos obtidos por Almeida *et al.* (2010), que não verificaram correlações significativas entre o número de dias florescimento e maturidade com os caracteres altura de planta e altura de primeira vagem.

Tabela 3. Correlações fenotípicas (rf), genotípicas (rg) e ambientais (ra) entre onze caracteres, avaliados em noventa genótipos de soja, cultivados em condições de casa de vegetação, na semeadura de fevereiro de 2007

| Caráter | | NDM | APF | APM | NNM | APV | PG | NVP | PCG | NGV | IC |
|---------|----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|----------------------|---------------------|----------------------|---------------------|----------------------|
| NDF | rf | 0,917** | 0,761** | 0,729** | 0,813** | 0,772** | -0,033 ^{ns} | 0,216 ^{ns} | -0,446** | 0,107 ^{ns} | -0,723** |
| | rg | 0,932 ⁺⁺ | 0,807 ⁺⁺ | 0,751 ⁺⁺ | 0,854 ⁺⁺ | 0,796 ⁺⁺ | -0,022 | 0,271 | -0,477 ⁺⁺ | 0,117 | -0,822 ⁺⁺ |
| | ra | 0,361 | 0,128 | 0,096 | 0,184 | 0,301 | -0,228 | -0,223 | -0,055 | 0,035 | -0,033 |
| NDM | rf | | 0,692** | 0,671** | 0,778** | 0,706** | -0,090 ^{ns} | 0,158 ^{ns} | -0,383 ^{ns} | 0,059 ^{ns} | -0,720** |
| | rg | | 0,742 ⁺⁺ | 0,693 ⁺⁺ | 0,821 ⁺⁺ | 0,732 ⁺⁺ | -0,075 | 0,218 | -0,421 ⁺⁺ | 0,074 | -0,809 ⁺⁺ |
| | ra | | 0,101 | 0,216 | 0,199 | 0,269 | -0,269 | -0,233 | 0,050 | -0,073 | -0,213 |
| APF | rf | | | 0,891** | 0,673** | 0,859** | -0,056 ^{ns} | 0,154 ^{ns} | -0,331 ^{ns} | 0,023 ^{ns} | -0,763** |
| | rg | | | 0,938 ⁺⁺ | 0,741 ⁺⁺ | 0,915 ⁺⁺ | -0,117 | 0,176 | -0,382 | 0,011 | -0,912 ⁺⁺ |
| | ra | | | 0,397 | 0,087 | 0,316 | 0,124 | 0,074 | 0,044 | 0,090 | -0,027 |
| APM | rf | | | | 0,780** | 0,897** | 0,027 ^{ns} | 0,177 ^{ns} | -0,341 ^{ns} | 0,125 ^{ns} | -0,774** |
| | rg | | | | 0,831 ⁺⁺ | 0,927 ⁺⁺ | -0,028 | 0,158 | -0,364 | 0,144 | -0,882 ⁺⁺ |
| | ra | | | | 0,141 | 0,435 | 0,318 | 0,379 | -0,114 | -0,009 | -0,155 |
| NNM | rf | | | | | 0,675** | 0,194 ^{ns} | 0,401** | -0,510 ^{ns} | 0,181 ^{ns} | -0,651** |
| | rg | | | | | 0,731 ⁺⁺ | 0,232 | 0,475 ⁺⁺ | -0,568 ⁺⁺ | 0,188 | -0,756 ⁺⁺ |
| | ra | | | | | 0,056 | 0,133 | 0,105 | -0,049 | 0,145 | -0,108 ⁺ |
| APV | rf | | | | | | -0,181 ^{ns} | 0,058 ^{ns} | -0,331 ^{ns} | 0,017 ^{ns} | -0,786** |
| | rg | | | | | | -0,210 | 0,091 | -0,356 | 0,008 | -0,901 ⁺⁺ |
| | ra | | | | | | -0,164 | -0,119 | -0,110 | 0,092 | -0,155 |
| PG | rf | | | | | | | 0,767** | -0,108 ^{ns} | 0,216 ^{ns} | 0,243** |
| | rg | | | | | | | 0,755 ⁺⁺ | -0,197 | 0,239 | 0,170 |
| | ra | | | | | | | 0,819 ⁺⁺ | 0,136 | 0,188 | 0,420 ⁺⁺ |
| NVP | rf | | | | | | | | -0,580** | 0,001 ^{ns} | -0,018 ^{ns} |
| | rg | | | | | | | | -0,657 ⁺⁺ | 0,056 | -0,057 |
| | ra | | | | | | | | -0,313 | -0,181 | 0,099 |
| PCG | rf | | | | | | | | | -0,367** | 0,331 ^{ns} |
| | rg | | | | | | | | | -0,442 | 0,321 |
| | ra | | | | | | | | | 0,032 | 0,399 |
| NGV | rf | | | | | | | | | | 0,023 ^{ns} |
| | rg | | | | | | | | | | -0,031 |
| | ra | | | | | | | | | | 0,232 |

** : significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t; ns: não significativo. ++: significativos a 1% pelo método de bootstrap com 10 mil simulações. NDF e NDM: número de dias para florescimento e maturidade respectivamente; APF e APM: altura da planta no florescimento e maturidade respectivamente; NNF e NNM: número de nós na haste principal no florescimento e maturidade respectivamente; APV: altura da primeira vagem; PG: produção de grãos por planta; NVP: número de vagens por planta; PCG: peso médio de cem grãos; NGV: número de grãos por vagem; IC: índice de colheita.

Tabela 4. Correlações fenotípicas (rf), genotípicas (rg) e ambientais (ra) entre onze caracteres avaliados em noventa genótipos de soja, cultivados em condições de casa de vegetação, na semeadura de dezembro de 2007

| Caráter | | NDM | APF | APM | NNM | APV | PG | NVP | PCG | NGV | IC |
|---------|----|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|---------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
| NDF | rf | 0,862** | 0,815** | 0,776** | 0,837** | 0,774** | 0,647** | 0,655** | -0,073 ^{ns} | -0,107 ^{ns} | -0,634** |
| | rg | 0,881 ⁺⁺ | 0,834 ⁺⁺ | 0,793 ⁺⁺ | 0,849 ⁺⁺ | 0,823 ⁺⁺ | 0,688 ⁺⁺ | 0,687 ⁺⁺ | -0,096 | -0,099 | -0,758 ⁺⁺ |
| | ra | 0,421 ⁺⁺ | 0,400 | 0,385 | 0,509 | 0,247 | 0,054 | 0,148 | 0,041 | -0,260 | -0,127 |
| NDM | rf | | 0,657** | 0,646** | 0,734** | 0,649** | 0,587** | 0,624** | -0,154 ^{ns} | -0,059 ^{ns} | -0,592** |
| | rg | | 0,681 ⁺⁺ | 0,675 ⁺⁺ | 0,764 ⁺⁺ | 0,704 ⁺⁺ | 0,636 ⁺⁺ | 0,657 ⁺⁺ | -0,181 | -0,039 | -0,700 ⁺⁺ |
| | ra | | 0,211 | 0,100 | 0,092 | 0,087 | -0,027 | 0,176 | -0,078 | -0,279 | -0,191 |
| APF | rf | | | 0,950** | 0,775** | 0,918** | 0,646** | 0,654** | 0,012 ^{ns} | -0,206 ^{ns} | -0,638** |
| | rg | | | 0,955 ⁺⁺ | 0,789 ⁺⁺ | 0,947 ⁺⁺ | 0,695 ⁺⁺ | 0,701 ⁺⁺ | -0,009 | -0,212 | -0,742 ⁺⁺ |
| | ra | | | 0,849 ⁺⁺ | 0,491 | 0,680 ⁺⁺ | 0,073 | 0,033 | 0,134 | -0,174 | -0,287 |
| APM | rf | | | | 0,870** | 0,898** | 0,646** | 0,618** | 0,018 ^{ns} | -0,099 ^{ns} | -0,638** |
| | rg | | | | 0,879 ⁺⁺ | 0,928 ⁺⁺ | 0,689 ⁺⁺ | 0,662 ⁺⁺ | 0,002 | -0,109 | -0,748 ⁺⁺ |
| | ra | | | | 0,677 ⁺⁺ | 0,654 ⁺⁺ | 0,126 | 0,020 | 0,126 | -0,012 | -0,246 |
| NNM | rf | | | | | 0,762** | 0,639** | 0,645** | -0,131 ^{ns} | -0,001 ^{ns} | -0,635** |
| | rg | | | | | 0,798 ⁺⁺ | 0,675 ⁺⁺ | 0,684 ⁺⁺ | -0,187 ⁺⁺ | 0,000 | -0,767 ⁺⁺ |
| | ra | | | | | 0,428 | 0,181 | 0,052 | 0,157 | -0,015 | -0,083 |
| APV | rf | | | | | | 0,579** | 0,593** | -0,008 ^{ns} | -0,186 ^{ns} | -0,570** |
| | rg | | | | | | 0,669 ⁺⁺ | 0,687 ⁺⁺ | -0,026 | -0,224 | -0,672 ⁺⁺ |
| | ra | | | | | | -0,136 | -0,214 | 0,058 | 0,053 | -0,238 |
| PG | rf | | | | | | | 0,853** | 0,103 ^{ns} | -0,014 ^{ns} | -0,405** |
| | rg | | | | | | | 0,887 ⁺⁺ | 0,021 | -0,014 | -0,613 ⁺⁺ |
| | ra | | | | | | | 0,521 | 0,472 | -0,010 | 0,453 |
| NVP | rf | | | | | | | | -0,288** | -0,274** | -0,441** |
| | rg | | | | | | | | -0,289 | -0,265 | -0,549 |
| | ra | | | | | | | | -0,370 | -0,353 | -0,023 |
| PCG | rf | | | | | | | | | -0,196 ^{ns} | 0,222* |
| | rg | | | | | | | | | -0,225 | 0,114 |
| | ra | | | | | | | | | -0,120 | 0,449 |
| NGV | rf | | | | | | | | | | -0,013 ^{ns} |
| | rg | | | | | | | | | | -0,046 |
| | ra | | | | | | | | | | 0,107 |

** e * : Significativo ao nível de 1% e 5% de probabilidade pelo test t respectivamente; ns: não significativo. **: significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo test t; ns: não significativo. ++: significativos a 1% pelo método de bootstrap com 10 mil simulações. NDF e NDM: número de dias para florescimento maturidade respectivamente; APF e APF: altura da planta no florescimento e maturidade respectivamente; NNF e NNM: número de nós na haste principal no florescimento e maturidade respectivamente; APV: altura da primeira vagem; PG: produção de grãos por planta; NVP: número de vagens por planta; PCG: peso médio de cem grãos; NGV: número de grãos por vagem; IC: índice de colheita.

Ao analisar as correlações entre número de dias para florescimento e maturidade, altura de planta no florescimento e maturidade com o caráter produção de grãos e também com os componentes de produção, notou-se expressiva alteração no que tange à magnitude e ao sentido entre as duas épocas de semeadura. Para a correlação fenotípica e genotípica entre número de dias para o florescimento e maturidade com número total de vagens, verificou-se baixa magnitude na semeadura fevereiro, ao passo que na semeadura de dezembro essa correlação foi alta e significativa. Estes resultados corroboram com os de Carvalho *et al.* (2002) que mencionam que as magnitudes das correlações entre os mesmos caracteres tiveram alta oscilação de acordo com o ano e época de semeadura.

Uma provável explicação para alteração das correlações entre caracteres em soja em função da época de semeadura, é a interação genótipos x ambientes. Nesse caso, o fator ambiental é atribuído à oscilação do fotoperíodo entre a semeadura de fevereiro e dezembro que influenciou diretamente o comportamento de genótipos de soja, haja vista, que é uma planta de dias curtos (Destro *et al.*, 2001).

O fato da alteração de correlações entre os mesmos caracteres entre épocas de semeadura sugere que a seleção de plantas com base em caracteres de ciclo e/ou planta com produção de grãos somente resultará em algum ganho se for realizada no local e época de semeadura no local de adaptação do genótipo.

As diferenças de sinais, verificadas entre as correlações genotípicas e de ambiente, indicam que as causas de variação genética e ambiental influenciaram os caracteres, por meio de mecanismos fisiológicos distintos (Falconer, 1987). Predominantemente houve concordância entre os sinais das correlações genotípicas e ambientais nas duas épocas de semeadura, todavia as magnitudes foram predominantemente distintas, como, por exemplo, número de dias para maturidade e altura de planta na maturidade em ambas as épocas de semeadura (Tabelas 3 e 4).

As correlações fenotípicas entre o índice de colheita e os demais caracteres foram predominantemente significativas e negativas, contudo de magnitudes inferiores a 0,70. Resultados diferentes foram obtidos por Iqbal *et al.* (2003) e Showkat e Tyagi (2010) que observaram correlações altas e positivas entre índice de colheita e a produção de grãos.

As correlações entre os componentes de produção (NVP, NGV e PCG) e a produção de grãos foram semelhantes nas duas épocas de semeadura. A produção de grãos foi correlacionada positivamente apenas com o número vagens por planta

(0,767) e (0,853) respectivamente, nas sementeiras de fevereiro e dezembro. Pandini Vello e Lopes (2003) demonstraram também, o potencial da seleção indireta para produção de grãos pelo número de vagens por planta.

A correlação entre a produção de grãos com o peso de 100 sementes e número de sementes por vagem foram de baixa magnitude. Resultados semelhantes foram obtidos por Carvalho *et al.* (2002), que comentam que tal fato ocorre possivelmente, pela compensação que a soja frequentemente promove, aumentando ou reduzindo o tamanho da semente em função do número de vagens.

Coefficientes de correlação igual a zero foram verificado entre alguns caracteres (Tabelas 3 e 4), o que não implica falta de relação, apenas expressa a ausência de relação linear entre eles (Cruz *et al.*, 2004).

Para fins de melhoramento é importante identificar entre os caracteres de alta correlação com caráter principal e de maior efeito direto em sentido favorável à seleção, de tal modo que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Cruz *et al.*, 2004). A produtividade de grãos é um caráter complexo e sua expressão depende de outros caracteres, que a influencia direta ou indiretamente.

Anteriormente à análise de trilha, foi avaliada a multicolinearidade pelo número de condição das matrizes de correlações fenotípicas e genotípicas. Na sementeira de fevereiro, a inclusão simultânea de altura de planta no florescimento e maturidade proporcionou efeitos moderados e severos respectivamente nas matrizes de correlações fenotípicas e genotípicas. Desse modo, foi eliminada a variável altura de planta no florescimento do modelo da análise de trilha e, novamente avaliou-se a multicolinearidade, sendo verificado efeitos moderados com a inclusão simultânea do número de dias para florescimento e número de nós no florescimento.

Na sementeira de dezembro, a inclusão concomitante da altura de planta no florescimento e maturidade provocou multicolinearidade severa nas matrizes de correlações fenotípicas e genotípicas. Após a eliminação dessas variáveis da análise, a multicolinearidade moderada foi proporcionada pelo número de dias para florescimento e número de nós no florescimento; altura de planta na maturidade e altura da primeira vagem.

Carvalho *et al.* (2002) em estudos de análises de trilha com linhas puras de soja derivadas de seis cruzamentos distintos cultivadas em quatro épocas de sementeira e dois anos observaram que ao considerar simultaneamente a altura de

planta no florescimento e maturidade em matrizes de correlações genóticas proporcionaram multicolinearidade moderada a forte.

Para atenuar os efeitos da multicolinearidade, realizou-se a eliminação seletiva de caracteres que mais contribuíram para seu aparecimento. Procedimento semelhante foi adotado por Bizeti *et al.* (2004) em estudos de análise de trilha de soja cultivada sob condições de casa de vegetação.

Na Tabela 5 estão apresentados os efeitos diretos e indiretos dos componentes primários sobre a produção de grãos. Os coeficientes de determinação (R^2) no modelo da análise de trilha foram superiores a 0,99 e os efeitos residuais inferiores a 0,05. Assim, o modelo explicativo adotado expressou a relação causa e efeito entre as variáveis primárias e a produção de grãos.

Em ambas as épocas de semeadura, os efeitos diretos genóticos superaram os efeitos diretos fenotípicos (Tabela 5) concordando com as estimativas de correlações (Tabelas 3 e 4).

Os maiores valores dos efeitos diretos fenotípicos e genóticos sobre a produção de grãos foram observados para o número de vagens por planta, seguido do peso de 100 grãos e o número de grãos por vagens nas duas épocas de semeadura (Tabela 5). Resultados semelhantes foram verificados por Iqbal *et al.* (2003) em estudos com dez genótipos de soja cultivados em condições de campo.

A baixa correlação observada entre o número de grãos por vagem e peso de 100 grãos com a produção de grãos ocorreu devido aos efeitos indiretos negativos via número total de vagens, também verificada em estudo de Santos *et al.* (1995).

A situação mais favorável para seleção indireta para genótipos mais produtivos relacionou-se ao caráter número de vagens por planta concordando com os resultados observados em outras pesquisas (Reis *et al.*, 2001; Bárbaro *et al.*, 2006; Mohammand *et al.* 2010).

Com base nos efeitos dos caracteres secundários sobre os primários, é possível identificar caracteres que podem maximizar a resposta correlacionada em um programa de melhoramento genético. Na semeadura de fevereiro (Tabela 6), o valor mais alto do efeito direto foi observado no caráter número de nós na maturidade sobre o número total de vagens, cujo efeito direto fenotípico foi de 0,9248 e genotípico de 1,5871 sobre o número total de vagens na planta, indicando que a seleção indireta sobre o caráter primário seria eficiente. Os demais efeitos

foram predominantemente negativos e/ou inferiores ao efeito residual não sendo portanto indicado a seleção indireta.

Tabela 5. Estimativas dos efeitos diretos, indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres primários NVP, NGV e PCG sobre a produção de grãos em noventa genótipos de soja cultivados em duas épocas de semeadura sob condições de casa de vegetação

| Caracteres | Semeadura fevereiro | | Semeadura dezembro | |
|-------------------------------|---------------------|---------|--------------------|---------|
| | EF | EG | EF | EG |
| Efeito direto de NVP sobre PG | 1,2477 | 1,4037 | 1,084 | 1,0933 |
| Efeito indireto via NGV | -0,4845 | 0,0464 | -0,0998 | -0,0948 |
| Efeito indireto via PCG | 0,0035 | -0,7155 | -0,1171 | -0,0938 |
| Total | 0,7667 | 0,7346 | 0,8672 | 0,9046 |
| Efeito direto NGV sobre PG | 0,5286 | 0,6411 | 0,3483 | 0,3362 |
| Efeito indireto via NVP | 0,0082 | 0,1016 | -0,3105 | -0,3084 |
| Efeito indireto via PCG | -0,3103 | -0,4806 | -0,0891 | -0,0867 |
| Total | 0,2266 | 0,2622 | -0,0513 | -0,0589 |
| Efeito direto PCG sobre PG | 0,8301 | 1,055 | 0,4841 | 0,4033 |
| Efeito indireto via NVP | -0,7281 | -0,952 | -0,2622 | -0,2544 |
| Efeito indireto via NGV | -0,1976 | -0,292 | -0,0641 | -0,0723 |
| Total | -0,0956 | -0,189 | 0,1577 | 0,0766 |
| Efeito residual | 0,0547 | 0,0115 | 0,0380 | 0,0000 |
| R ² | 0,997 | 0,9999 | 0,9986 | 1,0000 |

NVP: número de vagens por planta; NGV: número médio de grãos por vagem; e PCG: peso médio de cem grãos; PG: produção de grãos por planta.

Na semeadura de dezembro, as correlações entre os caracteres secundários e os primários foram superiores a 0,6 com maior efeito direto para número de dias para maturidade (0,3495) (Tabela 7), todavia essa estimativa foi inferior ao efeito residual, evidenciando assim, que a concentração de esforços na seleção indireta com esta variável pode não resultar em ganhos. Para o número grãos por vagem e efeitos diretos e indiretos foram de baixa magnitude. Para o peso de 100 grãos,

observou-se correlação baixa com altura de planta na maturidade (0,0340) e efeito direto (0,5473) também inferior ao efeito residual.

A interpretação dos efeitos dos componentes secundários sobre os componentes primários deve ser realizada de forma cuidadosa, pois os efeitos residuais foram elevados e os coeficientes de determinação de reduzida magnitude. Por outro lado, Bárbaro *et al.* (2006) observaram resultado semelhante em pesquisas em população F5 de soja

Tabela 6. Estimativas dos efeitos diretos, indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres secundários NDM, APM e NNM sobre os primários NVP, NGV e PCG da análise de trilha com noventa genótipos de soja cultivados na semeadura de fevereiro sob condições de casa de vegetação

| Descrição dos efeitos | Componentes primários | | | | | |
|-------------------------|-----------------------|---------|------------------|---------|------------------|---------|
| | NVP ¹ | | NGV ¹ | | PCG ¹ | |
| | E.F. | E.G. | E.F. | E.G. | E.F. | E.G. |
| Efeito direto de NDM | -0,4175 | -0,6078 | -0,2058 | -0,2427 | 0,0030 | 0,1191 |
| Efeito indireto via APM | -0,1709 | -0,4959 | -0,0003 | -0,0183 | 0,0994 | 0,2430 |
| via NNM | 0,7196 | 1,3032 | 0,2657 | 0,3381 | -0,4893 | -0,7862 |
| Total | 0,1312 | 0,1995 | -0,3869 | 0,0771 | 0,0596 | -0,4241 |
| Efeito direto de APM | -0,2547 | -0,7159 | -0,0004 | -0,0265 | 0,1482 | 0,3509 |
| Efeito indireto via NDM | -0,2801 | -0,421 | -0,1381 | -0,1681 | 0,0020 | 0,0825 |
| via NNM | 0,7209 | 1,3195 | 0,2662 | 0,3423 | -0,4902 | -0,7961 |
| Total | 0,1861 | 0,1826 | 0,1277 | 0,1478 | -0,3400 | -0,3627 |
| Efeito direto de NNM | 0,9248 | 1,5871 | 0,3415 | 0,4117 | -0,6288 | -0,9575 |
| Efeito indireto via NDM | -0,3249 | -0,4991 | -0,1602 | -0,1992 | 0,0023 | 0,0978 |
| via APM | -0,1986 | -0,5952 | -0,0003 | -0,022 | 0,1155 | 0,2917 |
| Total | 0,4014 | 0,4928 | 0,1810 | 0,1905 | -0,5110 | -0,5680 |
| Efeito residual | 0,8550 | 0,6855 | 0,9749 | 0,9717 | 0,8545 | 0,7962 |
| R ² | 0,2690 | 0,5301 | 0,2698 | 0,0558 | 0,0495 | 0,3661 |

¹: valores das variáveis transformadas para escala logaritmica. NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NVP: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem; PCS: peso médio de cem grãos; PG: produção de grãos por planta.

Tabela 7. Estimativas dos efeitos diretos, indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres secundários NDM, APM e NNM sobre os primários NVP, NGV e PCG da análise de trilha com noventa genótipos de soja cultivados na semeadura de dezembro sob condições de casa de vegetação

| Descrição dos efeitos | Componentes primários | | | | | |
|-------------------------|-----------------------|--------|------------------|---------|------------------|---------|
| | NVP ¹ | | NGV ¹ | | PCG ¹ | |
| | E.F. | E.G. | E.F. | E.G. | E.F. | E.G. |
| Efeito direto de NDM | 0,3495 | 0,3498 | -0,1205 | -0,0848 | -0,1445 | -0,1229 |
| Efeito indireto via APM | 0,1627 | 0,1892 | -0,2592 | -0,3239 | 0,3536 | 0,5097 |
| via NNM | 0,1260 | 0,1327 | 0,3093 | 0,3598 | -0,3545 | -0,5642 |
| Total | 0,6382 | 0,6717 | -0,0704 | -0,0488 | -0,1454 | -0,1774 |
| Efeito direto de APM | 0,2519 | 0,2802 | -0,4012 | -0,4796 | 0,5473 | 0,7548 |
| Efeito indireto via NDM | 0,2258 | 0,2362 | -0,0778 | -0,0572 | -0,0934 | -0,083 |
| via NNM | 0,1492 | 0,1527 | 0,3664 | 0,414 | -0,4200 | -0,6492 |
| Total | 0,6269 | 0,6691 | -0,1126 | -0,1228 | 0,0340 | 0,0226 |
| Efeito direto de NNM | 0,1716 | 0,1737 | 0,4213 | 0,4709 | -0,4829 | -0,7384 |
| Efeito indireto via NDM | 0,2566 | 0,2672 | -0,0884 | -0,0648 | -0,1061 | -0,0939 |
| via APM | 0,2190 | 0,2463 | -0,3489 | -0,4217 | 0,476 | 0,6636 |
| Total | 0,6472 | 0,6873 | -0,016 | -0,0155 | -0,1130 | -0,1687 |
| Efeito residual | 0,7127 | 0,6769 | 0,9763 | 0,9717 | 0,9517 | 0,9146 |
| R ² | 0,4920 | 0,5418 | 0,0469 | 0,0557 | 0,0942 | 0,1634 |

¹: valores das variáveis transformadas para escala logarítmica. NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NVP: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem; PCG: peso médio de cem grãos; PG: produção de grãos por planta.

Os baixos coeficientes de determinação genotípica verificados nas duas épocas de semeadura (Tabela 6 e 7) indicam a necessidade de inclusão de novos caracteres no diagrama de trilha.

Os efeitos diretos e indiretos fenotípicos e genotípicos via componentes primários sobre a produção de grãos estão apresentados nas Tabelas 8 e 9. Na semeadura de fevereiro, apenas o caráter número de nós na maturidade apresentou

efeito direto positivo e de mais alta magnitude. Bizeti *et al.* (2004) observaram resultados semelhantes em estudos de análise de trilha com nove genótipos de soja.

Na semeadura de dezembro, a situação mais favorável foi verificada para altura de planta na maturidade via número total de vagens ou peso de 100 sementes, pois a correlação foi mais alta magnitude e os efeitos diretos mais elevado.

Tabela 8. Estimativas dos efeitos diretos, indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres secundários sobre a produção de grãos por meio de análise de trilha com noventa genótipos de soja cultivados na semeadura de fevereiro sob condições de casa de vegetação

| Descrição dos efeitos | Componentes primários | | | | | | Total | |
|---------------------------|-----------------------|---------|------------------|---------|------------------|---------|---------|---------|
| | NVP ¹ | | NGV ¹ | | PCG ¹ | | | |
| | EF | EG | EF | EG | EF | EG | EF | EG |
| Ef. direto secundário NDM | -0,5209 | -0,8532 | -0,1088 | -0,1556 | 0,0025 | 0,1256 | -0,6302 | -0,8813 |
| Efeito indireto via APM | -0,2132 | -0,696 | -0,0001 | -0,0117 | 0,0825 | 0,2564 | -0,1339 | -0,4519 |
| via NNM | 0,8978 | 1,8293 | 0,1404 | 0,2168 | -0,4062 | -0,8295 | 0,6386 | 1,2162 |
| Total | 0,1637 | 0,2800 | 0,0315 | 0,0494 | -0,3212 | -0,4474 | -0,1255 | -0,1169 |
| Ef. direto secundário APM | -0,3178 | -1,005 | -0,0002 | -0,017 | 0,123 | 0,3702 | -0,1996 | -0,6524 |
| Efeito indireto via NDM | -0,3495 | -0,5909 | -0,073 | -0,1078 | 0,0017 | 0,087 | -0,4228 | -0,6104 |
| via NNM | 0,8994 | 1,8522 | 0,1407 | 0,2195 | -0,4069 | -0,8399 | 0,6398 | 1,2315 |
| Total | 0,2322 | 0,2563 | 0,0675 | 0,0948 | -0,2822 | -0,3827 | 0,0675 | -0,0313 |
| Ef. direto secundário NNM | 1,1539 | 2,2278 | 0,1805 | 0,264 | -0,522 | -1,0102 | 0,8208 | 1,4812 |
| Efeito indireto via NDM | -0,4053 | -0,7005 | -0,0847 | -0,1277 | 0,0019 | 0,1032 | -0,4904 | -0,7236 |
| via APM | -0,2477 | -0,8355 | -0,0002 | -0,0141 | 0,0959 | 0,3078 | -0,1556 | -0,5424 |
| Total | 0,5008 | 0,6917 | 0,0957 | 0,1221 | -0,4242 | -0,5993 | 0,1748 | 0,2152 |

¹: valores das variáveis transformadas para escala logarítmica. NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NVP: número de vagens por planta; NGV: número de grãos por vagem; PCG: peso médio de cem grãos; PG: produção de grãos por planta.

Tabela 9. Estimativas dos efeitos diretos indiretos fenotípicos (EF) e genotípicos (EG) dos caracteres secundários sobre a produção de grãos por meio de análise de trilha com noventa genótipos de soja cultivados na semeadura de dezembro sob condições de casa de vegetação

| Descrição dos efeitos | Componentes primários | | | | | | Total | |
|---------------------------|-----------------------|--------|------------------|---------|------------------|---------|--------|--------|
| | NVP ¹ | | NGV ¹ | | PCG ¹ | | | |
| | EF | EG | EF | EG | EF | EG | EF | EG |
| Ef. direto secundário NDM | 0,3789 | 0,3824 | -0,042 | -0,0285 | -0,07 | -0,0496 | 0,2658 | 0,3010 |
| Efeito indireto via APM | 0,1764 | 0,2068 | -0,0903 | -0,1089 | 0,1712 | 0,2056 | 0,2611 | 0,3088 |
| via NNM | 0,1365 | 0,1451 | 0,1077 | 0,121 | -0,1716 | -0,2275 | 0,0709 | 0,0361 |
| Total | 0,6918 | 0,7344 | -0,0245 | -0,0164 | -0,0704 | -0,0715 | 0,5978 | 0,6459 |
| Ef. direto secundário APM | 0,273 | 0,3063 | -0,1397 | -0,1612 | 0,2649 | 0,3044 | 0,4042 | 0,4573 |
| Efeito indireto via NDM | 0,2448 | 0,2582 | -0,0271 | -0,0192 | -0,0452 | -0,0335 | 0,1717 | 0,2032 |
| via NNM | 0,1618 | 0,167 | 0,1276 | 0,1392 | -0,2033 | -0,2618 | 0,084 | 0,0416 |
| Total | 0,6796 | 0,7315 | -0,0392 | -0,0413 | 0,0165 | 0,0091 | 0,6599 | 0,7021 |
| Ef. direto secundário NNM | 0,186 | 0,1899 | 0,1468 | 0,1583 | -0,2338 | -0,2978 | 0,0966 | 0,0473 |
| Efeito indireto via NDM | 0,2781 | 0,2922 | -0,0308 | -0,0218 | -0,0513 | -0,0379 | 0,1951 | 0,2300 |
| via APM | 0,2374 | 0,2693 | -0,1215 | -0,1418 | 0,2304 | 0,2676 | 0,3515 | 0,402 |
| Total | 0,7016 | 0,7514 | -0,0056 | -0,0052 | -0,0547 | -0,068 | 0,6432 | 0,6793 |

¹: valores das variáveis transformadas para escala logaritmica. NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; NNM: número de nós na haste principal na maturidade; NVP: número de vagens por planta; NSV: número de grãos por vagem; PCG: peso médio de cem grãos; PG: produção de grãos por planta.

Predominantemente nos resultados com caracteres secundários os coeficientes de determinação bem como os efeitos diretos e/ou indiretos foram de baixa magnitude evidenciando a necessidade da inclusão de novos caracteres no diagrama causal. Conforme comentado anteriormente muitas variáveis foram eliminadas para solucionar os problemas de multicolinearidade. Assim alternativamente pode-se incluir maior número de variáveis na análise de trilha e adotar um sistema de análise de regressão trilha em crista conforme preconizado por Carvalho (1995) para reduzir os efeitos da multicolinearidade.

4. CONCLUSÕES

A época de semeadura influenciou a magnitude das correlações fenotípicas e genotípicas entre a produção de grãos e a maioria dos caracteres agronômicos.

As correlações fenotípicas genotípicas e a análise de trilha indicaram o número total de vagens por planta independente da época de semeadura de maior efeito favorável sobre a produção de grãos em soja.

Os caracteres número de vagens por planta e número de nós na haste principal podem ser úteis na seleção indireta para a produtividade de grãos em soja.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ARSHAD M.; ALI N.; GHAFOR A.B. Character correlation and path coefficient in soybean *Glycine max* (L.) Merrill. **Pakistan Journal Botany** v. 38 n.1 p. 121-130 2006.

AKHTER M.; SNELLER C.H. Yield and yield components of early maturing soybean genotypes in the mid south. **Crop Science** v.36 n.4 p.877-882 1996.

ALMEIDA R.D.de; PELÚZIO J.M.; AFERRI F.S. Correlações fenotípicas genotípicas e ambientais em soja cultivada em condições várzea irrigada sul do Tocantins. **Bioscience Journal** v. 26 p. 95-99 2010.

BÁRBARO I.M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. 2006. 75f. Tese (Doutorado em Agronomia: Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária Universidade Estadual Paulista Jaboticabal 2006.

BÁRBARO I.M.; CENTURION M.A.P.da; DI MAURO A.O.D.; UNÊDA-TREVISOLI S.H.; COSTA M.M.; MUNIZ F.R.S.; SILVEIRA G.D.da; SARTI D.G.P. Variabilidade e correlações entre produtividade de grãos e caracteres agrônômicos de soja com aptidão para cultivo em áreas para reforma de canavial. **Científica** p. 136-145 2007.

BELSLEY D.A.; KUH E.; WELCH R.E. **Regression diagnostics: identifying data and sources of collinearity**. New York: John Wiley e Sons 1980. 292p.

BIZETI H.S.; CARVALHO C.G.P.; SOUZA J.R.; DESTRO D. Path analysis under multicollinearity in soybean. **Brazilian Archives of Biology and Technology** v.47 n.5 p. 669-676 2004.

CARVALHO S.P.de. **Métodos alternativos de estimação de coeficientes de trilha e índices de seleção sob multicolinearidade**. Viçosa:UFV. 1995. 163p.

CARVALHO C. G. P.; ARIAS C. A. A.; TOLEDO J. F. F.; OLIVEIRA M. F.; VELLO N. A. Correlações e análise de trilha em linhagens de soja semeadas em diferentes épocas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v.37 n.3 p. 311-320 2002.

CECON P.R.; MORAIS R.A. ; SEDIYAMA C.S. Obtenção da herdabilidade e das correlações genotípicas fenotípicas e de ambiente nas gerações F2 e F3 em cruzamentos fatoriais em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v.28 p.1399-1406 1993.

CRUZ C.D. **Programa Genes** – Estatística Experimental e Matrizes. Viçosa: Editora UFV. 285p. 2006.

CRUZ C. D. CASTOLDI F. L. Decomposição da interação genótipo x ambiente em parte simples e complexa. **Revista Ceres** v. 38 n. 219 p. 422-430 1991.

CRUZ C.D.; REGAZZI A. J.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. I. 3 ed. Viçosa: Editora UFV 2004 480p.

DESTRO D.; CARPENTIERI-PÍPOLO V.; KIIHL R.A.S.; ALMEIDA L.A. Photoperiodism and genetic control of the long juvenile period in soybean: a review. **Crop Breeding Applied Biotechnology** v. 1 p. 72-92 2001.

FALCONER D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa MG : UFV 1987. 279p.

FEHR W. R. CAVINESS C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University 12p. (Iowa State University. Special Report 80) 1977.

IQBAL S.; MAHMOOD T.; MUHAMMAD T.A.; MUHAMMAD A.; MUHAMMAD S. Path coefficient analysis in different genotypes of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Pakistan Journal of Biological Science** v. 12 p. 1085-1087 2003.

KHAN A.M.; HATAM M.; KHAN A. Heritability and interrelationship among yield determining components of soybean varieties. **Journal of Agricultural Research** v. 116 p.5-8. 2000.

LI C.C. **Path analysis** – a primer. Boxwood: Pacific Grove 1975 346p.

LOPES A.C.A.; VELLO N.A.; PANDINI F.; ROCHA M.M; TSUTSUMI C.Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja **Scientia Agricola** v. 59 n. 2 p. 341-348 2002.

MOHAMMAD S.; BAHMAN A. Sequential path model for grain yield in soybean. **Not. Sci. Bio.** v.2 p. 101-109 2010.

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

MORO G.L.; REIS M.S.; SEDIYAMA C.S.; OLIVEIRA A.B. Correlação entre alguns caracteres agronômicos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres** v.39 p.225-232 1992.

PANDINI F. VELLO N. A.; LOPES A. C. de A Heterose em Soja para Componentes da Produtividade de grãos e caracteres associados. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE MELHORAMENTO DE PLANTAS 2003 Goiânia. **Resumos...** Goiânia: CBMP 2003. p. 758-762.

PELÚZIO J. M.; SANTOS G. R dos; MORELLO C.de L.; ERASMO E. A. L. Correlações entre caracteres agronômicos de soja em Gurupi-To. **Revista Agricultura Tropical** v.3 p. 24-30 1997.

PIMENTEL-GOMES F. P. **Curso de Estatística Experimental**. 14 ed. Piracicaba 2000 477p.

PELÚZIO J. M. ; ALMEIDA R. D. ; FIDELIS R. R. ; ALMEIDA JUNIOR D. ; BRITO E. L. ; FRANCISCO E. R. correlações entre caracteres de soja em Gurupi Tocantins. **Revista Ceres** v. 52 p. 779-786 2005.

REIS E.F.; REIS M.S.; CRUZ C.D.; SEDIYAMA T.; SEDIYAMA C.S. Resposta esperada à seleção correlacionada em uma população F6 de soja. **Revista Ceres** v. 48 p. 169-179 2001.

SHARMA S.K. Note on path-coefficient analysis in the F2 populations of soybean grown at two locations. **Indian Journal of Agricultural Sciences** v.49 p.820-821 1979.

SHOWKAT M.; TYAGI D. Correlation and path analysis of some quantitative traits in soybean (*Glycine max* L. Merrill). **Research Journal of Agricultural Sciences** v. 1 p. 102-106 2010.

SANTOS C.A.F.; REIS M.S.; CRUZ C.D.; SEDIYAMA C.S.; SEDIYAMA T. Adequação de modelos no estudo de coeficiente de trilha nos componentes primários e secundário de progênies F6 de soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Revista Ceres** v. 42 p. 111-121 1995.

TAWARE S.P.; HALVANKAR G.B.; RAUT V.M.; PATIL V.P. Variability correlation and path analysis in soybean hybrids. **Soybean Genetics Newsletter** v.24 p.96-98 1997.

WRIGHT S. Correlation and causation. **Journal of Agricultural Research** Washington v.20 n.7 p.557-585 1921.

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

WILCOX J.R. SHIBLES R.M. Interrelationships among seed quality attributes in soybean. **Crop Science** v. 41 p. 11-14 2001.

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

YANG Q.I.; WANG J.L. Agronomic traits correlative analysis between interespecific and intraespecific soybean crosses. **Soybean Genetic Newsletter** 2000. Disponível em: <http://ww.soygenetic.org/previewIssue.php?issueID=4&archive=1%22>. Acesso em: 18 out.2009.

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA EM SOJA CONVENCIONAL E TRANSGÊNICA COM BASE EM CARACTERES FENOTÍPICOS

RESUMO

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, Janeiro de 2011. **Diversidade genética em soja convencional e transgênica com base em caracteres fenotípicos.** Orientador: Tuneo Sedyama. Co-orientadores: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

Entre os requisitos determinantes para o sucesso do melhoramento genético destaca-se a escolha de genitores. A escolha de parentais torna-se ainda mais importante quando se trata de espécie cuja base genética é estreita, como é o caso da soja, que se originou de poucas linhagens ancestrais. Além disso, o advento da tecnologia RR (*Roundup Ready*), que confere a planta de soja resistência ao herbicida *Glyphosate*. Por isso, diversas instituições públicas e privadas passaram a incorporar o gene RR nas linhagens elites de soja, sendo necessário avaliar a variabilidade genética de tais genótipos. Objetivou-se neste estudo: avaliar a diversidade genética de genótipos de soja convencionais e transgênicos adaptados a diferentes regiões do País; determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja; determinar a melhor época de semeadura de soja para estudo de diversidade genética. Foram conduzidos dois experimentos em condições de casa de vegetação, semeados em fevereiro e dezembro de 2007. Os tratamentos foram constituídos de 90 genótipos soja, sendo cultivares e linhagens, adaptados ao Sul, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do País, provenientes de instituições públicas e privadas de melhoramento. Adotou-se o delineamento de blocos casualizados com 3 repetições. Cada unidade experimental foi constituída por 3 plantas cultivadas em substrato em um vaso de 3 dm³. Avaliaram-se os caracteres: número de dias para o florescimento e para maturidade; altura da planta no florescimento e na maturidade; número de nós na haste principal no florescimento e na maturidade; altura da primeira vagem; número de vagens por planta; número de vagens com um, dois e três grãos por planta; matéria seca da parte aérea, vagens e grãos. No florescimento foi determinada a cor de flor e na maturidade a cor da pubescência. Após a colheita, avaliou-se o brilho do tegumento da semente e a cor do hilo. Com base nos caracteres avaliados, determinaram-se o número médio grãos por vagem e o peso 100 grãos. Os dados de cada experimento foram submetidos à análise estatística univariada e multivariada com auxílio do Programa Genes. Diferenças significativas ao nível de 1 % de probabilidade foram verificadas para todos os caracteres

estudados. Com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) observou-se alta divergência entre os genótipos estudados. Na semeadura de fevereiro, D^2 oscilou de 4,38 a 458,68, ao passo que na semeadura de dezembro tal medida teve menor amplitude, variando de 2,62 a 362,46. Os genótipos mais divergentes foram aqueles com região de adaptação distinta, sendo um superprecoce para a região Sul do País (MSOY-5942) e outro tardio, com ampla adaptação desde o centro-oeste até o Norte do País (BRS Sambaíba). Na semeadura de fevereiro, pelo agrupamento hierárquico da ligação média entre grupo (UPGMA), ao realizar um corte significativo pelo teste de Mojema em cerca de 50% da dissimilaridade, notou-se a constituição de oito grupos, sendo alguns constituídos por apenas um genótipo. O grupo I foi constituído de 43 genótipos, o que corresponde a 47,48% dos genótipos estudados. Esse grupo foi representado por cultivares de soja pertencentes a diferentes empresas de melhoramento genético de soja. Tal fato evidencia a similaridade genética entre cultivares de soja, mesmo entre programas distintos. Observou-se semelhança dos métodos de Tocher e UPGMA na diferenciação dos genótipos. Os genótipos transgênicos foram incluídos em diferentes grupos. Na semeadura de dezembro, os agrupamentos foram concordantes com os de fevereiro, sendo verificados sete e dezesseis grupos formados em UPGMA e Tocher respectivamente. Todavia, por Tocher, verificaram-se mais grupos constituídos por um só genótipo. A correlação entre a matriz de dissimilaridade entre as épocas semeadura foi de alta magnitude e significativa pelo teste de Mantel. Foram necessários três componentes principais para representar pelo menos 80% da variação total. Com base na dispersão gráfica dos escores dos componentes principais foi possível distinguir cinco (fevereiro) e sete (dezembro) grupos distintos. Em fevereiro, o número de dias para o florescimento contribui com 48,7% para dissimilaridade, seguido do caráter altura da planta na maturidade (7,9%). Em dezembro, os caracteres que mais contribuíram foram massa seca da planta (18,45%), produção de grãos (15,87%) e número de dias para florescimento (15,05%). Conclui-se que para os genótipos de soja estudados existe alta divergência genética com base em caracteres agrônômicos; Em torno de 50% dos genótipos estudados constituíram um mesmo grupo e pertencem à região de adaptação no Centro-Oeste; existe diversidade genética entre genótipos de soja transgênicos e convencionais; ambas as épocas de semeadura permitiram determinar a divergência genética de soja para fins de seleção de genitores.

ABSTRACT

NOGUEIRA Ana Paula Oliveira D.Sc. Universidade Federal de Viçosa
January 2011. **Genetic diversity in soybean cultivars conventional and transgenic based on phenotypic traits.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

Among the conditions required for the success of genetic improvement it highlights the parental choice. This parenting choice becomes even more important when it comes to species whose genetic base is narrow as is the case of soybeans which originated from a few ancestral lineages. The advent of Roundup Ready technology (RR) makes soybean plants more resistant to Glyphosate herbicide so that several public and private institutions incorporated RR gene to soy elite breeding lines and it was necessary to evaluate genetic variability of such genotypes. This goals of this study were: (a) to evaluate conventional and transgenic soybean genotype genetic diversity adapted to the different Brazilian regions; (b) to identify the importance of the characters on soybean genetic divergence; (c) to determine the best time for sowing soybean in order to analyze genetic diversity. We made two experiments under vegetation house condition sowed from February to December 2007. Treatments were formed by 90 soybean genotypes cultivars and lines adapted to Brazilian Southm Center-West North and North-East Brazilian regions from public and private improving institutions. We adopted he randomized block design with three replications. Each experimental unit had three plants grown on a substrate in a vase of 3 dm³. One evaluates the following traits: number of days to flowering and maturity; number of nodes on main stem to flowering and maturity; first pod height; number of pods per plant; number of pods with one two and three seeds per plant; dry matter of shoots pods and grains. On flowering we determined flower color and on maturity it was verified the pubescence color. After the harvest we evaluated brightness of the seed coat and hilum color. Based on the traits we determined the average number of grains per pod and 100 grain weight. Data from each experiment were subjected to univariate and multivariate analysis with GENES Program. Significant difference at 1% probability was found for all traits. Mahalanobis general distance (D²) showed high divergence among the genotypes. In February experiment D² ranged from 4.38 to 458.68 while the sowing of such a

measure in December was less extensive ranging from 2.62 to 362.46. The genotypes were those with the most divergent region distinct adaptation with a super early to Southern Brazil (MSOY-5942) and another late broadly adapted from the Midwest to the North Country (BRS Sambaíba). In February experiment by hierarchical clustering of average linkage between groups (UPGMA) to make a significant cut in the test Mojema about 50% of dissimilarity we observed the formation of eight groups with some consisting of only one genotype. Group I had 43 genotypes which represents 47.48% of all the studied ones. This group was represented by soybean cultivars belonging to different companies in soybean breeding. These results demonstrate the genetic similarity between soybean cultivars even among different programs. We observed similarity between Tocher and UPGMA methods to differentiate genotypes. The transgenic genotypes were included in different groups. In December experiment the groups were similar to those of February having been checked seven sixteen focus groups in UPGMA and Tocher respectively. However by Tocher there were more groups consisting of only one genotype. The correlation between the dissimilarity matrix between the sowing times of high magnitude and was significant by Mantel test. It took three principal components to represent at least 80% of total variation. Based on the graphic dispersion of the scores of principal components was possible to distinguish five (February) and seven (December) groups. In February the number of days to flowering contributes to dissimilarity 48.7% followed by plant height at maturity (7.9%). In December the characters that contributed most were plant dry matter (18.45%) grain yield (15.87%) and number of days to flowering (15.05%). We may conclude that there is a great genetic divergence for soybean genotypes based on agronomic characters. Approximately 50% of the studied genotypes formed a group and belong to the same region of adaptation in the Midwest. There is genetic diversity among genotypes of transgenic and conventional soybeans both sowing dates were used to determine the genetic diversity of soybean for the selection of parents.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L. Merrill) originária da China onde é cultivada há milênios como alimento, é hoje considerada a oleaginosa mais cultivada no mundo. O Brasil ocupa posição de destaque no *ranking* dos maiores produtores, contribuindo com 68,69 milhões de toneladas de grãos, produzidos em uma área cultivada de 23,47 milhões de ha com produtividade média de 2918 kg/ha (Conab, 2010).

No Brasil, a soja é cultivada em amplas condições de ambiente, desde altas latitudes (Sul e Sudeste) até as mais baixas (Centro-oeste, Nordeste e Norte). O melhoramento genético da espécie foi uma das principais contribuições que permitiram a expansão da cultura no País, com desenvolvimento de cultivares adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas. Além disso, para atender à crescente demanda por maiores produções, o desenvolvimento de novas cultivares é essencial.

Entre os fatores determinantes para o sucesso do melhoramento genético, destaca-se a escolha de genitores que construirão o bloco de cruzamentos para posterior obtenção de populações segregantes. Os melhoristas podem utilizar estratégias distintas na escolha de parentais, tais como superioridade agronômica, divergência genética, a combinação e o comportamento *per se* dos genitores (Miranda, 1998).

A escolha de parentais torna-se ainda mais importante quando se trata de espécie cuja base genética é estreita, como é o caso da soja brasileira, que se originou de poucas linhagens (Priolli *et al.*, 2004). Hiromoto e Vello (1986) relataram que 74 cultivares recomendadas para o cultivo em 1983/84 eram oriundas de 26 ancestrais, sendo onze genótipos responsáveis por mais de 80% do conjunto gênico. Bonato *et al.* (2006), com base em análises moleculares, demonstraram que o germoplasma brasileiro manteve nível constante de diversidade genética, com média de 0,61 de similaridade, nas últimas três décadas.

Com o advento da tecnologia RR (*Roundup Ready*), que confere à planta de soja resistência ao herbicida *Glyphosate*, diversas instituições públicas e privadas passaram a incorporar o gene RR nas linhagens elite, não sendo, entretanto, realizados estudos de diversidade genética com cultivares transgênicas. Em linhagens elite convencionais e transgênicas adaptadas ao Sul e Norte dos Estados Unidos e provenientes de diferentes instituições públicas e privadas, foi verificado pouco efeito do uso da tecnologia RR sobre a diversidade genética da soja (Sneller, 2003).

A escolha de genitores com base no parentesco entre cultivares é uma alternativa, todavia, nos anos recentes, as empresas não têm disponibilizado as genealogias de suas cultivares. Desse modo, o estudo de diversidade genética apresenta-se como uma boa ferramenta para auxílio ao melhorista na orientação da escolha dos parentais.

Na determinação da diversidade genética de soja tem sido verificado o uso de características morfológicas, agronômicas, bioquímicas, fisiológicas e moleculares (Gizlice *et al.*, 1993a; Gizlice *et al.*, 1993b; Carpentieri-Pípolo *et al.*, 2000; Cui *et al.*, 2001; Bonato *et al.*, 2006; Almeida, 2008; Malik *et al.*, 2009). O uso de informações de diversidade genética advinda de marcadores moleculares é uma opção, no entanto, essa técnica não pode ser usada por todas as instituições envolvidas no melhoramento genético da soja. Além disso, os marcadores moleculares podem não representar a diversidade genética para caracteres importantes no melhoramento genético da soja.

Visando à identificação de parentais de soja para hibridações com base em estudos de diversidade genética, Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000) relataram que, entre as 34 cultivares avaliadas, apenas 2% do total de combinações seriam recomendadas.

Entre as técnicas disponíveis para estudos de divergência genética, as mais empregadas são as medidas de dissimilaridade, métodos de agrupamentos, componentes principais e variáveis canônicas. O conhecimento das dissimilaridades entre genótipos é útil em programas de melhoramento genético, pois propiciam informações acerca do grau de semelhança ou diferença entre dois ou mais genótipos. O emprego de métodos que agrupem os genótipos é uma alternativa para analisar e compreender os dados (Cruz *et al.*, 2004).

Existem diferentes metodologias que permitem agrupar genótipos com base em alguma medida de similaridade ou dissimilaridade. O método de otimização de Tocher adota um critério de que a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo deve ser menor que as distâncias médias entre qualquer outro grupo. Já os métodos hierárquicos, o UPGMA agrupa os genótipos por um processo que se repete em vários níveis até formar um dendrograma (Almeida, 2008; Cruz *et al.*, 2004).

A análise de componentes principais tem sido frequentemente utilizada em estudos de diversidade. Com base nessa técnica, reduz-se um conjunto de variáveis originais em componentes principais, de modo que, a dispersão gráfica dos

componentes principais e pela sua análise visual seja possível a identificação de grupos.

Estudando 34 cultivares em condições de campo, Carpentieri-Pípolo *et al.* (2000) avaliaram doze características agronômicas e analisaram a distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento de Tocher. Com base nessas metodologias, os autores identificaram os cruzamentos mais promissores.

A divergência genética avaliada por técnicas preditivas em parentais utilizando a distância generalizada de Mahalanobis com base em características agronômicas foi considerada semelhante à de progênies provenientes de tais parentais, entretanto, o agrupamento de Tocher não foi coincidente com os agrupamentos gerados pela informação genealógica (Miranda *et al.* 2001).

Em estudos de diversidade com soja no Estado do Tocantins, Almeida (2008) observou que o agrupamento pelo método de otimização de Tocher e o método hierárquico do vizinho mais próximo foram coincidentes na formação dos grupos. O autor relata que o número de dias para maturidade, o peso de 100 sementes e o número de dias para o florescimento contribuíram com 39,49%, 26,56% e 13,59% respectivamente, para a dissimilaridade genética entre cultivares de soja.

O presente trabalho foi realizado com os objetivos de avaliar a diversidade genética de genótipos de soja convencionais e transgênicos adaptados a diferentes regiões de adaptação provenientes instituições públicas e privadas; determinar a importância de caracteres na divergência genética de soja; determinar a melhor época de semeadura de soja para estudo de diversidade genética; e selecionar genitores de soja de ampla diversidade fenotípica para programa de melhoramento.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Instalação dos experimentos

O trabalho foi realizado em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja, do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, localizado no Campus Universitário, no município de Viçosa, Estado de Minas Gerais, cujas coordenadas geográficas são 20°45'S e 42°51'W.

Foram realizados dois experimentos, em duas épocas de semeadura: o primeiro foi semeado em 08/02/2007 e o segundo, em 20/12/2007. Os tratamentos foram constituídos de 90 cultivares de soja, conforme consta na Tabela 1. Os 90 genótipos desse estudo foram escolhidos de modo a representar linhagens e cultivares com diferentes região de adaptação e que foram lançadas e/ou desenvolvidas predominantemente após o ano de 2000.

O experimento foi instalado em delineamento de blocos casualizados com três repetições. Cada unidade experimental foi constituída por um vaso de aproximadamente 3dm³ cultivado com três plantas.

Os vasos de plásticos foram preenchidos com substrato (2/3 solo com 1/3 de resíduos orgânico). Utilizou-se como resíduo orgânico esterco de curral curtido. Todos os tratamentos receberam adubação de plantio com N (20 kg.ha⁻¹), P₂O₅ (200 kg.ha⁻¹), e K₂O (100 kg.ha⁻¹). Os adubos foram misturados uniformemente ao substrato, para evitar contato direto com a semente. Os vasos foram colocados sobre bancadas de 1,0 m de largura, 4 m de comprimento e 0,6 m de altura, sendo colocados em cada bancada 30 vasos, distribuídos em três fileiras de dez vasos.

Um dia anterior à semeadura foi realizada uma irrigação nos vasos, para facilitar a abertura de covas. Foram feitas seis covas em cada vaso, na profundidade de 3 cm, e em cada uma foi semeado uma semente. Após a emergência foi feito o desbaste, realizando padronização das plantas e deixando três plantas por vaso.

Antes da semeadura, as sementes foram tratadas com fungicida Derosal 500, na dose recomendada para a cultura e, posteriormente, realizou-se a inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*. No período de condução do experimento, foram realizadas irrigações de acordo com a necessidade da planta, mantendo-se os vasos livres de plantas daninhas. Periodicamente, efetuou-se escarificação superficial do solo, objetivando seu melhor arejamento. Adubações de coberturas e controle de pragas e doenças foram realizadas de acordo com a necessidade da cultura.

Tabela 1. Relação dos genótipos estudados

| Genótipos | Genótipos | Genótipos |
|-----------------------------|-----------------------|-----------------------|
| 01 - A 7002 | 31 - CD 215 | 61 - M-SOY 9001 |
| 02 - A 7003 | 32 - CD 221 | 62 - M-SOY 9056 RR* |
| 03 - A 7004 | 33 - CD 222 | 63 - M-SOY 9350 |
| 04 - A 7006 | 34 - BRS GO Caiapônia | 64 - BRSGO Mineiros |
| 05 - Ágata | 35 - BRS GO Chapadões | 65 - Fundacep Missões |
| 06 - Ametista | 36 - FMT Cachara | 66 - NK 412 113 |
| 07 - B193HPFRP ⁺ | 37 - Fundacep 38 | 67 - Ônix-1 |
| 08 - B193HPFBM ⁺ | 38 - FT-Cristalina | 68 - Ônix-2 |
| 09 - BRS 213 | 39 - Granada | 69 - BRS Pirarara |
| 10 - BRS 214 | 40 - IAC-100 | 70 - BRSM T Pintado |
| 11 - BRS 215 | 41 - UFUS Impacta | 71 - P98C21 |
| 12 - BRS 216 | 42 - BRSGO Ipameri | 72 - P98C81 |
| 13 - BRS 230 | 43 - BRSGO Indiará | 73 - P98N31 |
| 14 - BRS 232 | 44 - M-SOY 108 | 74 - P98N71 |
| 15 - BRS 239 | 45 - M-SOY 5942 | 75 - P98N82 |
| 16 - BRS 240 | 46 - M-SOY 6101 | 76 - P99R01* |
| 17 - BRS 243 RR* | 47 - M-SOY 7204 | 77 - BRS Raimunda |
| 18 - BRS 244 RR* | 48 - M-SOY 7373 | 78 - FMT Saara |
| 19 - BRS 246 RR* | 49 - M-SOY 7501 | 79 - BRS Sambaíba |
| 20 - BRS 255 RR* | 50 - M-SOY 7575 RR* | 80 - BRS Silvânia RR* |
| 21 - BRS 256 RR* | 51 - M-SOY 7894 | 81 - FMT Tabarana |
| 22 - BRS 257 | 52 - M-SOY 7900 | 82 - BRS Tianá RR |
| 23 - BRS Diferente (263) | 53 - M-SOY 8000 | 83 - BRS Tracajá |
| 24 - BRS Baliza RR* | 54 - M-SOY 8008 RR* | 84 - TMG-103 RR* |
| 25 - BRS Barreiras | 55 - M-SOY 8336 RR* | 85 - BRSM T Uirapuru |
| 26 - BRS Candeia | 56 - M-SOY 8527 RR* | 86 - BRS Valiosa RR* |
| 27 - BRS Carnaúba | 57 - M-SOY 8866 | 87 - Safira |
| 28 - CD 204 | 58 - M-SOY 8787 RR* | 88 - UFUS Riqueza |
| 39 - CD 205 | 59 - M-SOY 8925 RR* | 89 - Turmalina |
| 30 - CD 210 | 60 - M-SOY 8998 | 90 - Tópazio SM |

⁺ Linhagem; * Cultivar transgênica.

Durante o desenvolvimento da planta e posterior à colheita foram avaliados os seguintes caracteres:

I - Multicategóricos

a) Intensidade da pigmentação antociânica no hipocótilo: no estágio V1, foram atribuídas notas de 1 a 5, sendo 1 hipocótilo sem pigmento (verde) e 2 a 5 (pigmentos em intensidade distinta);

b) Determinação da cor da flor no florescimento: atribuiu-se nota 1 para flor branca e nota 2 flor roxa;

c) Tipo de crescimento no estágio R7: classificaram-se nos tipos determinado, semideterminado e indeterminado e, posteriormente, adotaram-se os valores 1, 2 e 3 respectivamente para cada tipo;

d) Cor da pubescência no estágio R8: classificaram-se as cores em cinza, marrom claro e marrom escuro e, posteriormente foram convertidas nos valores 1, 2 e 3 respectivamente;

e) Cor da vagem no estágio R8: classificaram-se as vagens em cores cinza claro, cinza escuro, marrom claro, marrom médio e marrom escuro e, posteriormente, foram codificadas para os valores 1, 2, 3, 4 e 5 respectivamente;

f) Cor do hilo: após a colheita, no laboratório, determinaram-se as cores em amarelo, cinza, marrom claro, marrom médio, preto imperfeito e preto, sendo tais cores codificadas posteriormente nos valores 1, 2, 3, 4, 5 e 6, respectivamente.

g) Intensidade no brilho do tegumento: as sementes foram classificadas em baixa, média e alta sendo posteriormente convertidas nos valores 1, 2 e 3 respectivamente. A intensidade de brilho no tegumento é um caráter quantitativo, entretanto, foi classificado como qualitativo pelo fato de agrupá-lo em classes.

II- Quantitativos

a) Número de dias para o florescimento (NDF): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a emergência e o florescimento pleno (estágio R2).

b) Número de dias para maturidade (NDM): período que corresponde ao número de dias decorridos entre a emergência até a data em que 95% das vagens apresentaram-se maduras (estágio R8)

c) Altura das plantas no florescimento (APF, cm): medida da superfície do solo até o último nó na haste principal.

d) Altura das plantas na maturidade (APM, cm): medida da superfície do solo até o último nó da haste principal.

e) Número de nós na haste principal no florescimento (NNF): foram contados todos os nós visíveis na haste principal no estágio R1.

f) Número de nós na haste principal na maturidade (NNM): foram contados todos os nós visíveis na haste principal no estágio R8.

g) Altura da primeira vagem (APV, cm) – distância, em cm, medida a partir da superfície do solo a primeira vagem, obtida na colheita.

h) Número de vagens por planta (NVP) – posterior a colheita foram contados todas as vagens em cada planta.

i) Número de vagens com 1 grão (NV1G) – posterior a colheita foram contados o número de vagens com uma semente em cada planta.

j) Número de vagens com 2 grãos (NV2G) - posterior a colheita foram contados o número de vagens com duas sementes em cada planta.

l) Número de vagens com 3 grãos (NV3G) - posterior a colheita foram contados o número de vagens com três sementes em cada planta.

m) Número médio de grãos por vagem (NGV): foi obtido, dividindo-se o número total de grão pelo número total de vagens;

n) Matéria seca da parte aérea da planta (peso da matéria seca das vagens + peso da matéria seca haste sem folhas): determinada em balança de 0,001g de precisão (MSPA, g)

o) Matéria seca das vagens por planta (MSV, g): determinada em balança de 0,001g de precisão;

p) Peso médio do grão – obtido pela razão entre peso da matéria seca da semente de cada planta e número total de grãos de cada planta. Posteriormente, obteve-se o peso de 100 grãos (PCG);

q) Produção de grãos (PG, g): após a debulha das vagens, por meio da pesagem das sementes de cada planta e, posteriormente, determinou-se a média com as três plantas de cada parcela.

Os estádios de desenvolvimento foram identificados de acordo com a escala de Fehr e Caviness (1977).

2.2 Análise Estatística

Análise da variabilidade genética

Para cada época de semeadura foram realizadas análises de variância para os caracteres conforme o modelo abaixo adotando-se efeitos fixos para genótipos e blocos.

Modelo da análise de variância individual:

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

Em que:

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

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésimo genótipo

B_j = efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} = erro aleatório.

Foi estimado o coeficiente de determinação genotípica (H^2) com base no método da análise de variância dado por:

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

$$\hat{\phi}_g = \frac{QMT - QMR}{r}$$

Em que:

H^2 = coeficiente de determinação genotípico;

$\hat{\phi}_g$ = componente quadrático genético;

QMT = quadrado médio de genótipos;

QMR = quadrado médio do resíduo; e

r = número de repetições.

Realizaram-se os agrupamentos dos genótipos com base no teste Scott-Knott ao nível de 1% de probabilidade.

Análise da diversidade genética com base em caracteres fenotípicos

Dissimilaridade entre genótipos

Para os caracteres qualitativos estimaram-se a dissimilaridade entre os genótipos pelo complemento da coincidência simples dada por:

$$d_{ii'} = 1 - S_{ii'}$$

$$S_{ii'} = \frac{c}{c+d}$$

Em que:

c – número de coincidência do padrão fenotípico entre os genótipos i e i';

d – número discordância do padrão fenotípico entre os genótipos i e i'.

Para os caracteres quantitativos inicialmente foram estimadas a dissimilaridade genética entre todos os pares de genótipos pela Distância generalizada de Mahalanobis ($D^2_{ii'}$) conforme estimador abaixo:

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

Em que:

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

Ψ : matriz de variâncias e covariâncias residuais;

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

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

Agrupamento de genótipos

Após a obtenção da matriz de dissimilaridade entre genótipos realizaram-se agrupamento do genótipo pelo método hierárquico da Ligação Média entre grupo (UPGMA) e pelo método de otimização de Tocher.

Com base no agrupamento hierárquico de Ligação Média entre Grupo (UPGMA) obteve-se dendrograma que foi estabelecido pelos genótipos de maior similaridade em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j dado por:

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

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

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

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

Em que:

n = número de genótipos do grupo original.

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

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

Foi determinado a contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos pela Metodologia de Sing (1981).

Componente principais

Foi realizada a análise de componentes principais a qual reduz o conjunto inicial de variáveis a um conjunto menor referindo ao máximo a variabilidade espacial nos eixos ortogonais. Estes são denominados componentes principais (autovetores) definido a partir dos autovalores da matriz de variância e covariância das variáveis originais (Cruz et al 2004).

O componente principal Y_{ij} é uma função linear da combinação do conjunto de n variáveis. Considerando os dois primeiros componentes principais tem-se:

$$Y_{i1} = a_1x_{i1} + a_2x_{i2} + \dots + a_nx_{in}$$

$$Y_{i2} = b_1x_{i1} + b_2x_{i2} + \dots + b_nx_{in}$$

em que:

$$Y_{i1} \text{ e } Y_{i2} = \text{componente principal 1 e 2;}$$

a_i e b_i = coeficiente de ponderação no 1^a e no 2^o componente principal; e

x_{in} = variáveis originais padronizadas

Admitindo que:

$$a) \sum_j a_j^2 = \sum_j b_j^2 = 1$$

$$b) \sum_j a_j b_j = 0$$

$$c) \hat{V}(Y_1) = \lambda_1 \text{ e que } \hat{V}(Y_1) > \hat{V}(Y_2) > \dots \hat{V}(Y_n)$$

$$\sum \hat{V}(x_i) = \sum \lambda_i = \sum \hat{V}(Y_i)$$

$$\text{CÔV}(Y_{i1}, Y_{i2}) = 0 \text{ desde que } \sum_{j=1}^n a_j b_j = 0$$

A contribuição de cada componente principal Y_i foi calculado em termos de variância:

$$\text{Importância } Y_j = \frac{V(Y_j)}{\sum V(Y_j)} = \frac{\lambda_j}{\sum \lambda_j} = \frac{\lambda}{\text{traço}(R)}$$

sendo R matriz de correlação entre as características analisadas.

Posteriormente foi realizada a dispersão gráfica para visualizar a formação de grupos distintos.

Correlação entre matrizes de dissimilaridade

Correlação entre matrizes (distâncias) cujas significâncias foram testadas através do teste z de Mantel (1967) por 10000 permutações aleatórias por:

$$Z = \sum_{ij=1}^n X_{ij} Y_{ij}$$

X_{ij} e Y_{ij} são elementos das matrizes X e Y a serem comparadas;

Importância relativa dos caracteres

Foi calculada a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética utilizando o critério de Singh (1981) conforme a estatística S_{ij}

$$D_{ii}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{l=1}^n \sum_{j=1}^n \omega_{lj} d_l d_j$$

Em que:

ω_{lj} = elemento da j-ésima coluna da inversa da matriz de variância e covariâncias residuais

O total das distâncias que envolvem todos os pares dos genótipos é dado por:

$$\sum_{i < i'} \sum_{i'} D_{ii'}^2 = \sum_m D_m^2 = \sum_{j=1} S_j$$

Os valores percentuais de S_j constituíram a medida de importância relativa da variável j para o estudo da divergência genética.

Todas as análises foram realizadas utilizando o Programa Computacional em Genética e Estatística (GENES) (Cruz 2006; CRUZ 2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Variabilidade genética e agrupamento de genótipos pelo teste Scott-Knott

Observaram-se diferenças significativas ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F para todos os caracteres avaliados nas duas épocas de semeadura (Tabela 2), indicando, portanto, variabilidade genética entre os genótipos estudados.

Os coeficientes de variação (CV) para os quatorze caracteres oscilaram entre 2,51% a 35,33%, respectivamente, para o número de dias para maturidade (NDM) e altura da primeira vagem (APV), na semeadura em fevereiro. O CV variou de 3,31% (NDM) a 20,23% (APV) na semeadura de dezembro. Os CV obtidos são considerados de baixos a médios (Pimentel, 1985), evidenciando boa precisão experimental. Conforme Carvalho *et al.* (2003), o limite máximo aceitável de coeficientes de variação para soja é de 12% para altura de planta e 16% para produtividade de grãos. Para tais caracteres, no presente estudo, verificaram-se CVs dentro dos limites sugeridos, com exceção, do CV de 14,24% para altura de planta na maturidade na semeadura de dezembro.

As estimativas dos coeficientes de determinação genotípica (H^2) oscilaram de 57,02% (PG) a 98,81% (NDF) na semeadura de fevereiro; e 35,97% (PCG) a 97,29% (NDF) na semeadura de dezembro (Tabela 2). Estas estimativas de H^2 expressam a proporção da variabilidade fenotípica devido às variações genéticas, uma vez que é estimada pelo componente quadrático genotípico que é relativo aos genótipos estudados e não à variância genotípica (Cruz, 2005).

Os maiores valores observados em relação às estimativas de H^2 foram superiores a 94% para NDF, NDM, APM e NNF em ambas as épocas de semeadura, indicando expressivo efeito de componente genético na determinação desses caracteres e, também, menor influência do ambiente. Possivelmente, isso ocorreu porque o controle genético do número de dias para florescimento e maturidade é atribuído a um ou poucos genes, sejam em dias longos ou curtos. Predominantemente, para os caracteres relacionados aos componentes de produtividade e, também, a produção de grãos, observaram-se estimativas de H^2 mais baixas, em razão destes caracteres serem governados por muitos genes e, portanto, mais influenciados pelas condições ambientais. Yokomizo e Vello (2000) em estudos com progênies de soja nas gerações F4 e F5 observaram estimativas de H^2 superiores a 90% para número de dias e altura de planta na maturidade, peso de 100 sementes e produtividade de grãos, indicando a possibilidade de seleção em gerações precoce.

Tabela 2. Resumo das análises de variância individuais nas semeaduras de fevereiro (Fev) e dezembro (Dez) para os caracteres número de dias para o florescimento e maturidade (NDF e NDM), altura da planta no florescimento e maturidade (APF e APM), número de nós na haste principal no florescimento e na maturidade (NNF e NNM), altura da primeira vagem (APV), matéria seca da parte aérea e vagens (MSPA e MSV), produção de grãos (PG), número de total de vagens por planta (NVP), peso de 100grãos (PCG), número médio de grãos por vagem (NGV) e índice de colheita (IC)

| F.V. | NDF | | NDM | | APF | | APM | | NNF | | NNM | | APV | |
|----------------|----------|----------|----------|----------|-----------|-----------|-----------|-----------|---------|---------|---------|---------|----------|----------|
| | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez |
| Blocos | 46,47 | 88,64 | 73,66 | 963,94 | 3855,22 | 5019,39 | 6910,30 | 6198,39 | 10,45 | 10,21 | 7,63 | 10,32 | 1739,20 | 495,58 |
| Genótipos | 163,34** | 283,56** | 190,37** | 382,63** | 1885,05** | 1988,55** | 2214,94** | 2668,14** | 12,06** | 19,57** | 19,94** | 36,01** | 728,35** | 279,31** |
| Resíduo | 1,94 | 7,69 | 7,13 | 19,11 | 211,80 | 110,52 | 117,17 | 138,16 | 0,43 | 0,94 | 1,90 | 1,42 | 50,81 | 34,86 |
| Média | 48,39 | 58,05 | 106,47 | 131,87 | 74,00 | 66,04 | 91,69 | 82,56 | 11,21 | 12,76 | 14,13 | 14,93 | 35,33 | 20,23 |
| CV (%) | 2,88 | 4,78 | 2,51 | 3,31 | 19,67 | 15,92 | 11,81 | 14,24 | 5,87 | 7,59 | 9,77 | 8,00 | 20,18 | 29,19 |
| H ² | 98,81 | 97,29 | 96,25 | 95,01 | 88,76 | 94,44 | 94,71 | 94,82 | 96,41 | 95,21 | 90,45 | 96,04 | 93,02 | 87,52 |

| F.V. | MSPA | | MSV | | PG | | NVP | | PCG | | NGV | | IC | |
|----------------|--------|---------|--------|---------|--------|---------|---------|----------|---------|--------|--------|--------|---------|---------|
| | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez | Fev | Dez |
| Blocos | 3,26 | 41,95 | 2,52 | 10,00 | 0,77 | 5,94 | 24,09 | 30,03 | 8,88 | 9,24 | 0,02 | 0,05 | 0,005 | 0,018 |
| Genótipos | 6,26** | 66,60** | 2,83** | 31,01** | 1,26** | 14,53** | 22,45** | 105,70** | 11,47** | 8,34** | 0,10** | 0,08** | 0,013** | 0,005** |
| Resíduo | 2,36 | 4,10 | 1,07 | 2,39 | 0,54 | 1,45 | 6,23 | 8,94 | 1,43 | 2,84 | 0,02 | 0,01 | 0,003 | 0,001 |
| Média | 8,57 | 21,30 | 6,30 | 16,32 | 4,39 | 11,91 | 14,14 | 28,44 | 14,82 | 18,15 | 2,15 | 2,34 | 0,52 | 0,57 |
| CV (%) | 17,92 | 9,50 | 16,39 | 9,47 | 16,74 | 10,10 | 17,65 | 10,51 | 8,08 | 9,28 | 6,34 | 4,55 | 10,38 | 6,78 |
| H ² | 62,30 | 93,85 | 62,33 | 92,30 | 57,02 | 90,06 | 72,25 | 91,54 | 87,51 | 65,97 | 80,95 | 84,97 | 77,95 | 69,28 |

**Significativo ao nível de 1% de probabilidade pelo teste F.

Os diferentes grupos formados pelo teste Scott-Knott também evidenciam a existência variabilidade genética para os caracteres estudados nas duas épocas de semeadura (Tabela 3 e 4). O número de grupos gerados oscilou entre dois a nove na semeadura de fevereiro, e de dois a sete grupos na semeadura de dezembro. Em ambas as semeaduras, notaram-se maior número de grupos para o caráter número de dias para o florescimento.

Notou-se, que na semeadura de fevereiro, as plantas foram induzidas precocemente ao florescimento, sendo isso explicado pelo fato da soja ser uma planta de dias curto e sensível às oscilações de fotoperíodo (Câmara *et al.*, 1997, 1998; Barros e Sedyama, 2009).

Conforme Câmara (1998), quanto mais atrasada for a semeadura da soja, mais próximo do solstício de verão, ocorrerá o final do seu período juvenil. Desse modo, se a cultivar possuir valor elevado de fotoperíodo crítico, ela será a primeira a ser induzida ao florescimento com o inevitável encurtamento do dia, após o solstício de verão.

O florescimento muito precoce indica juvenilidade curta e/ou valor elevado de fotoperíodo crítico, fazendo com que o genótipo seja mais sensível às variações de épocas de semeadura (Câmara, 1998; Câmara *et al.* 1997). Desse modo, é possível inferir que os genótipos estudados apresentaram comportamento distinto em relação à juvenilidade, podendo eles serem classificados como de período juvenil curto, período juvenil intermediário e período juvenil longo. Estes resultados foram semelhantes aos obtidos por Toledo *et al.* (1994) que ao avaliar quatro linhagens parentais e progênies F7 delas derivadas verificaram respostas do tipo clássico, período juvenil longo e respostas intermediárias às variações do fotoperíodo.

Os resultados referentes ao número de dias para o florescimento e número de dias para maturidade em condições de casa de vegetação concordam com os obtidos por Braccini *et al.* (2004) ao semear a soja em condições de campo em novembro, dezembro, janeiro e fevereiro. Os autores comentam que houve redução no ciclo vegetativo e ciclo total ao retardar a semeadura.

Sabe-se, que o caráter período juvenil longo em soja é condicionado por genes recessivos (jj) (Verneti e Verneti, 2009), entretanto, há relatos que apenas um loco não é suficiente para condicionar a juvenilidade longa (Carpentieri-Pípulo *et al.*, *et al.*, 2002), sugerindo a classificação de genótipos de soja em maior número de classes.

Tabela 3. Médias do número de dias para o florescimento e para maturidade (NDF e NDM), altura de planta no florescimento e na maturidade (APF e APM, cm), número de nós no florescimento e maturidade (NNF e NNM), altura da primeira vagem (APV, cm), matéria seca da parte aérea e vagem (MSPA e MSV, g), produção de grãos (PG, g), número total de vagens por planta (NVP), peso de 100 grãos (PCG), número de grãos por vagem (NGV) e índice de colheita (IC) na semeadura de fevereiro 2007, Viçosa-MG

| Cultivares | NDF | NDM | APF | APM | NNF | NNM | APV | MSPA | MSV | PG | NVP | PCG | NGV | IC |
|---------------|---------|----------|----------|----------|---------|---------|---------|---------|--------|--------|---------|---------|--------|--------|
| A 7002 | 50,78 d | 110,33 c | 61,33 d | 94,11 e | 11,78 b | 16,00 c | 28,11 e | 10,48 a | 8,12 a | 5,73 a | 20,89 a | 12,63 e | 2,34 b | 0,55 a |
| A 7003 | 53,67 c | 115,56 b | 91,33 c | 112,22 d | 12,56 a | 21,33 a | 36,45 d | 10,88 a | 7,49 a | 4,52 a | 16,89 a | 11,84 e | 2,27 b | 0,42 b |
| A 7004 | 48,89 e | 107,11 d | 73,78 c | 120,78 c | 11,11 b | 15,78 c | 42,89 d | 9,61 a | 6,49 a | 4,39 b | 12,89 b | 14,03 d | 2,45 a | 0,46 b |
| A 7006 | 50,00 d | 106,56 d | 80,11 c | 109,11 d | 12,22 b | 16,55 c | 33,44 e | 11,02 a | 7,39 a | 5,04 a | 16,44 a | 11,76 e | 2,61 a | 0,45 b |
| Ágata | 50,33 d | 105,44 d | 83,44 c | 96,33 e | 12,33 a | 15,22 c | 43,22 d | 8,31 b | 6,12 b | 4,12 b | 15,11 a | 13,27 e | 2,04 c | 0,49 b |
| Ametista | 54,89 c | 116,89 b | 171,00 a | 126,55 c | 13,33 a | 16,00 c | 46,67 d | 9,65 a | 6,17 b | 4,09 b | 14,44 b | 12,41 e | 2,30 b | 0,43 b |
| B193HPFRP | 48,78 e | 109,33 c | 79,78 c | 96,22 e | 11,67 b | 13,33 d | 44,11 d | 8,96 a | 5,62 b | 3,73 b | 11,55 b | 17,12 b | 1,91 c | 0,41 b |
| B193HPFBM | 55,11 c | 108,67 d | 86,67 c | 97,00 e | 12,44 a | 14,89 c | 43,00 d | 9,48 a | 6,66 a | 4,53 a | 14,89 a | 13,64 d | 2,23 b | 0,48 b |
| BRS 213 | 42,00 g | 97,67 f | 37,78 e | 43,78 g | 8,11 e | 9,33 e | 17,56 f | 5,44 b | 4,50 b | 3,77 b | 11,11 b | 15,72 c | 2,14 c | 0,68 a |
| BRS 214 | 40,89 g | 97,00 f | 82,78 c | 106,78 d | 9,00 d | 11,89 d | 44,00 d | 8,27 b | 6,42 a | 4,40 b | 12,56 b | 15,42 c | 2,27 b | 0,53 a |
| BRS 215 | 49,22 e | 104,00 e | 69,00 d | 85,56 e | 10,78 b | 13,22 d | 36,11 d | 8,15 b | 6,10 b | 4,34 b | 10,56 b | 16,74 c | 2,43 a | 0,54 a |
| BRS 216 | 42,78 g | 100,89 e | 36,89 e | 43,22 g | 9,67 c | 11,45 e | 15,56 f | 6,60 b | 5,51 b | 4,08 b | 13,78 b | 12,27 e | 2,43 a | 0,62 a |
| BRS 230 | 39,22 h | 98,78 e | 51,89 d | 64,78 f | 8,66 d | 10,11 e | 15,78 f | 7,45 b | 6,22 b | 4,66 a | 12,00 b | 19,65 a | 1,99 c | 0,62 a |
| BRS 232 | 35,78 i | 96,22 f | 48,45 e | 62,33 f | 7,33 e | 9,67 e | 17,55 f | 6,85 b | 5,46 b | 4,15 b | 10,11 b | 20,65 a | 2,00 c | 0,61 a |
| BRS 239 | 39,00 h | 97,33 f | 53,89 d | 62,33 f | 7,89 e | 9,78 e | 20,78 f | 6,52 b | 5,45 b | 4,05 b | 10,33 b | 18,68 a | 2,10 c | 0,62 a |
| BRS 240 | 37,11 i | 96,33 f | 33,00 e | 37,55 g | 7,89 e | 9,78 e | 14,94 f | 5,40 b | 4,50 b | 3,32 b | 10,55 b | 15,24 c | 2,13 c | 0,60 a |
| BRS 243RR | 42,67 g | 96,22 f | 47,44 e | 61,78 f | 9,00 d | 11,11 e | 17,95 f | 8,02 b | 6,03 b | 4,37 b | 13,45 b | 15,06 c | 2,18 c | 0,55 a |
| BRS 244 RR | 43,56 f | 99,67 e | 53,22 d | 64,33 f | 9,22 c | 11,45 e | 19,50 f | 8,77 a | 6,76 a | 4,72 a | 15,56 a | 16,32 c | 1,87 c | 0,54 a |
| BRS 246 RR | 42,67 g | 101,78 e | 58,00 d | 65,22 f | 10,00 c | 12,22 d | 20,72 f | 8,59 b | 6,58 a | 4,77 a | 16,56 a | 15,40 c | 1,88 c | 0,56 a |
| BRS 255 RR | 38,67 h | 98,67 e | 45,55 e | 52,56 g | 8,67 d | 10,78 e | 17,00 f | 6,43 b | 5,19 b | 3,78 b | 11,00 b | 18,24 b | 1,94 c | 0,59 a |
| BRS 256 RR | 50,22 d | 105,11 d | 79,67 c | 96,00 e | 11,56 b | 13,67 d | 38,67 d | 9,20 a | 6,59 a | 4,53 a | 13,22 b | 14,69 d | 2,33 b | 0,49 b |
| BRS 257 | 36,56 i | 100,44 e | 28,67 e | 33,67 g | 7,67 e | 9,55 e | 10,83 f | 5,72 b | 4,80 b | 3,56 b | 10,78 b | 17,26 b | 1,93 c | 0,63 a |
| BRS Diferente | 54,33 c | 114,89 b | 99,78 c | 121,66 c | 13,34 a | 15,89 c | 64,00 b | 7,67 b | 5,35 b | 3,71 b | 12,34 b | 15,72 c | 1,91 c | 0,48 b |
| BRS Baliza RR | 51,89 d | 108,22 d | 96,44 c | 112,34 d | 12,89 a | 15,33 c | 52,55 c | 8,53 b | 6,34 a | 4,03 b | 14,33 b | 13,49 d | 2,09 c | 0,48 b |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| BRS Barreiras | 59,89 | a | 121,00 | a | 81,22 | c | 98,34 | e | 13,67 | a | 16,89 | c | 36,89 | d | 7,74 | b | 5,09 | b | 3,52 | b | 12,44 | b | 13,26 | e | 2,13 | c | 0,45 | b |
| BRS Candeia | 60,33 | a | 121,56 | a | 97,11 | c | 118,89 | c | 12,22 | b | 16,00 | c | 54,44 | c | 8,18 | b | 5,14 | b | 3,58 | b | 9,00 | b | 17,85 | b | 2,29 | b | 0,43 | b |
| BRS Carnaúba | 58,00 | b | 121,56 | a | 123,89 | b | 140,11 | b | 13,89 | a | 15,67 | c | 65,67 | b | 6,99 | b | 4,09 | b | 2,63 | b | 10,67 | b | 13,10 | e | 1,90 | c | 0,37 | b |
| CD 204 | 52,56 | d | 110,78 | c | 95,44 | c | 107,78 | d | 13,56 | a | 17,89 | b | 33,22 | e | 8,78 | a | 6,58 | a | 4,77 | a | 13,22 | b | 16,96 | b | 2,19 | c | 0,54 | a |
| CD 205 | 39,56 | h | 101,78 | e | 46,78 | e | 56,33 | g | 8,56 | d | 10,44 | e | 15,11 | f | 7,44 | b | 5,81 | b | 4,31 | b | 13,55 | b | 12,77 | e | 2,54 | a | 0,58 | a |
| CD 210 | 36,67 | i | 96,67 | f | 58,67 | d | 67,89 | f | 8,45 | d | 10,45 | e | 16,89 | f | 7,93 | b | 6,38 | a | 4,47 | a | 12,45 | b | 16,70 | c | 2,15 | c | 0,56 | a |
| CD 215 | 37,22 | i | 91,00 | g | 64,00 | d | 74,11 | f | 8,33 | d | 10,00 | e | 23,11 | f | 7,14 | b | 5,47 | b | 3,95 | b | 13,67 | b | 14,58 | d | 1,99 | c | 0,55 | a |
| CD 221 | 37,11 | i | 96,33 | f | 52,78 | d | 60,44 | f | 8,67 | d | 10,67 | e | 19,00 | f | 7,33 | b | 5,79 | b | 4,42 | b | 11,56 | b | 18,72 | a | 2,05 | c | 0,60 | a |
| CD 222 | 53,78 | c | 112,22 | c | 85,67 | c | 100,89 | e | 12,78 | a | 15,44 | c | 42,22 | d | 9,78 | a | 6,88 | a | 4,76 | a | 17,00 | a | 12,96 | e | 2,16 | c | 0,48 | b |
| BRSGO Caiaponia | 40,22 | h | 93,89 | g | 57,22 | d | 101,11 | e | 8,89 | d | 15,78 | c | 33,39 | e | 6,98 | b | 5,20 | b | 3,70 | b | 12,44 | b | 13,70 | d | 2,17 | c | 0,53 | a |
| BRSGO Chapadões | 47,78 | e | 109,34 | c | 67,22 | d | 82,11 | f | 11,67 | b | 14,00 | c | 31,56 | e | 7,93 | b | 5,88 | b | 4,00 | b | 15,56 | a | 13,63 | d | 1,88 | c | 0,50 | b |
| FMT Cachara | 49,67 | e | 106,22 | d | 80,56 | c | 100,33 | e | 12,55 | a | 15,00 | c | 39,89 | d | 10,20 | a | 7,57 | a | 5,25 | a | 14,45 | b | 14,75 | d | 2,48 | a | 0,52 | a |
| Fundacep-38 | 38,89 | h | 97,22 | f | 49,44 | e | 54,22 | g | 9,56 | c | 11,22 | e | 19,17 | f | 7,15 | b | 5,80 | b | 4,16 | b | 13,33 | b | 15,82 | c | 1,99 | c | 0,58 | a |
| FT-Cristalina | 51,22 | d | 106,11 | d | 49,00 | e | 55,67 | g | 11,22 | b | 13,11 | d | 26,22 | e | 7,99 | b | 6,59 | a | 4,57 | a | 13,89 | b | 13,92 | d | 2,37 | b | 0,57 | a |
| Granada | 54,67 | c | 112,33 | c | 92,67 | c | 110,22 | d | 13,78 | a | 16,22 | c | 54,78 | c | 8,40 | b | 5,46 | b | 3,62 | b | 14,45 | b | 12,97 | e | 1,96 | c | 0,43 | b |
| IAC-100 | 43,78 | f | 97,11 | f | 48,67 | e | 59,00 | f | 10,11 | c | 12,78 | d | 18,89 | f | 8,08 | b | 6,87 | a | 4,79 | a | 15,00 | a | 13,10 | e | 2,44 | a | 0,59 | a |
| UFUS Impacta | 54,89 | c | 114,22 | b | 73,34 | c | 91,11 | e | 12,89 | a | 16,00 | c | 34,78 | e | 8,97 | a | 7,14 | a | 4,59 | a | 15,11 | a | 14,40 | d | 2,12 | c | 0,51 | b |
| BRSGO Ipameri | 52,00 | d | 110,00 | c | 100,00 | c | 121,22 | c | 12,00 | b | 14,78 | c | 55,55 | c | 9,43 | a | 6,44 | a | 4,32 | b | 14,55 | b | 13,10 | e | 2,27 | b | 0,46 | b |
| BRSGO Indiará | 45,67 | f | 106,00 | d | 69,22 | d | 88,22 | e | 10,44 | c | 13,33 | d | 30,00 | e | 8,96 | a | 6,87 | a | 4,92 | a | 15,22 | a | 16,13 | c | 2,00 | c | 0,55 | a |
| M-SOY 108 | 60,78 | a | 118,00 | b | 94,67 | c | 115,22 | c | 12,89 | a | 19,00 | b | 30,56 | e | 8,07 | b | 6,23 | b | 4,21 | b | 12,89 | b | 14,87 | d | 2,24 | b | 0,52 | a |
| M-SOY 5942 | 35,00 | i | 88,78 | g | 25,11 | e | 41,78 | g | 6,56 | e | 9,78 | e | 10,83 | f | 5,54 | b | 4,55 | b | 3,36 | b | 10,11 | b | 14,92 | d | 2,24 | b | 0,60 | a |
| M-SOY 6101 | 40,78 | g | 98,22 | e | 66,89 | d | 130,11 | c | 9,56 | c | 14,89 | c | 33,17 | e | 9,10 | a | 7,05 | a | 5,09 | a | 13,11 | b | 15,99 | c | 2,44 | a | 0,56 | a |
| M-SOY 7204 | 37,33 | i | 92,33 | g | 80,00 | c | 88,56 | e | 9,55 | c | 10,22 | e | 15,67 | f | 13,20 | a | 7,72 | a | 5,68 | a | 18,33 | a | 15,22 | c | 2,06 | c | 0,56 | a |
| M-SOY7373 RR | 39,67 | h | 99,00 | e | 49,89 | e | 68,00 | f | 8,78 | d | 12,11 | d | 19,78 | f | 7,97 | b | 6,38 | a | 4,53 | a | 13,56 | b | 17,13 | b | 1,95 | c | 0,57 | a |
| M-SOY 7501 | 38,33 | h | 97,78 | f | 38,11 | e | 40,89 | g | 8,45 | d | 9,67 | e | 12,42 | f | 6,08 | b | 4,84 | b | 3,55 | b | 11,78 | b | 14,73 | d | 2,03 | c | 0,58 | a |
| M-SOY 7575 RR | 39,00 | h | 96,44 | f | 38,11 | e | 50,33 | g | 8,67 | d | 9,67 | e | 11,30 | f | 7,53 | b | 6,34 | a | 4,39 | b | 13,89 | b | 15,14 | c | 2,10 | c | 0,58 | a |
| M-SOY 7894 | 45,00 | f | 103,89 | e | 48,67 | e | 65,22 | f | 11,22 | b | 14,89 | c | 16,67 | f | 9,93 | a | 8,09 | a | 5,83 | a | 18,22 | a | 14,72 | d | 2,18 | c | 0,59 | a |
| M-SOY 7900 | 37,22 | i | 105,33 | d | 35,89 | e | 92,22 | e | 7,89 | e | 15,33 | c | 19,11 | f | 9,85 | a | 7,66 | a | 5,47 | a | 15,44 | a | 15,61 | c | 2,26 | b | 0,55 | a |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| M-SOY 8000 RR | 48,78 | e | 106,67 | d | 66,78 | d | 89,55 | e | 11,78 | b | 13,56 | d | 26,33 | e | 11,00 | a | 7,90 | a | 5,33 | a | 16,55 | a | 17,57 | b | 1,85 | c | 0,49 | b |
| M-SOY 8008 RR | 45,00 | f | 99,78 | e | 72,11 | c | 87,89 | e | 11,56 | b | 14,67 | c | 26,95 | e | 10,41 | a | 8,01 | a | 5,68 | a | 20,22 | a | 15,30 | c | 1,82 | c | 0,55 | a |
| M8336RR | 46,78 | e | 104,89 | d | 80,33 | c | 104,78 | d | 11,56 | b | 15,11 | c | 38,61 | d | 10,09 | a | 6,96 | a | 4,63 | a | 14,11 | b | 16,10 | c | 2,04 | c | 0,46 | b |
| M8527RR | 50,45 | d | 105,44 | d | 77,44 | c | 92,89 | e | 11,44 | b | 14,11 | c | 33,33 | e | 8,31 | b | 6,58 | a | 4,56 | a | 13,00 | b | 15,83 | c | 2,24 | b | 0,55 | a |
| M-SOY 8866 | 56,00 | c | 107,78 | d | 114,67 | b | 130,22 | c | 13,33 | a | 15,67 | c | 56,78 | c | 8,01 | b | 5,68 | b | 4,08 | b | 15,11 | a | 12,93 | e | 2,09 | c | 0,51 | b |
| M-SOY 8787 RR | 51,33 | d | 108,67 | d | 90,34 | c | 108,33 | d | 13,11 | a | 16,00 | c | 41,72 | d | 11,79 | a | 8,62 | a | 5,72 | a | 18,89 | a | 15,35 | c | 1,97 | c | 0,49 | b |
| M8925RR | 56,00 | c | 112,33 | c | 109,00 | b | 130,55 | c | 13,56 | a | 16,44 | c | 56,66 | c | 9,60 | a | 6,47 | a | 4,47 | a | 15,56 | a | 13,06 | e | 2,21 | b | 0,46 | b |
| M-SOY 8998 | 53,55 | c | 117,33 | b | 76,00 | c | 96,67 | e | 13,00 | a | 18,22 | b | 35,45 | e | 9,48 | a | 6,67 | a | 4,42 | b | 16,22 | a | 13,40 | d | 2,03 | c | 0,46 | b |
| M-SOY 9001 | 57,45 | b | 114,56 | b | 97,78 | c | 117,00 | c | 12,78 | a | 15,00 | c | 46,67 | d | 8,52 | b | 5,81 | b | 3,90 | b | 12,78 | b | 15,50 | c | 1,96 | c | 0,46 | b |
| M9056RR | 57,11 | b | 116,22 | b | 103,89 | c | 132,00 | c | 13,22 | a | 15,89 | c | 48,56 | d | 8,91 | a | 5,72 | b | 3,94 | b | 13,56 | b | 13,41 | d | 2,18 | c | 0,44 | b |
| M-SOY 9350 | 56,33 | c | 115,33 | b | 65,00 | d | 83,89 | f | 13,33 | a | 16,55 | c | 30,67 | e | 9,34 | a | 7,17 | a | 4,71 | a | 18,89 | a | 12,05 | e | 2,07 | c | 0,50 | b |
| BRSGOMineiros | 39,78 | h | 97,44 | f | 41,56 | e | 74,89 | f | 8,67 | d | 13,67 | d | 25,44 | e | 6,82 | b | 6,07 | b | 3,95 | b | 12,22 | b | 16,03 | c | 2,04 | c | 0,58 | a |
| Fund. Missões | 37,00 | i | 98,89 | e | 43,89 | e | 46,45 | g | 8,22 | d | 9,55 | e | 15,67 | f | 6,65 | b | 5,15 | b | 4,22 | b | 11,45 | b | 18,10 | b | 2,04 | c | 0,63 | a |
| NK 412 113 | 36,00 | i | 93,67 | g | 31,44 | e | 70,78 | f | 7,89 | e | 12,34 | d | 15,11 | f | 6,65 | b | 6,19 | b | 4,12 | b | 12,67 | b | 14,45 | d | 2,25 | b | 0,64 | a |
| Ônix-1 | 55,56 | c | 110,11 | c | 97,56 | c | 111,11 | d | 13,89 | a | 17,00 | c | 46,11 | d | 10,62 | a | 7,10 | a | 4,73 | a | 17,00 | a | 13,48 | d | 2,04 | c | 0,44 | b |
| Ônix-2 | 56,00 | c | 111,00 | c | 86,78 | c | 105,33 | d | 12,89 | a | 16,45 | c | 43,89 | d | 8,53 | b | 6,06 | b | 5,44 | a | 20,33 | a | 13,09 | e | 2,05 | c | 0,64 | a |
| BRS Pirarara | 60,22 | a | 120,89 | a | 93,11 | c | 112,22 | d | 12,44 | a | 15,22 | c | 52,34 | c | 7,84 | b | 5,09 | b | 3,43 | b | 10,22 | b | 14,85 | d | 2,26 | b | 0,43 | b |
| BRSMT Pintado | 49,22 | e | 106,44 | d | 91,78 | c | 112,78 | d | 12,22 | b | 15,11 | c | 51,89 | c | 8,62 | b | 6,20 | b | 4,26 | b | 11,78 | b | 17,47 | b | 2,10 | c | 0,49 | b |
| P98C21 | 47,89 | e | 108,00 | d | 55,67 | d | 70,00 | f | 10,78 | b | 13,44 | d | 26,33 | e | 9,65 | a | 7,52 | a | 5,13 | a | 16,89 | a | 14,35 | d | 2,11 | c | 0,53 | a |
| P98C81 | 54,22 | c | 111,78 | c | 86,33 | c | 111,22 | d | 12,45 | a | 15,45 | c | 38,56 | d | 9,23 | a | 7,22 | a | 4,98 | a | 14,33 | b | 13,58 | d | 2,58 | a | 0,54 | a |
| P98N31 | 52,45 | d | 105,11 | d | 86,22 | c | 103,56 | d | 13,00 | a | 15,66 | c | 42,67 | d | 8,77 | a | 6,36 | a | 4,52 | a | 12,67 | b | 17,07 | b | 2,09 | c | 0,51 | b |
| P98N71 | 50,44 | d | 106,33 | d | 86,22 | c | 100,78 | e | 12,33 | a | 16,11 | c | 43,67 | d | 9,74 | a | 7,29 | a | 5,06 | a | 13,56 | b | 17,39 | b | 2,16 | c | 0,52 | a |
| P98N82 | 52,00 | d | 113,00 | c | 130,56 | b | 163,33 | a | 13,11 | a | 16,00 | c | 82,78 | a | 9,46 | a | 5,91 | b | 3,98 | b | 13,00 | b | 14,36 | d | 2,11 | c | 0,42 | b |
| P99R01 | 50,33 | d | 115,33 | b | 92,44 | c | 124,33 | c | 13,00 | a | 16,33 | c | 57,33 | c | 10,83 | a | 7,55 | a | 5,20 | a | 20,67 | a | 10,93 | e | 2,31 | b | 0,48 | b |
| BRS Raimunda | 57,22 | b | 123,22 | a | 93,78 | c | 112,33 | d | 12,11 | b | 14,89 | c | 54,11 | c | 7,44 | b | 4,24 | b | 2,96 | b | 9,00 | b | 15,57 | c | 2,12 | c | 0,40 | b |
| FMT Saara | 56,89 | c | 114,89 | b | 96,67 | c | 118,34 | c | 13,33 | a | 15,78 | c | 67,00 | b | 9,33 | a | 6,26 | b | 4,00 | b | 14,00 | b | 14,34 | d | 1,99 | c | 0,43 | b |
| BRS Sambaíba | 54,33 | c | 110,00 | c | 84,78 | c | 104,44 | d | 13,00 | a | 16,22 | c | 46,55 | d | 8,53 | b | 5,54 | b | 3,86 | b | 14,67 | b | 13,79 | d | 1,92 | c | 0,45 | b |
| BRS Silvana RR | 44,22 | f | 100,11 | e | 69,56 | d | 76,00 | f | 11,33 | b | 13,11 | d | 29,56 | e | 7,79 | b | 5,81 | b | 4,38 | b | 18,89 | a | 11,72 | e | 2,00 | c | 0,56 | a |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| FMT Tabarana | 47,33 | e | 104,00 | e | 82,33 | c | 99,00 | e | 10,89 | b | 13,56 | d | 31,66 | e | 9,06 | a | 6,80 | a | 4,77 | a | 13,33 | b | 15,39 | c | 2,33 | b | 0,53 | a |
| BRS Tianá RR | 58,78 | b | 121,56 | a | 67,67 | d | 79,78 | f | 13,33 | a | 16,22 | c | 33,66 | e | 8,83 | a | 7,96 | a | 5,23 | a | 17,22 | a | 14,45 | d | 2,05 | c | 0,58 | a |
| BRS Tracajá | 54,67 | c | 114,00 | b | 89,89 | c | 117,67 | c | 13,22 | a | 17,45 | b | 55,34 | c | 8,10 | b | 5,42 | b | 3,73 | b | 13,11 | b | 13,43 | d | 2,13 | c | 0,46 | b |
| TMG 103RR | 52,78 | d | 112,22 | c | 73,89 | c | 93,67 | e | 13,11 | a | 16,33 | c | 36,67 | d | 10,19 | a | 7,39 | a | 5,26 | a | 18,44 | a | 11,67 | e | 2,45 | a | 0,52 | a |
| BRSMUirapuru | 51,55 | d | 108,33 | d | 68,67 | d | 87,55 | e | 12,67 | a | 15,45 | c | 42,33 | d | 8,24 | b | 6,23 | b | 4,36 | b | 13,22 | b | 14,14 | d | 2,34 | b | 0,53 | a |
| BRS Valiosa RR | 48,56 | e | 108,22 | d | 75,56 | c | 97,89 | e | 10,44 | c | 12,78 | d | 43,89 | d | 8,10 | b | 5,16 | b | 3,55 | b | 11,00 | b | 15,93 | c | 2,08 | c | 0,44 | b |
| Safira | 56,22 | c | 108,22 | d | 82,55 | c | 99,22 | e | 10,89 | b | 13,00 | d | 47,44 | d | 9,33 | a | 5,71 | b | 3,83 | b | 11,00 | b | 16,24 | c | 2,17 | c | 0,41 | b |
| Riqueza | 55,78 | c | 111,33 | c | 77,67 | c | 102,78 | d | 13,00 | a | 16,44 | c | 44,44 | d | 10,12 | a | 7,83 | a | 5,05 | a | 16,89 | a | 11,90 | e | 2,50 | a | 0,50 | b |
| Turmalina | 56,22 | c | 108,22 | d | 114,89 | b | 137,11 | b | 13,78 | a | 16,33 | c | 66,22 | b | 9,43 | a | 6,96 | a | 4,92 | a | 18,44 | a | 12,77 | e | 2,10 | c | 0,52 | a |
| Tópazio SM | 54,89 | c | 112,67 | c | 85,44 | c | 99,45 | e | 12,33 | a | 14,78 | c | 35,67 | e | 9,13 | a | 6,54 | a | 4,25 | b | 15,67 | a | 12,93 | e | 2,09 | c | 0,46 | b |

Médias com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott e Knott ao nível de 1% de probabilidade.

Tabela 4 Médias do número de dias para o florescimento e para maturidade (NDF e NDM), altura de planta no florescimento e na maturidade (APF e APM, cm), número de nós no florescimento e maturidade (NNF e NNM), altura da primeira vagem (APV, cm), matéria seca da parte aérea e vagem (MSPA e MSV, g), produção de grãos (PG, g), número total de vagens por planta (NVP), peso de 100 grãos (PCG), número de grãos por vagem (NSV) e índice de colheita (IC) na semeadura de dezembro 2007, Viçosa-MG

| Cultivares | NDF | | NDM | | APF | | APM | | NNF | | NNM | | APV | | MSPA | | MSV | | PG | | NVP | | PCG | | NGV | | IC | |
|----------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| A 7002 | 52,00 | e | 140,56 | a | 47,50 | f | 79,11 | e | 11,67 | d | 16,89 | c | 16,00 | c | 21,20 | c | 15,82 | c | 11,80 | b | 31,67 | c | 14,49 | b | 2,57 | a | 0,55 | b |
| A 7003 | 58,55 | d | 133,89 | b | 57,78 | e | 71,33 | e | 12,00 | d | 13,78 | e | 18,89 | c | 21,44 | c | 16,58 | c | 10,77 | c | 28,00 | d | 16,17 | b | 2,41 | a | 0,50 | b |
| A 7004 | 55,44 | e | 125,45 | c | 48,78 | e | 93,00 | d | 12,22 | d | 16,55 | d | 11,89 | d | 19,29 | d | 15,07 | d | 10,79 | c | 22,11 | e | 18,77 | a | 2,61 | a | 0,56 | b |
| A 7006 | 54,78 | e | 135,11 | b | 44,72 | f | 78,33 | e | 11,34 | d | 17,22 | c | 12,61 | d | 21,81 | c | 15,63 | d | 11,58 | b | 27,67 | d | 15,74 | b | 2,66 | a | 0,53 | b |
| Ágata | 62,11 | d | 141,44 | a | 100,56 | b | 120,39 | b | 15,11 | c | 17,89 | c | 34,84 | a | 29,20 | a | 21,32 | a | 14,73 | a | 41,66 | a | 16,50 | b | 2,14 | c | 0,50 | b |
| Ametista | 67,22 | c | 145,89 | a | 115,78 | a | 156,31 | a | 17,34 | b | 23,55 | a | 36,55 | a | 28,43 | a | 20,98 | a | 13,90 | a | 35,33 | b | 16,96 | b | 2,33 | b | 0,48 | b |
| B193HPFRP | 53,56 | e | 122,44 | c | 82,44 | d | 95,95 | d | 12,22 | d | 12,78 | e | 27,95 | b | 24,33 | c | 18,69 | b | 13,95 | a | 30,78 | c | 18,98 | a | 2,40 | a | 0,57 | a |
| B193HPFBM | 63,67 | d | 131,56 | b | 94,00 | c | 107,50 | c | 14,11 | c | 16,22 | d | 29,78 | b | 25,16 | c | 19,04 | b | 13,74 | b | 31,11 | c | 18,87 | a | 2,35 | b | 0,55 | b |
| BRS 213 | 50,89 | e | 124,22 | c | 28,83 | f | 35,50 | g | 9,67 | e | 10,56 | f | 9,56 | d | 12,61 | e | 9,93 | e | 7,73 | d | 19,56 | e | 16,30 | b | 2,49 | a | 0,61 | a |
| BRS 214 | 44,44 | g | 112,33 | d | 63,56 | e | 77,28 | e | 10,00 | e | 10,22 | f | 12,61 | d | 16,54 | d | 13,74 | d | 9,99 | c | 21,67 | e | 18,71 | a | 2,49 | a | 0,60 | a |
| BRS 215 | 54,22 | e | 118,89 | d | 64,28 | e | 83,33 | d | 11,00 | e | 13,11 | e | 15,61 | c | 22,94 | c | 18,03 | c | 13,29 | b | 26,00 | d | 19,45 | a | 2,62 | a | 0,58 | a |
| BRS 216 | 48,78 | f | 116,22 | d | 32,72 | f | 37,89 | g | 11,11 | d | 11,78 | f | 7,50 | d | 13,51 | e | 10,57 | e | 7,89 | d | 23,56 | e | 14,47 | b | 2,31 | b | 0,58 | a |
| BRS 230 | 44,45 | g | 114,66 | d | 49,83 | e | 63,83 | f | 10,00 | e | 10,56 | f | 12,18 | d | 16,97 | d | 13,91 | d | 10,78 | c | 26,33 | d | 19,66 | a | 2,09 | c | 0,63 | a |
| BRS 232 | 43,78 | g | 116,00 | d | 52,44 | e | 63,00 | f | 9,33 | e | 11,33 | f | 14,22 | d | 17,36 | d | 13,67 | d | 10,57 | c | 21,56 | e | 23,46 | a | 2,09 | c | 0,61 | a |
| BRS 239 | 45,55 | g | 119,45 | d | 45,50 | f | 56,61 | g | 9,67 | e | 10,78 | f | 10,55 | d | 13,74 | e | 11,22 | e | 8,16 | d | 17,67 | e | 20,11 | a | 2,30 | b | 0,59 | a |
| BRS 240 | 47,56 | f | 125,67 | c | 29,72 | f | 33,50 | g | 10,00 | e | 10,66 | f | 8,06 | d | 15,47 | e | 12,62 | d | 9,52 | c | 20,22 | e | 18,40 | a | 2,56 | a | 0,62 | a |
| BRS 243RR | 48,44 | f | 116,67 | d | 38,44 | f | 42,33 | g | 9,78 | e | 10,33 | f | 10,28 | d | 15,07 | e | 11,22 | e | 8,16 | d | 20,67 | e | 17,35 | b | 2,27 | b | 0,54 | b |
| BRS 244 RR | 52,22 | e | 120,56 | d | 38,17 | f | 45,22 | g | 10,45 | e | 11,56 | f | 12,22 | d | 17,07 | d | 13,44 | d | 10,55 | c | 24,22 | d | 18,95 | a | 2,30 | b | 0,62 | a |
| BRS 246 RR | 51,33 | e | 121,22 | c | 39,78 | f | 44,33 | g | 10,33 | e | 11,11 | f | 11,11 | d | 19,07 | d | 15,19 | d | 11,82 | b | 28,56 | d | 18,90 | a | 2,19 | c | 0,62 | a |
| BRS 255 RR | 46,89 | f | 117,67 | d | 43,33 | f | 50,00 | g | 10,56 | e | 11,11 | f | 12,17 | d | 17,64 | d | 14,34 | d | 10,09 | c | 24,45 | d | 18,47 | a | 2,25 | b | 0,58 | a |
| BRS 256 RR | 57,89 | e | 132,67 | b | 49,72 | e | 60,06 | f | 12,22 | d | 12,67 | e | 14,83 | c | 21,45 | c | 16,74 | c | 12,24 | b | 25,78 | d | 19,52 | a | 2,44 | a | 0,57 | a |
| BRS 257 | 48,67 | f | 132,22 | b | 25,56 | f | 34,11 | g | 9,89 | e | 10,78 | f | 8,61 | d | 14,31 | e | 10,45 | e | 7,80 | d | 20,33 | e | 15,62 | b | 2,47 | a | 0,54 | b |
| BRS Diferente | 66,00 | c | 132,67 | b | 93,22 | c | 114,50 | c | 16,11 | b | 20,00 | b | 45,89 | a | 21,80 | c | 16,78 | c | 12,37 | b | 32,33 | c | 15,94 | b | 2,40 | a | 0,57 | a |
| BRS Baliza RR | 73,89 | a | 142,78 | a | 106,22 | b | 122,78 | b | 19,11 | a | 20,67 | b | 28,95 | b | 26,62 | b | 19,00 | b | 13,36 | b | 34,33 | c | 17,45 | b | 2,23 | b | 0,50 | b |
| BRS Barreiras | 75,22 | a | 145,22 | a | 68,44 | e | 86,17 | d | 16,56 | b | 19,44 | b | 21,50 | c | 23,38 | c | 17,15 | c | 13,22 | b | 29,78 | c | 18,12 | a | 2,46 | a | 0,57 | a |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|------------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| BRS Candeia | 73,00 | a | 150,89 | a | 76,22 | d | 97,89 | d | 13,78 | c | 17,78 | c | 34,28 | a | 22,09 | c | 16,92 | c | 12,34 | b | 26,11 | d | 19,37 | a | 2,45 | a | 0,56 | b |
| BRS Carnaúba | 75,11 | a | 145,22 | a | 122,11 | a | 135,22 | b | 16,78 | b | 18,22 | c | 38,11 | a | 26,30 | b | 19,03 | b | 13,41 | b | 32,55 | c | 20,33 | a | 2,03 | c | 0,51 | b |
| CD 204 | 61,33 | d | 145,44 | a | 76,67 | d | 93,95 | d | 15,22 | c | 17,45 | c | 21,67 | c | 17,92 | d | 14,51 | d | 10,52 | c | 30,22 | c | 17,00 | b | 2,09 | c | 0,59 | a |
| CD 205 | 49,78 | f | 128,78 | c | 44,33 | f | 53,67 | g | 10,44 | e | 11,11 | f | 11,33 | d | 14,96 | e | 11,65 | e | 8,68 | d | 26,34 | d | 14,20 | b | 2,33 | b | 0,58 | a |
| CD 210 | 46,22 | f | 121,55 | c | 49,22 | e | 59,22 | f | 9,89 | e | 10,78 | f | 12,72 | d | 16,96 | d | 13,82 | d | 9,98 | c | 24,44 | d | 18,33 | a | 2,24 | b | 0,59 | a |
| CD 215 | 46,78 | f | 122,00 | c | 54,33 | e | 60,56 | f | 9,00 | e | 9,66 | f | 17,50 | c | 17,82 | d | 13,11 | d | 9,71 | c | 27,00 | d | 15,99 | b | 2,26 | b | 0,54 | b |
| CD 221 | 47,33 | f | 124,56 | c | 34,61 | f | 38,05 | g | 10,00 | e | 10,22 | f | 10,94 | d | 17,04 | d | 13,38 | d | 10,54 | c | 22,33 | e | 20,95 | a | 2,27 | b | 0,62 | a |
| CD 222 | 63,22 | d | 137,33 | b | 61,56 | e | 73,89 | e | 13,89 | c | 15,33 | d | 21,83 | c | 21,71 | c | 16,53 | c | 12,58 | b | 31,56 | c | 17,06 | b | 2,35 | b | 0,58 | a |
| BRSGO Caiaponia | 47,45 | f | 112,56 | d | 75,39 | d | 119,61 | b | 12,11 | d | 17,44 | c | 27,11 | b | 19,31 | d | 14,82 | d | 11,40 | c | 26,22 | d | 18,98 | a | 2,30 | b | 0,59 | a |
| BRSGO Chapadões | 54,89 | e | 123,55 | c | 57,83 | e | 71,39 | e | 13,00 | d | 14,22 | e | 18,33 | c | 26,33 | b | 19,78 | b | 15,46 | a | 37,44 | b | 18,58 | a | 2,23 | b | 0,59 | a |
| Cachara | 63,33 | d | 138,00 | b | 80,55 | d | 92,06 | d | 14,89 | c | 16,00 | d | 20,44 | c | 25,25 | c | 18,88 | b | 13,62 | b | 31,78 | c | 17,71 | b | 2,42 | a | 0,54 | b |
| Fundacep-38 | 48,56 | f | 128,33 | c | 39,72 | f | 42,61 | g | 10,22 | e | 10,56 | f | 12,00 | d | 16,00 | e | 13,15 | d | 9,76 | c | 21,78 | e | 19,13 | a | 2,34 | b | 0,61 | a |
| FT-Cristalina | 61,56 | d | 134,56 | b | 66,33 | e | 78,55 | e | 13,33 | c | 15,45 | d | 15,89 | c | 29,85 | a | 21,51 | a | 16,07 | a | 32,78 | c | 18,81 | a | 2,64 | a | 0,54 | b |
| Granada | 64,22 | c | 147,22 | a | 82,33 | d | 98,06 | d | 14,22 | c | 16,33 | d | 21,61 | c | 26,92 | b | 20,74 | a | 14,83 | a | 38,00 | b | 17,97 | a | 2,17 | c | 0,55 | b |
| IAC-100 | 51,89 | e | 115,00 | d | 39,28 | f | 51,33 | g | 11,00 | e | 12,33 | e | 11,95 | d | 15,99 | e | 12,83 | d | 9,52 | c | 22,89 | e | 17,11 | b | 2,44 | a | 0,60 | a |
| UFUS Impacta | 62,00 | d | 149,33 | a | 41,56 | f | 55,50 | g | 12,55 | d | 14,22 | e | 7,56 | d | 24,31 | c | 20,12 | b | 13,66 | b | 36,56 | b | 16,82 | b | 2,23 | b | 0,56 | a |
| BRSGO Ipameri | 57,56 | e | 140,11 | a | 80,17 | d | 104,56 | c | 12,67 | d | 14,67 | e | 29,50 | b | 23,05 | c | 17,75 | c | 12,84 | b | 31,44 | c | 17,00 | b | 2,41 | a | 0,56 | b |
| BRSGO Indiará | 53,11 | e | 133,44 | b | 71,28 | d | 84,95 | d | 12,11 | d | 13,11 | e | 25,94 | b | 21,42 | c | 16,84 | c | 12,59 | b | 26,55 | d | 22,32 | a | 2,12 | c | 0,59 | a |
| M-SOY 108 | 66,78 | c | 139,22 | b | 66,00 | e | 80,28 | e | 14,67 | c | 16,89 | c | 17,45 | c | 22,99 | c | 17,19 | c | 12,54 | b | 31,56 | c | 16,21 | b | 2,45 | a | 0,55 | b |
| M-SOY 5942 | 40,55 | g | 113,89 | d | 21,00 | f | 33,44 | g | 8,22 | e | 11,11 | f | 5,56 | d | 11,57 | e | 9,05 | e | 6,78 | d | 15,89 | e | 17,30 | b | 2,47 | a | 0,59 | a |
| M-SOY 6101 | 46,67 | f | 117,89 | d | 35,17 | f | 64,11 | f | 10,11 | e | 13,34 | e | 10,05 | d | 16,43 | d | 13,09 | d | 9,42 | c | 20,55 | e | 17,85 | a | 2,57 | a | 0,57 | a |
| M-SOY 7204 | 44,56 | g | 117,56 | d | 50,39 | e | 59,67 | f | 9,55 | e | 10,22 | f | 9,17 | d | 13,30 | e | 10,70 | e | 8,03 | d | 17,89 | e | 18,02 | a | 2,50 | a | 0,60 | a |
| M-SOY 7373 RR | 51,00 | e | 114,89 | d | 41,17 | f | 50,50 | g | 10,89 | e | 12,33 | e | 12,50 | d | 15,00 | e | 12,81 | d | 9,66 | c | 22,33 | e | 19,47 | a | 2,22 | b | 0,64 | a |
| M-SOY 7501 | 47,67 | f | 119,00 | d | 29,67 | f | 30,83 | g | 10,11 | e | 10,22 | f | 7,39 | d | 13,74 | e | 11,21 | e | 8,14 | d | 22,89 | e | 16,26 | b | 2,23 | b | 0,59 | a |
| M-SOY 7575 RR | 45,67 | g | 116,00 | d | 37,50 | f | 43,44 | g | 10,22 | e | 10,44 | f | 7,89 | d | 14,72 | e | 12,38 | d | 8,29 | d | 23,22 | e | 16,87 | b | 2,17 | c | 0,56 | a |
| M-SOY 7894 | 52,00 | e | 119,11 | d | 44,50 | f | 62,22 | f | 11,44 | d | 13,89 | e | 13,72 | d | 17,27 | d | 14,42 | d | 11,17 | c | 23,45 | e | 19,30 | a | 2,48 | a | 0,65 | a |
| M-SOY 7900 | 44,89 | g | 125,34 | c | 27,39 | f | 58,22 | f | 8,67 | e | 14,78 | e | 9,50 | d | 20,07 | d | 16,08 | c | 11,96 | b | 28,33 | d | 18,53 | a | 2,28 | b | 0,60 | a |
| M-SOY 8000 RR | 52,67 | e | 122,22 | c | 40,89 | f | 45,00 | g | 10,55 | e | 10,89 | f | 9,39 | d | 19,45 | d | 14,85 | d | 11,02 | c | 27,00 | d | 19,64 | a | 2,08 | c | 0,57 | a |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| M-SOY 8008 RR | 44,67 | g | 128,44 | c | 29,55 | f | 50,33 | g | 9,44 | e | 12,11 | f | 11,61 | d | 17,72 | d | 14,66 | d | 11,00 | c | 27,89 | d | 19,08 | a | 2,07 | c | 0,62 | a |
| M8336RR | 53,11 | e | 129,00 | c | 62,39 | e | 81,56 | e | 11,89 | d | 14,11 | e | 18,11 | c | 24,18 | c | 19,02 | b | 14,09 | a | 29,11 | c | 19,38 | a | 2,50 | a | 0,58 | a |
| M8527RR | 62,45 | d | 132,00 | b | 74,44 | d | 91,39 | d | 12,78 | d | 15,33 | d | 21,11 | c | 19,90 | d | 14,35 | d | 10,77 | c | 23,45 | e | 19,11 | a | 2,41 | a | 0,54 | b |
| M-SOY 8866 | 66,55 | c | 131,67 | b | 92,66 | c | 110,00 | c | 15,11 | c | 17,11 | c | 29,94 | b | 22,04 | c | 16,32 | c | 12,29 | b | 35,33 | b | 16,33 | b | 2,13 | c | 0,56 | b |
| M-SOY 8787 RR | 58,89 | d | 129,44 | c | 67,22 | e | 80,61 | e | 12,33 | d | 13,44 | e | 17,61 | c | 25,30 | c | 18,95 | b | 13,71 | b | 32,00 | c | 19,91 | a | 2,16 | c | 0,54 | b |
| M8925RR | 64,67 | c | 137,00 | b | 105,56 | b | 133,72 | b | 15,00 | c | 18,56 | c | 37,00 | a | 25,36 | c | 17,80 | c | 13,20 | b | 30,67 | c | 17,00 | b | 2,53 | a | 0,52 | b |
| M-SOY 8998 | 62,00 | d | 130,33 | c | 63,28 | e | 79,61 | e | 12,89 | d | 14,45 | e | 21,06 | c | 23,64 | c | 17,86 | c | 12,97 | b | 31,56 | c | 18,13 | a | 2,30 | b | 0,55 | b |
| M-SOY 9001 | 67,11 | c | 141,00 | a | 97,78 | c | 111,50 | c | 14,00 | c | 16,33 | d | 26,50 | b | 22,87 | c | 16,53 | c | 12,12 | b | 27,22 | d | 19,00 | a | 2,35 | b | 0,53 | b |
| M9056RR | 66,44 | c | 141,44 | a | 87,78 | c | 107,28 | c | 13,33 | c | 16,78 | d | 28,83 | b | 22,52 | c | 16,89 | c | 12,47 | b | 28,89 | d | 17,92 | a | 2,43 | a | 0,55 | b |
| M-SOY 9350 | 71,00 | b | 144,00 | a | 67,28 | e | 84,00 | d | 15,56 | c | 18,00 | c | 19,22 | c | 24,19 | c | 16,94 | c | 11,86 | b | 27,78 | d | 18,63 | a | 2,31 | b | 0,49 | b |
| BRSGOMineiros | 49,56 | f | 128,44 | c | 43,33 | f | 92,11 | d | 11,56 | d | 18,44 | c | 15,28 | c | 19,63 | d | 15,90 | c | 11,19 | c | 25,78 | d | 18,94 | a | 2,30 | b | 0,57 | a |
| Missões | 48,34 | f | 124,78 | c | 49,22 | e | 54,00 | g | 9,45 | e | 9,89 | f | 10,61 | d | 17,27 | d | 14,11 | d | 11,11 | c | 26,11 | d | 19,26 | a | 2,21 | b | 0,64 | a |
| NK 412 113 | 43,33 | g | 114,44 | d | 33,06 | f | 62,56 | f | 10,22 | e | 12,78 | e | 8,67 | d | 12,87 | e | 10,85 | e | 8,15 | d | 16,78 | e | 18,99 | a | 2,56 | a | 0,63 | a |
| Ônix-1 | 65,55 | c | 142,33 | a | 92,44 | c | 104,61 | c | 14,55 | c | 16,11 | d | 32,95 | a | 19,40 | d | 13,90 | d | 10,45 | c | 27,22 | d | 17,67 | b | 2,18 | c | 0,55 | b |
| Ônix-2 | 76,00 | a | 145,78 | a | 111,11 | b | 130,50 | b | 18,67 | a | 22,78 | a | 36,55 | a | 27,61 | b | 21,60 | a | 15,61 | a | 46,78 | a | 15,47 | b | 2,17 | c | 0,57 | a |
| BRS Pirarara | 75,89 | a | 147,78 | a | 89,67 | c | 118,22 | b | 16,11 | b | 19,89 | b | 31,56 | b | 26,66 | b | 18,82 | b | 13,34 | b | 30,67 | c | 20,55 | a | 2,12 | c | 0,50 | b |
| BRSMT Pintado | 65,67 | c | 140,89 | a | 96,56 | c | 113,55 | c | 14,00 | c | 15,78 | d | 21,33 | c | 24,85 | c | 19,08 | b | 13,36 | b | 32,89 | c | 19,16 | a | 2,13 | c | 0,54 | b |
| P98C21 | 53,56 | e | 134,00 | b | 42,00 | f | 51,66 | g | 10,78 | e | 11,78 | f | 10,89 | d | 23,87 | c | 19,43 | b | 14,71 | a | 35,56 | b | 17,49 | b | 2,43 | a | 0,62 | a |
| P98C81 | 62,00 | d | 142,56 | a | 59,22 | e | 80,61 | e | 12,55 | d | 14,78 | e | 16,33 | c | 23,58 | c | 18,96 | b | 13,90 | a | 28,33 | d | 18,90 | a | 2,61 | a | 0,59 | a |
| P98N31 | 66,56 | c | 135,22 | b | 89,55 | c | 105,05 | c | 15,45 | c | 17,22 | c | 27,61 | b | 22,63 | c | 17,36 | c | 12,31 | b | 30,22 | c | 18,50 | a | 2,20 | c | 0,55 | b |
| P98N71 | 67,11 | c | 146,11 | a | 89,89 | c | 101,56 | c | 13,89 | c | 15,67 | d | 25,00 | b | 20,72 | c | 16,28 | c | 11,82 | b | 26,33 | d | 19,27 | a | 2,35 | b | 0,57 | a |
| P98N82 | 72,67 | a | 152,44 | a | 130,11 | a | 154,22 | a | 16,67 | b | 20,56 | b | 41,00 | a | 29,50 | a | 20,44 | a | 14,79 | a | 36,78 | b | 18,00 | a | 2,25 | b | 0,50 | b |
| P99R01 | 69,33 | b | 154,33 | a | 90,56 | c | 107,45 | c | 14,89 | c | 17,45 | c | 34,11 | a | 24,93 | c | 18,22 | c | 12,75 | b | 38,56 | b | 15,21 | b | 2,18 | c | 0,51 | b |
| BRS Raimunda | 68,33 | c | 145,78 | a | 78,29 | d | 102,61 | c | 14,45 | c | 17,89 | c | 34,89 | a | 23,72 | c | 17,13 | c | 13,07 | b | 30,44 | c | 18,62 | a | 2,31 | b | 0,55 | b |
| FMT Saara | 69,44 | b | 145,11 | a | 92,89 | c | 112,06 | c | 15,89 | b | 19,11 | b | 34,72 | a | 25,47 | c | 18,26 | c | 13,04 | b | 28,67 | d | 19,00 | a | 2,40 | a | 0,51 | b |
| BRS Sambaíba | 61,22 | d | 134,33 | b | 86,67 | c | 103,05 | c | 15,56 | c | 19,11 | b | 20,78 | c | 31,57 | a | 21,71 | a | 14,60 | a | 31,44 | c | 18,65 | a | 2,48 | a | 0,46 | b |
| BRSSilvânia RR | 56,89 | e | 124,44 | c | 74,33 | d | 87,11 | d | 14,22 | c | 16,22 | d | 21,72 | c | 26,91 | b | 21,31 | a | 16,03 | a | 40,44 | a | 18,24 | a | 2,18 | c | 0,60 | a |
| FMT Tabarana | 62,44 | d | 141,67 | a | 67,89 | e | 83,28 | d | 11,67 | d | 12,78 | e | 23,11 | b | 16,78 | d | 13,54 | d | 10,06 | c | 20,67 | e | 20,56 | a | 2,36 | b | 0,60 | a |

| | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
|-----------------------|-------|---|--------|---|--------|---|--------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|-------|---|------|---|------|---|
| Tianá RR | 64,56 | c | 138,00 | b | 69,67 | d | 87,78 | d | 14,56 | c | 17,00 | c | 22,28 | c | 30,20 | a | 23,24 | a | 16,54 | a | 33,22 | c | 19,67 | a | 2,53 | a | 0,55 | b |
| BRS Tracajá | 61,78 | d | 132,33 | b | 85,89 | c | 113,67 | c | 14,78 | c | 19,22 | b | 20,06 | c | 25,08 | c | 19,61 | b | 12,74 | b | 29,55 | c | 16,97 | b | 2,55 | a | 0,51 | b |
| TMG 103RR | 66,56 | c | 146,11 | a | 62,56 | e | 80,78 | e | 14,56 | c | 17,55 | c | 15,22 | c | 26,08 | b | 20,22 | b | 14,58 | a | 37,67 | b | 15,16 | b | 2,57 | a | 0,56 | b |
| BRSMUirapuru | 66,22 | c | 145,67 | a | 83,89 | d | 108,78 | c | 15,33 | c | 19,55 | b | 30,44 | b | 23,52 | c | 18,26 | c | 13,79 | b | 30,22 | c | 18,07 | a | 2,52 | a | 0,59 | a |
| BRS Valiosa RR | 54,55 | e | 124,11 | c | 81,55 | d | 100,22 | c | 12,33 | d | 12,89 | e | 31,06 | b | 23,71 | c | 17,97 | c | 11,92 | b | 25,78 | d | 19,27 | a | 2,38 | a | 0,51 | b |
| Safira | 52,00 | e | 123,00 | c | 78,55 | d | 90,78 | d | 11,89 | d | 12,11 | f | 24,44 | b | 23,94 | c | 18,87 | b | 14,16 | a | 31,44 | c | 17,97 | a | 2,50 | a | 0,59 | a |
| Riqueza | 73,78 | a | 142,00 | a | 87,78 | c | 125,83 | b | 16,11 | b | 21,78 | a | 27,94 | b | 24,59 | c | 19,91 | b | 13,26 | b | 27,45 | d | 21,29 | a | 2,28 | b | 0,54 | b |
| Turmalina | 76,67 | a | 137,56 | b | 117,33 | a | 132,56 | b | 17,89 | a | 19,78 | b | 32,50 | a | 24,06 | c | 17,88 | c | 13,49 | b | 38,89 | b | 16,95 | b | 2,06 | c | 0,56 | a |
| Tópazio SM | 70,56 | b | 146,22 | a | 103,11 | b | 104,83 | c | 16,78 | b | 18,44 | c | 32,72 | a | 26,17 | b | 18,47 | c | 12,93 | b | 33,11 | c | 16,97 | b | 2,31 | b | 0,50 | b |

Médias com a mesma letra pertencem ao mesmo grupo pelo teste Scott e Knott ao nível de 1% de probabilidade.

Divergência genética entre genótipos de soja por técnicas multivariadas

Caracteres Qualitativos

Na Figura 1 está apresentado o dendrograma resultante da dissimilaridade dos genótipos com base em caracteres qualitativos. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,72, indicando que a representação gráfica está de acordo com as dissimilaridades entre os pares de genótipos.

Pelo dendrograma, ao realizar um corte em torno de 68% de dissimilaridade, as cultivares foram separadas em nove grupos, sendo que três delas, M-SOY 6101, M-SOY 7894 e UFUS Impacta permaneceram em grupos individuais, sendo portanto, completamente distintas. Vieira *et al.* (2009) também distinguiram completamente dez cultivares de soja ao utilizar somente caracteres morfológicos. Resultados semelhantes também foram obtidos por Camps *et al.* (1994) ao diferenciar vinte cultivares de soja com caracteres de plântula e semente.

A maioria das características observadas nas cultivares está de acordo com aquelas publicadas pelo Ministério da Agricultura – Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (MAPA-SNPC) disponibilizadas na site do MAPA, com exceção, predominantemente, para o caráter tipo de crescimento. Vieira (2004) relatou que mesmo caracteres morfológicos são passíveis de variação, o que altera a classificação de cultivares de soja.

Quatro dos caracteres qualitativos avaliados (cor de flor, cor de pubescência, cor do hilo e tipo de crescimento) estão entre os descritores oficiais de soja considerados como características agrupadoras (Brasil, 2009). Desse modo, mesmo que esses caracteres não influenciem os de importância agrônômica, eles são essenciais na diferenciação e caracterização de cultivares de soja e, também, em estudos de diversidade genética.

Aproximadamente 51% das cultivares estudadas apresentaram cor de flor roxa, 38 % pubescência cinza, 41% baixo brilho do tegumento. Predominantemente, as cultivares apresentaram tipo de crescimento determinado e/ou semideterminado, sendo que apenas 11 % foram classificadas como tipo crescimento indeterminado. Ao comparar as classificações referentes ao tipo de crescimento com as descrições publicadas pelo SNPC, apenas duas cultivares seriam classificadas como tipo semideterminado. Isso ocorre, devido à dificuldade de diferenciar as plantas de tipo de crescimento determinado e semideterminado.

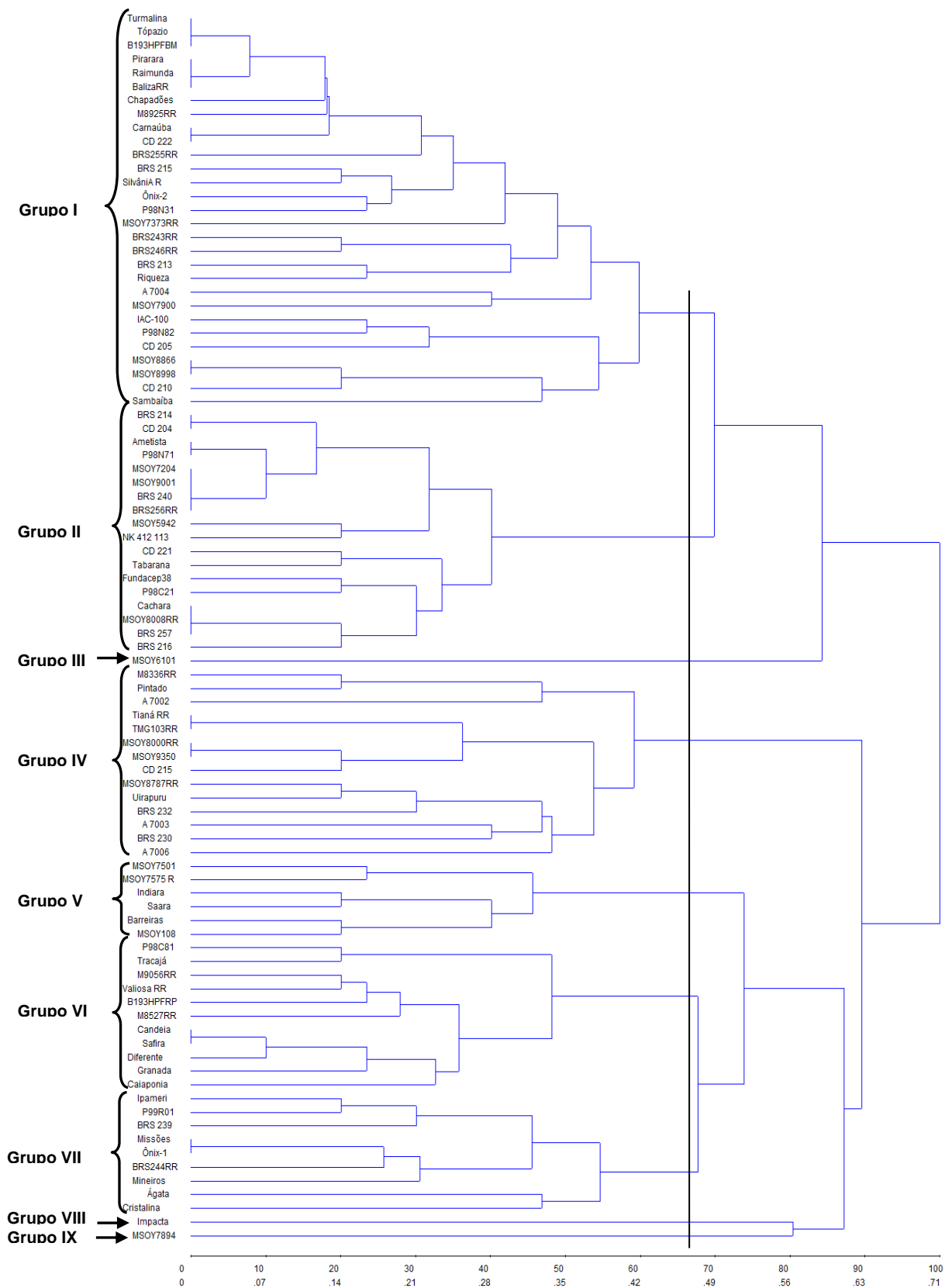


Figura 1. Dendrograma ilustrativo da análise de 90 genótipos de soja pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) obtido a partir da matriz de dissimilaridade do complemento da coincidência simples de caracteres qualitativos (intensidade pigmentação hipocótilo, cor de flor, cor pubescência, tipo crescimento, cor da vagem, cor do hilo e brilho do tegumento). Coeficiente correlação cofenética: 072**.

Caracteres Quantitativos

Pela dissimilaridade genética entre os genótipos com base nos caracteres avaliados (NDF, NDM, APF, APM, NNF, NNM, APV, MSPA, MSV, NVP, PG, PCG, NGV e IC), verificou-se que os genótipos mais similares foram Granada e BRS Sambaíba, cujo valor de D^2 foi de 4,48. Por outro lado, a maior dissimilaridade genética de 437,69 foi verificada entre os genótipos BRS Candeia e M-SOY 5942. A existência de variabilidade e dissimilaridade genética é um indicativo que o grupo de genótipos estudados podem ser explorados como fonte de parentais para hibridação.

Na Figura 2, está apresentado o dendrograma gerado com base na matriz da distância generalizada de Mahalanobis obtida com quatorze caracteres na semeadura de fevereiro. O coeficiente de correlação cofenética foi de 0,71 e a distorção de 19,1 % indicando que o dendrograma reflete a matriz de dissimilaridade genética adequadamente.

Para análise do dendrograma, levou-se em consideração a possibilidade de corte significativo, conjuntamente com o exame visual do dendrograma. Um corte significativo em cerca de 42% de dissimilaridade possibilitou a formação de oito grupos distintos.

O grupo I foi constituído de 43 genótipos, abrangendo 47,48% dos genótipos estudados (Figura 2). Esse grupo foi representado por cultivares de soja pertencentes a diferentes empresas de melhoramento genético de soja. Tal fato evidencia a similaridade genética entre cultivares de soja, mesmo entre programas distintos. Esse mesmo grupo foi representado pelos genótipos da região de adaptação Centro-oeste.

Os grupos VII e VIII consistiram de treze e dezoito genótipos representando, respectivamente, 14,44 % e 20 % dos genótipos estudados (Figura 2). Esses dois grupos são da região de adaptação Sul e Sudeste predominantemente. Para os demais agrupamentos incluíram de 1 a 8 genótipos, em que as cultivares Ametista e Ônix 2 compuseram grupos individuais.

Em estudos de diversidade genética com base em caracteres fenotípicos, Cui *et al.* (2001) distinguiram cultivares chinesas e americanas ao utilizar a metodologia de ligação média intragrupo.

A análise de agrupamento pelo método de otimização de Tocher propiciou a formação de onze grupos distintos (Tabela 5).

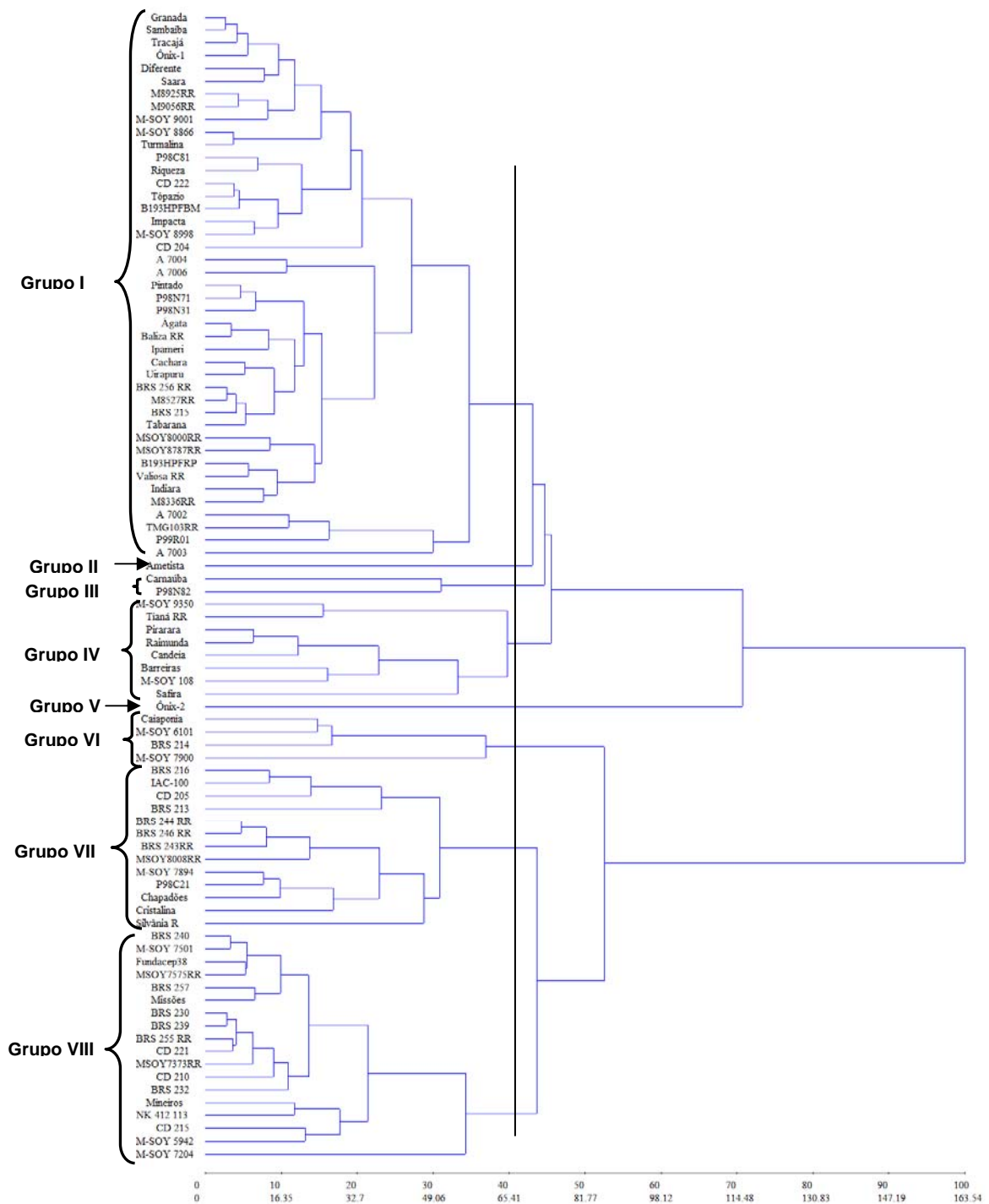


Figura 2. Dendrograma ilustrativo da análise de 90 genótipos de soja pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) obtido com a distância generalizada de Mahalanobis gerada com 14 caracteres (NDF, APF, NNF, NDM, APM, NNM, APV, MSPA, MSV, NVP, PG, PCG, NGV e IC) com semeadura em Fev/2007. Coeficiente de correlação cofenética (r): 071**. Distorção: 191 %.

Tabela 5. Agrupamento de 90 genótipos de soja pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, como medida de distância genética, obtida com quatorze caracteres agrônômicos avaliados em semeadura de fevereiro de 2007

| Grupos | Genótipos |
|--------|---|
| I | Granada; BRS Sambaíba; BRS Tracajá; Ônix-1; M8925RR; CD 222; B193HPFBM; Tópazio; M-SOY 9001; M9056RR; FMT Saara; BRSGO Ipameri; BRS Baliza RR; BRS Diferente; Ágata; M-SOY 8787 RR; BRSMT Uirapuru; UFUS Impacta; P98N31; M8527RR; BRS 256 RR; P98N71; CD 204; FMT Cachara; M-SOY 8998; P98C81; Riqueza; M-SOY 8866; TMG 103RR; BRSMT Pintado; BRS 215; BRS Valiosa RR; FMT Tabarana; B193HPFRP; BRSGO Chapadões; M8336RR; M-SOY 8000 RR; A 7004; A 7006; P98C21; BRSGO Indiará; FT-Cristalina; Turmalina; Safira; BRS Raimunda; A 7003 |
| II | BRS 230; BRS 239; BRS 255 RR; CD 221; M-SOY 7373 RR; Fundacep Missões; Fundacep 38; CD 210; M-SOY 7575 RR; M-SOY 7501; BRS 240; BRS 257; BRSGO Mineiros; BRS 232; CD 215; BRS 243RR; BRS 246 RR; BRS 244 RR; BRS 213; M-SOY 5942; NK 412 113; IAC-100; CD 205; BRS 214; BRS 216 |
| III | BRS Candeia; BRS Pirarara; BRS Barreiras; M-SOY 108; M-SOY 9350; Tianá RR |
| IV | BRSGO Caiapônia; M-SOY 6101 |
| V | M-SOY 7894; M-SOY 8008 RR; BRS Silvânia RR |
| VI | A 7002; P99R01 |
| VII | BRS Carnaúba; P98N82 |
| VIII | BMS Ametista |
| IX | BMS Ônix-2 |
| X | M-SOY 7900 |
| XI | M-SOY 7204 |

O grupo I teve maior número de representantes (51,11 %), seguido do grupo II que incorporou 27,78% dos 90 genótipos estudados. O grupo III incluiu seis genótipos e o grupo V englobou três genótipos. Constituíram os grupos IV, VI e VII dois genótipos cada um. Os grupos VIII, IX, X e XI foram formados por apenas um genótipo cada, sugerindo, que estes são os mais divergentes.

Verificou-se semelhança na constituição dos grupos entre a metodologia da ligação média intragrupo e o método de otimização de Tocher. Predominantemente, a classificação dos genótipos nos grupos entre as duas metodologias foram coincidentes, salvo algumas exceções tais como, FT-Cristalina, P98C21, Turmalina, Safira que pertenceram a grupos diferentes.

Alternativamente, pôde-se avaliar a diversidade genética com base em estatísticas multivariadas por meio de representações dos genótipos em dois ou mais planos. Uma possibilidade é o uso de componentes principais. Além disso, o uso de metodologias distintas permite melhor compreensão da divergência genética entre genótipos.

Os componentes principais foram constituídos pela combinação linear de todas as variáveis originais (NDF, NDM, APF, APM, NNF, NNM, APV, MSPA, MSV, PG, NVP, PCG, NGV e IC) independentes entre si e estimados com a finalidade de reter, por ordem de estimação, o máximo de informação em termos de variação total contida nos dados iniciais. Na Tabela 6 são apresentadas as variâncias (autovalores) e as variâncias percentuais dos componentes principais. De acordo com Cruz *et al.* (2004), para uma interpretação satisfatória da variabilidade manifestada, é necessário que os primeiros componentes principais permitam estimativas mínimas de 80 % da variação total contidas no conjunto de caracteres, o que foi obtido, com três primeiros componentes principais, que representaram 82,98 % da variação total.

Estudando a diversidade genética no norte dos Estados Unidos, Gislice *et al.* (1993a) cultivaram quatorze genótipos de soja em condições controladas e realizaram análises multivariadas com caracteres da folha, planta e grão. Conforme os autores, quatro componentes principais foram necessários para explicar acima de 80 % da variação total.

Tabela 6. Variâncias, variâncias percentuais e variâncias acumuladas em percentuais em relação aos componentes principais em 90 cultivares de soja na semeadura de fevereiro, Viçosa-MG

| Componente principal | Variância | Variância (%) | Variância acumulada (%) |
|-----------------------------|------------------|----------------------|--------------------------------|
| 1 | 7,211 | 51,51 | 51,51 |
| 2 | 3,249 | 23,21 | 74,72 |
| 3 | 1,157 | 8,26 | 82,98 |
| 4 | 0,857 | 6,12 | 89,10 |
| 5 | 0,566 | 4,04 | 93,14 |
| 6 | 0,357 | 2,56 | 95,70 |
| 7 | 0,222 | 1,59 | 97,29 |
| 8 | 0,128 | 0,92 | 98,21 |
| 9 | 0,104 | 0,74 | 98,95 |
| 10 | 0,054 | 0,39 | 99,34 |
| 11 | 0,042 | 0,30 | 99,64 |
| 12 | 0,025 | 0,18 | 99,82 |
| 13 | 0,018 | 0,13 | 99,95 |
| 14 | 0,007 | 0,05 | 100,00 |

A análise de dispersão gráfica dos três primeiros componentes principais (Figura 3) evidencia que os genótipos MSOY-5942, MSOY 7204, A7002, Ametista, P98N82 e BRS Carnaúba foram os mais distantes e participaram de grupos distintos.

Verificou-se a formação de cinco grupos, sendo o maior deles constituído por 63 genótipos de soja, com adaptação no Centro-Oeste. Este fato reforça os resultados obtidos pelos agrupamentos UPGMA e Tocher.

A cultivar 27 (BRS Carnaúba) foi considerada um grupo isolado, pelo fato de ser um dos genótipos, cuja adaptação é para o Norte e Nordeste, o que indica ele como o mais divergente dos outros. A cultivar (A7002) constituiu um grupo distinto, pelo fato de ser aquele que se destacou entre os genótipos ampla adaptação, isto é, recomendado para cultivo desde a região Sul até ao Norte do País.

Pela genealogia de algumas cultivares pertencentes ao mesmo grupo (Tabela 5), verificaram-se parentais em comum, como as cultivares BRS Sambaíba e BRS Tracajá no grupo I: ambas apresentam em suas genealogias as cultivares Dourados e Ocepar 9-SS-1 (El-Husny *et al.*, 2003). No mesmo grupo, as linhagens B193HPFRP e B193HPFBM são linhas irmãs. Ainda no grupo I, as cultivares BRS 256 RR e BRS Valiosa RR tiveram a cultivar Conquista como parental.

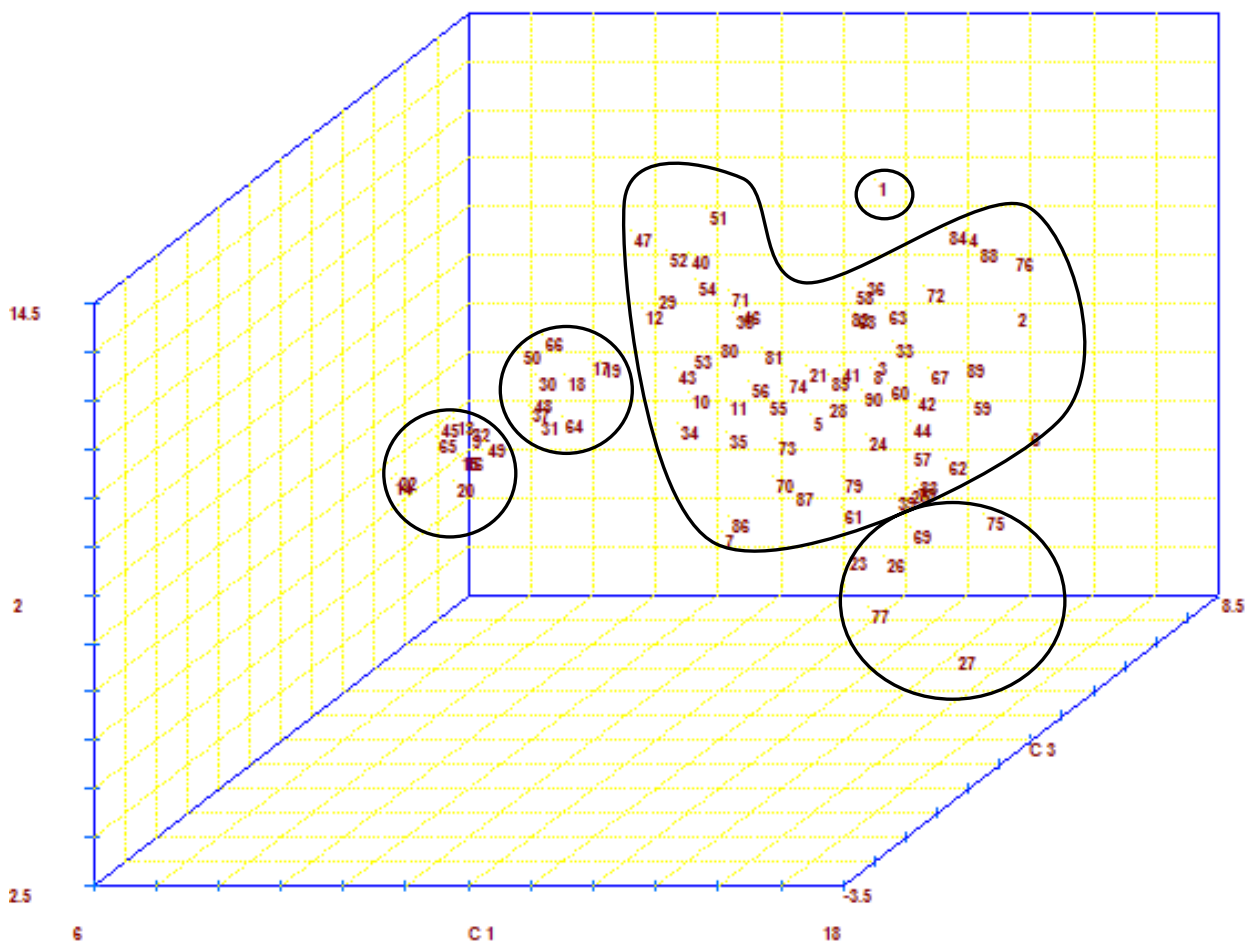


Figura 3. Dispersão gráfica do primeiro, segundo e terceiro componente principal (C1 C2 e C3) gerados com 14 caracteres agrônômicos na semeadura de fevereiro de 2007.

As cultivares BRS 230 e BRS 232 (Tabela 5) possuem todos os parentais em comum (BR 85 85563, Embrapa 4(3) e Tracy M) (Almeida *et al.*, 2007) diferindo apenas no número de retrocruzamentos realizados. As cultivares BRS 243RR e BRS 244RR possuem, em sua genealogia Embrapa 59 e o *bulk* E96 246 como parentais semelhantes. No grupo III, BRS Candeia e BRS Pirarara possuem em suas genealogias FT-Cristalina e Braxton. É válido enfatizar, que esses são alguns exemplos de parentais em comum de cultivares do mesmo grupo, entretanto, a análise ideal seria realizar o coeficiente de parentesco entre os genótipos e verificar a semelhança ou não entre os agrupamentos com os caracteres fenotípicos e o parentesco; todavia, tal análise não pôde ser realizada, pela falta de informações sobre as genealogias de muitas cultivares.

O uso de parentais com maior divergência genética para maximizar a heterose dos híbridos, incrementa a probabilidade de um indivíduo superior na população segregante e com ampla base genética. Desse modo, com base nos agrupamentos das Figuras (2 e 3) e Tabela 5, hibridações podem ser recomendadas, de modo que evite o cruzamento entre genótipos do mesmo grupo. Por outro lado, deve ser ressaltado que os agrupamentos gerados são provenientes apenas de características avaliadas nesse estudo, devendo, desse modo, ser considerado outros aspectos, tais como o comportamento dos genótipos em relação a doenças e pragas, o teor de óleo e proteína e, também aqueles que estejam entre os objetivos do programa de melhoramento.

A correlação realizada com as matrizes de dissimilaridade genética na semeadura de fevereiro e de dezembro foi de 0,71 significativa a 1 % pelo teste Z de Mantel com 10.000 permutações aleatórias. Considerou-se essa correlação de alta magnitude, indicando existir semelhança entre a dissimilaridade entre os pares de genótipos nas duas épocas, conforme verificado na Figura 4.

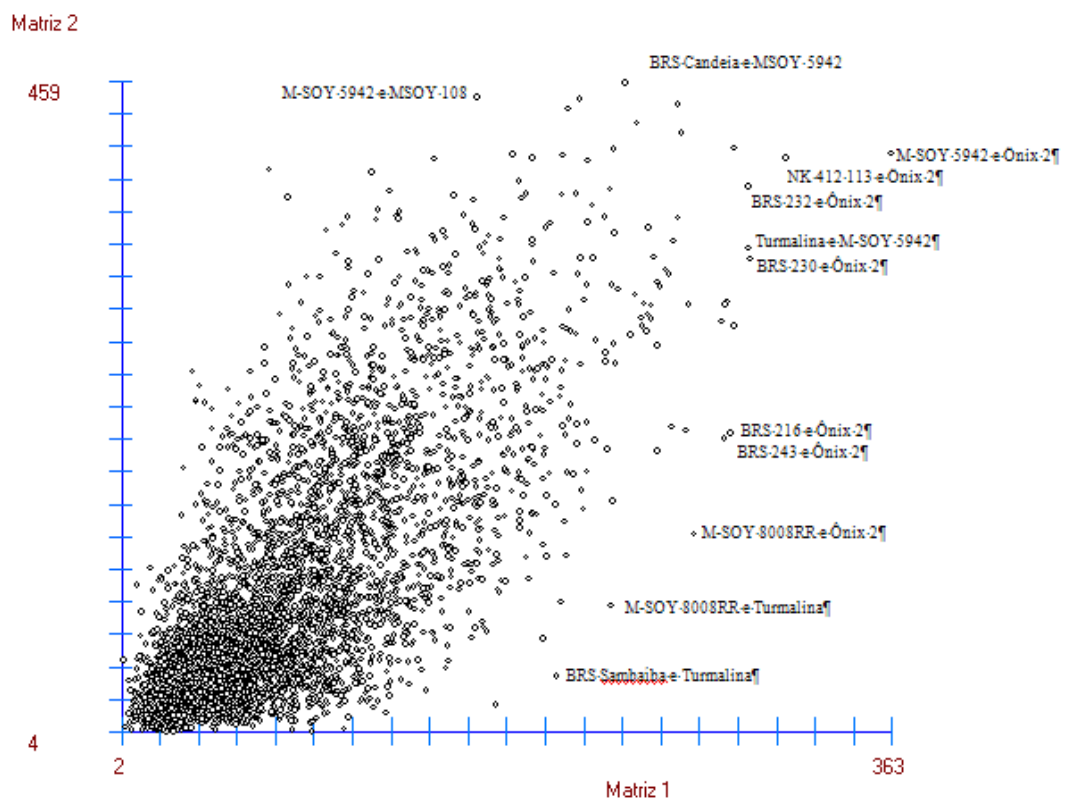


Figura 4. Dispersão gráfica das medidas de dissimilaridade entre os genótipos nas semeaduras de fevereiro (matriz 1) e dezembro (matriz 2). Correlação de 0,71⁺⁺.

Na semeadura de dezembro, a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) variou de 2,72 (BH193FRP e Safira) a 362,46 (Ônix 2 e M-SOY 5942). Em estudos de divergência genética com doze cultivares de soja no estado do Tocantins, Almeida (2008) verificou distâncias similares ao utilizar caracteres agrônômicos

Na Figura 5 está apresentado o dendrograma da semeadura de dezembro de 2007. Verificou-se que o coeficiente de correlação cofenética foi de 0,67 e significativo pelo teste t. A distorção foi de 14,6 %, estando abaixo de 20 %, conforme relatado por Cruz *et al.* (2004) para uma boa representação da matriz de dissimilaridade em uma figura.

Um corte significativo em torno de 42% de dissimilaridade possibilitou a constituição de seis grupos. Verificou-se ampla concentração de genótipos no grupo I, indicando baixa diversidade entre tais genótipos.

No grupo I concentrou a maioria dos genótipos (56,67%). Semelhantemente à semeadura de fevereiro, esse grande grupo reuniu os genótipos de região de adaptação Centro-Oeste, todavia, incorporou também os genótipos adaptados ao Norte e Nordeste.

O segundo maior agrupamento abrangeu o grupo VI, com 21 genótipos, o que corresponde a 31,11% do genótipos avaliados. Com exceção da cultivar M-SOY-6101 que tem ampla adaptação e as cultivares M-SOY 7373RR, M-SOY 7894 e M-SOY 8000 indicadas para o Centro-Oeste, esse grupo reuniu cultivares adaptadas ao Sul e Sudeste.

O grupo II e o V foram formados por cinco e quatro genótipos, respectivamente, indicados para o Centro-Oeste. Notou-se, que o grupo II foi formado predominante pelas cultivares da Nidera, indicando alta similaridade entre elas. As cultivares BRS Sambaíba e Ônix 2 compuseram grupos individuais.

O método de agrupamento de Tocher permitiu a divisão dos 90 genótipos em dezesseis grupos (Tabela 7). Dois grandes agrupamentos foram verificados, sendo que nos grupos I e II incluíram sessenta genótipos, representando 66,67 % do total de genótipos estudados. Seis grupos distintos envolveram de dois a seis genótipos, abrangendo de 2,22% a 6,67 % dos genótipos avaliados.

Oito genótipos foram alocados individualmente em cada grupo, destacando, desse modo, a alta dissimilaridade destes materiais. Em semelhança ao agrupamento verificado na semeadura de fevereiro, não se agruparam com os demais genótipos as cultivares M-SOY 7900, Ametista e Ônix 2.

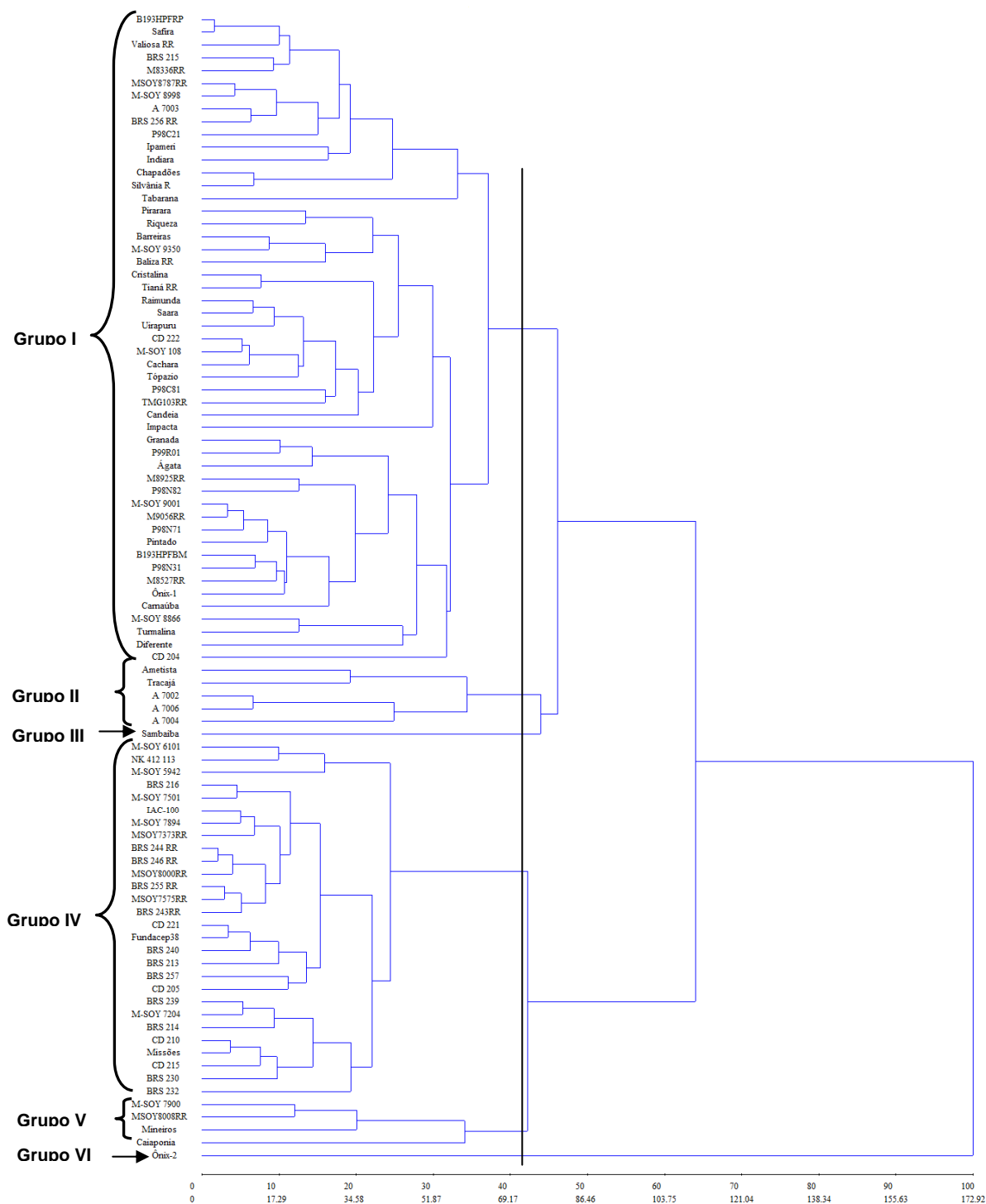


Figura 5. Dendrograma ilustrativo da análise de 90 genótipo de soja pelo método da ligação média entre grupo obtido com a distância generalizada de Mahalanobis (D^2) gerada com 14 caracteres (NDF, APF, NNF, NDM, APM, NNM, APV, MSPA MSV, NVP, PG, PCG, NGV e IC) na semeadura em Dez/2007. Coeficiente de correlação cofenética (r) é de 067**. Distorção 146 %.

Tabela 7. Agrupamento de 90 genótipos de soja pelo método de agrupamento de Tocher, utilizando a distância generalizada de Mahalanobis, como medida de distância genética, obtida com quatorze caracteres agrônômicos avaliados em semeadura de dezembro de 2007

| Grupos | Cultivares |
|--------|--|
| I | B193HPFRP; Safira; BRS215; M8336RR; BRS Valiosa RR; M-SOY 8787 RR; B193HPFBM; M-SOY 8998; A 7003; M8527RR; BRS 256 RR; Cachara; BRSGO Ipameri; P98N31; CD 222; M9056RR; M-SOY 9001; BRSMT Pintado; Ônix-1; Granada; P98N71; M8925RR; FMT Saara; M-SOY 108; BRS Raimunda; P98C81; M-SOY 8866; BRSMT Uirapuru; Topázio; P98C21; BRS Tracajá; FT-Cristalina |
| II | BRS 244 RR; BRS 246 RR; M-SOY 8000 RR; BRS 255 RR; BRS 243RR; M-SOY 7501; M-SOY 7575 RR; M-SOY 7373 RR; IAC-100; CD 210; CD 221; Fundacep-38; Missões; M-SOY 7894; CD 205; BRS 213; BRS 239; BRS 240; M-SOY 6101; M-SOY 7204; BRS 230; CD 215; BRS 216; BRS 257; M-SOY 5942; M-SOY 8008 RR; BRS 214; NK 412 113 |
| III | A 7002; A 7006; A 7004; BRSGO Mineiros |
| IV | BRSGO Chapadões; BRS Silvânia RR; Ágata |
| V | BRS Barreiras; M-SOY 9350; BRS Baliza RR; BRS Pirarara; Riqueza; BRS Candeia |
| VI | BRS Carnaúba; Turmalina; P98N82; P99R01 |
| VII | UFUS Impacta; TMG 103RR; Tianá RR |
| VIII | BRSGO Indiará; FMT Tabarana |
| IX | CD 204 |
| X | BRS232 |
| XI | BRS Diferente |
| XII | M-SOY 7900 |
| XIII | BRSGO Caiapônia |
| XIV | BMS Ametista |
| XV | BRS Sambaíba |
| XVI | Ônix-2 |

Na Tabela 8, verificou-se a necessidade de três componentes principais para reter 82,25 % da variação total. Com base na Figura 6, observou-se a dispersão dos genótipos, sendo os mais divergentes M-SOY 5942 e BRS Carnaúba. Notou-se que essa dispersão permitiu uma complementação na interpretação da divergência dos genótipos em relação ao agrupamentos pelo UPGMA e Tocher,.

Em ambas as épocas de semeadura, os genótipos transgênicos foram distribuídos em diferentes grupos, explicitando que o uso da tecnologia RR foi incorporada por diversos programas que desenvolvem cultivares para diferentes regiões de adaptação. Esse resultado é semelhante ao obtido por Sneller (2003) que relatou o uso dessa tecnologia em diferentes programas de melhoramento genético de soja nos Estados Unidos.

Tabela 8. Variâncias, variâncias percentuais e variâncias acumuladas em percentuais em relação aos componentes principais em 90 cultivares de soja na semeadura de dezembro, Viçosa-MG

| Componente principal | Variância | Variância (%) | Variância acumulada (%) |
|-----------------------------|------------------|----------------------|--------------------------------|
| 1 | 8,970 | 64,26 | 64,26 |
| 2 | 1,329 | 9,49 | 73,76 |
| 3 | 1,190 | 8,50 | 82,25 |
| 4 | 0,956 | 6,83 | 89,08 |
| 5 | 0,500 | 3,57 | 92,65 |
| 6 | 0,493 | 3,52 | 96,17 |
| 7 | 0,239 | 1,71 | 97,88 |
| 8 | 0,147 | 1,05 | 98,94 |
| 9 | 0,086 | 0,61 | 99,55 |
| 10 | 0,033 | 0,24 | 99,79 |
| 11 | 0,015 | 0,11 | 99,90 |
| 12 | 0,007 | 0,05 | 99,95 |
| 13 | 0,005 | 0,04 | 99,99 |
| 14 | 0,001 | 0,01 | 100,00 |

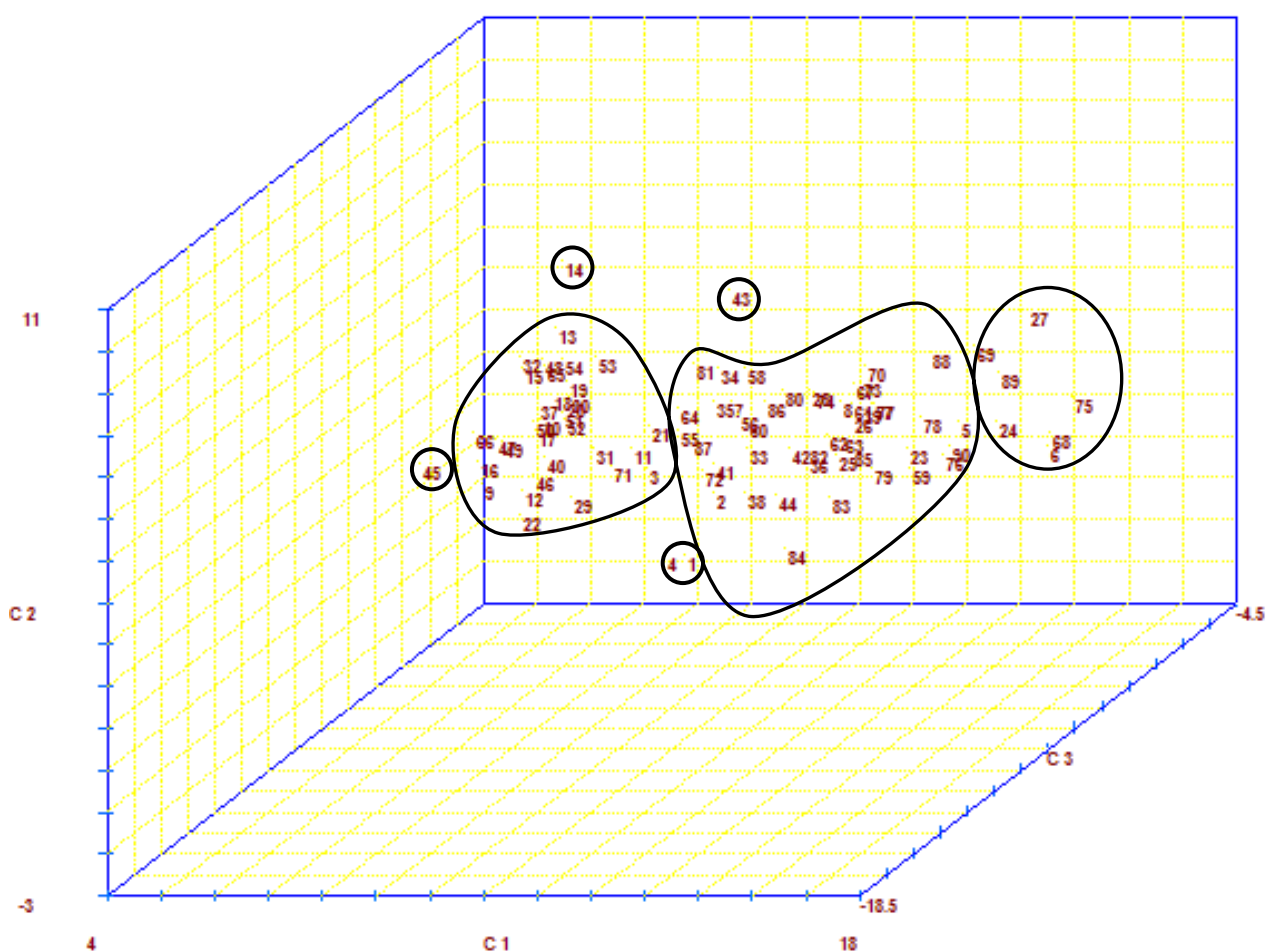


Figura 6. Dispersão gráfica do primeiro segundo e terceiro componente principal (C1, C2 e CP3) gerados com 14 caracteres agrônômicos na semeadura de dezembro de 2007.

Nas duas épocas de semeadura, ao analisar as três metodologias utilizadas, verificou-se boa concordância na classificação dos genótipos, o que torna as informações consistentes, e pode ser útil na orientação do melhorista na escolha de parentais.

Os agrupamentos gerados nas duas épocas de semeadura foram coincidentes com a região de adaptação dos genótipos. Wang *et al.* (2006), em estudos com 129 acessos cultivados na China avaliados com marcadores microssatélites verificaram forte tendência de se agrupar por latitude, isto é, também por área de adaptação. Os autores explicam o resultado, pelo fato da planta de soja ser sensível ao fotoperíodo.

Os agrupamentos gerados permitem a identificação de parentais para cruzamentos promissores. Nesse contexto, o ideal é a escolha de cultivares pertencentes à grupos distintos. Além disso, deve-se enfatizar que a escolha dos genitores deve considerar também o comportamento *per se* de cada genótipo, de tal modo que combine genótipos de desempenho satisfatório para os caracteres que se pretende melhorar.

Observando a Tabela 9, notou-se que os caracteres que mais contribuíram para a divergência na semeadura de fevereiro foram número de dias para florescimento (48,70 %), altura da planta na maturidade (7,90 %) e número de dias para maturidade (7,86 %). Na semeadura de dezembro os caracteres mais importantes foram massa seca da parte aérea (18,45 %), produção de grãos (15,87 %) e número de dias para o florescimento (15,05 %)

Tabela 9. Contribuição relativa de caracteres para a dissimilaridade genética de 90 genótipo de soja, pelo método proposto por Singh (1981), em duas épocas de semeadura,

| Caráter ¹ | Contribuição relativa (%) | |
|----------------------|---------------------------|---------------|
| | Fevereiro 2007 | Dezembro 2007 |
| NDF | 48,70 | 15,05 |
| NDM | 7,86 | 8,41 |
| APF | 1,38 | 5,88 |
| APM | 7,90 | 3,38 |
| NNF | 6,59 | 5,56 |
| NNM | 1,72 | 5,68 |
| APV | 1,42 | 0,91 |
| MSPA | 1,74 | 18,45 |
| MSV | 1,61 | 4,07 |
| PG | 1,10 | 15,87 |
| NVP | 5,34 | 7,46 |
| PCG | 3,15 | 1,81 |
| NGV | 4,33 | 2,81 |
| IC | 7,17 | 4,66 |

¹NDF e NDM (número de dias para florescimento e maturidade); APF e APM (altura da planta no florescimento e na maturidade); NNF e NNM (número de nós na haste principal no florescimento e maturidade); APV (altura da primeira vagem); MSPA e MSV (matéria seca da parte aérea e vagem); PG (produção de grãos por planta); NVP (número total de vagens por planta); PCG (peso de 100 grãos); NGV (número médio de grãos por vagem); e IC (índice e colheita).

Os resultados obtidos nesse estudo corroboram como os obtidos por Almeida (2008), que relatou que os caracteres que mais contribuíram para divergência de 12 genótipos de soja foram número de dias para florescimento e a maturidade, que contribuíram com 53,98 % da dissimilaridade. Por outro lado, Gizlice *et al.* (1993a) observaram que o caráter de melhor discriminação de genótipos de soja foi o peso de 100 grãos, seguido da área foliar e conteúdo de nitrogênio na folha.

4. CONCLUSÕES

Os caracteres agronômicos avaliados em soja cultivada em vaso e em condições de casa de vegetação analisadas com técnicas multivariadas permitem avaliar a diversidade genética de soja.

O método de otimização de Tocher e o método hierárquico da ligação média intragrupo foram concordantes e eficazes em agrupar os genótipos de soja.

Em torno de 50% dos genótipos constituíram um mesmo grupo, pertencentes à região de adaptação Centro-Oeste;

Os genótipos de soja estudados apresentaram alta divergência genética com base em caracteres agronômicos;

O número de dias para o florescimento foi um dos caracteres que mais contribuíram para a dissimilaridade genética entre genótipos de soja.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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**. 2009, 59p. Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal), Universidade Federal do Tocantins, 2008.

ALMEIDA, L.A.; PÍPOLO, A.E.; GOMIDE, F.B.; ARIAS, C.A.A.; CARNEIRO, G.E.S.; KASTER, M.; TOLEDO, J.F.F.; CARRÃO-PANIZZI, M.C.; MIRANDA, L.C.; DOMIT, L.A.; DIAS, W.P.; YORINI, J.T.; ALMEIDA, A.M.R. (2007). BRS 232 Extensão de indicação para região sul do estado do Mato Grosso do Sul. **RESUMOS DA XXIX REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO DO BRASIL CENTRAL**, Campo Grande. Documentos 287, p. 95-96.

BARROS, H.B.; SEDIYAMA, T. **Luz, umidade e temperatura**. In: SEDIYAMA, T. (Ed.). 1. ed. Londrina: Mecnas, 2009. p.17-27.

BRACCINI, A.L.de; MOTTA, I.deS.; SCAPIM, C.A.; BRACCINI, M.doC.L.; ÁVILA, M.R.; MESCHEDE, D.K. Características agronômicas e rendimento de sementes de soja na semeadura realizada no período de safrinha. **Bragantia**, v.63, n.001, p. 81-92.2004

BRASIL. MISTÉRIO DA AGRICULTURA, PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. SNPC – Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. MAPA – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. 2009. **Formulários para proteção de cultivares**. Disponível em :< <http://www.agricultura.gov.br/>> Acesso em: DEZ. 210.

BONATO, A.L.; CALVO, E.S.; GERALDI, I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetic and Molecular Biology**, v. 29, n.4, p. 692-704, 2006.

BONETI, L. P. et al. Divergência genética em germoplasma de feijoeiro comum coletado no estado do Paraná, Brasil. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 27, n. 4, p. 547-560, 2006.

CÂMARA, G.M.S.; SEDIYAMA, T.; DOURADO-NETO, D.; BERNARDES, M.S. Influence of photoperiod and air temperature on the growth, flowering and maturation of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). **Scientia Agricola**, v.54, p.149-154, jun. 1997. Número especial.

CÂMARA, G.M.S. Ecofisiologia da soja e rendimento. In: CÂMARA, G. M.S. (Ed.) **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba, 1998. p. 256-277.

CAMPS, G.; VERNETTI, F.D.J.; AUGUSTIN, E.; IRIGON, D. Caracterização morfológica e eletroforética de 20 cultivares de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 29, n. 11, p. 1779-1787. 1994.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; PÍPOLO, A.E.; SILVA, F.A.M.; PETEK, M.R. Soybean parent selection based on genetic diversity. **Brazilian Archives Biology Biotechnology**, v. 43, n.3, 2000.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; ALMEIDA, L.A.de; KIIHL, R.A. Inheritance of a long juvenile period under short-day conditions in soybean. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 4, p. 463-469, 2002.

CARVALHO, C.G.P.; ARIAS, C.A.A.; TOLEDO, J.F.F.de; ALMEIDA, L.A.de; KIIHL, R.A.deS.; OLIVEIRA, M.F.; HIROMOTO, D.M.; TAKEDA, C. Proposta de classificação dos coeficientes de variação em relação à produtividade e altura da planta de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 38, n. 2, p. 187-193, 2003.

CONAB – Companhia Nacional de Abastecimento – Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Décimo Segundo Levantamento da Safra de Grãos**. Disponível em: <<http://WWW.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/7e055115f822082610088f5a2376c6af.pdf>> Acesso em: 18 de setembro de 2010.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005. 394p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes – Estatística Experimental e Matrizes**. Versão Windows – 2006, Viçosa: Editora UFV. 285p.

CRUZ, C.D. **Programa Genes - Diversidade Genética**. Versão Windows – 2008, Viçosa: Editora UFV. 278p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético II**. 2 ed. Viçosa, 2006, 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelo biométricos aplicados ao melhoramento genético 1**. 3 ed. Viçosa, MG: Universidade Federal de Viçosa, 2004, 480p.

CUI, Z.; CARTER JR, T.E.; BURTON, J.W.; WELLS, R. Phenotypic diversity of modern chinese and north american soybean cultivars. **Crop Science**, v.41, p.1954-1967, 2001.

DIAS, L.A.dos.S. Análises Multidimensionais. In: ALFENAS, A.C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa:UFV, p. 405-475, 1998.

EL-HUSNY, J.C.; ANDRADE, E.B.; ALMEIDA, L.A.; KLEPKER, D.; MEYER, M.C. BRA Tracajá: cultivar de soja para região Sul do Pará. **Comunicado Técnico 83**. MAPA- EMBRAPA 5p. 2003.

FEHR, W. R., CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 12p. (Iowa State University. Special Report, 80), 1977.

GARCIA, C.H. **Tabelas para classificação do coeficiente de variação**. Piracicaba: Instituto de Pesquisas e Estudos Florestais, 1989, 12p. (Circular técnica).

GIZLICE, Z.; CARTER, T.E.; BURTON, J.W. Genetic diversity in north American soybean: I. Multivariate analysis of founding stock and relation of coefficient of parentage. **Crop Science**, v. 33, n. 3, p. 614-620, 1993a.

GIZLICE, Z.; CARTER, 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**, v. 33, n.3, p. 620-626, 1993b.

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

JOHNSON, R.A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 4th ed. River:Prentice Hall, 1998, 816p.

MALIK, M.F.A.; QURESHI, A.S.; ASHRAF, M. KHAN, M.R.; JAVED, A. Evaluation of genetic diversity in soybean (*Glycine max*) lines using seed protein electrophoresis. **Australian Journal of Crop Science**, v.3, n.2, p.107-112, 2009.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Resources**. v. 27, p. 209-220, 1967.

MIRANDA, G.V.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D. Genetic diversity among elite brazilian cultivars with narrow genetic base. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v. 1, n.2, p. 115-123, 2001.

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

PIMENTEL, G.F. **Curso de estatística experimental**. São Paulo: Esalq, 1985. 467p.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDER-JUNIOR, C.T.; SOUSA, S.M.; SOUSA, N.E.A.; CONTEL, E.P.B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 965-975, 2004.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. The **Indian J. of Genet. And Plant Breed**. v. 41. n. 1, p. 237-2145, 1981.

SNELLER, C.H. Impacto of transgenic genotypes and subdivision on diversity within elite north american soybean germplasm. **Crop Science**, v.43, p. 409-414, 2003.

TOLEDO, J.F.de; TRILLER, C.; DONATO, L.T.; OLIVEIRA, M.F.de; TSUTIDA, A.C. Genetic control of flowering in determinate soybean genotypes under diverse photoperiods. **Revista Brasileira de Genética**, v, 17, n.2, p. 187-195, 1994.

VERNETTI, F.deJ.; VERNETTI JUNIOR, F.deJ. Genética da soja: caracteres Qualitativos e diversidade genética. Brasília: Embrapa Informação Tecnológica, 2009, 221p.

VIEIRA, E.S.N. **Marcadores morfológicos, bioquímicos e moleculares na caracterização de cultivares de soja e café**. 2004. 137p. Tese (Doutorado em Fitotecnia). Universidade Federal de Lavras, 2004.

VIEIRA, E.S.N.; VON PINHO, E.V.R.; CARVALHO, M.G.G.; SILVA, P.A. Caracterização de cultivares de soja por descritores morfológicos e marcadores bioquímicos de proteínas e isoenzimas. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 31, n.1, p. 86-94, 2009.

WANG, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L.; CHANG, R.; QIU, L. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by ssr markers. **Crop Science**, v. 46, p. 1032-1038, 2006.

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

CAPÍTULO 3

DIVERSIDADE GENÉTICA EM CULTIVARES DE SOJA COM BASE EM MARCADORES MICROSSATÉLITES

RESUMO

NOGUEIRA Ana Paula Oliveira D.Sc. Universidade Federal de Viçosa Janeiro de 2011. **Diversidade genética em cultivares de soja com base em marcadores microssatélites.** Orientador: Tuneo Sedyama. Co-orientadores: Cosme Damião Cruz e Múcio Silva Reis.

A existência de variabilidade genética, bem como o seu conhecimento são fatores preponderantes para um eficiente programa de melhoramento genético de plantas. Objetivou-se neste estudo, avaliar a diversidade genética de cultivares elites adaptadas em diferentes regiões do País com o uso de marcadores moleculares microssatélites. Um grupo de 41 cultivares de soja desenvolvidas por empresas públicas e privadas, adaptadas a diferentes regiões do Brasil foi utilizado para representar as cultivares mais plantadas em cada região. Os locos microssatélites estudados estão distribuídos entre dezenove grupos de ligação de soja. Entre os 40 locos microssatélites, dois foram monomórficos (Satt 472 e Gmenod 2B) e 38 marcadores amplificaram 131 alelos, oscilando entre dois e cinco alelos por loco, com média de 3,45. Os microssatélites (Satt 352, Satt 269, Satt 237, Satt 197, Satt 163 e Satt 440) e (Satt 590, Satt 370, Satt 187, Satt 573, Satt 583 e Satt 511) apresentaram cinco e dois alelos respectivamente. As menores frequências alélicas, cujo valor foi de 2% foram identificadas em oito marcadores (Satt 576, Satt 454, Satt 352, Satt 269, Satt 336, Satt 309, Satt 227 e Satt 217). Um total de 67 alelos teve frequência inferior ou igual a 25%, o que corresponde a 51,15 % dos alelos detectados. Os marcadores Satt 217 e Satt 405 apresentaram frequência igual ou superior a 0,85. Este resultado pode ser um indicativo de maior importância de caracteres ligados a tais marcadores para o melhoramento da cultura da soja. O menor coeficiente de dissimilaridade (0,26) foi verificado entre as cultivares M-SOY 8400 e M-SOY 8001, ao passo que, a maior (0,80) foi observada entre as cultivares IAC-Foscarin 31 e IAC-15. Esse fato também foi evidenciado na projeção de distância com base nas medidas de dissimilaridade. Ao realizar um corte em torno de 87 % da dissimilaridade, observou-se que algumas cultivares constituíram grupos isolados (BRS-134, Primavera, *Improved Pelican*, UFV-16, IAC-Foscarin 31, Emgopa 316 e IAC 20). O agrupamento pelo método de Tocher foi predominantemente coincidente com o UPGMA, constituindo doze grupos distintos. Muitas cultivares pertencentes ao mesmo grupo apresentaram algum parental em

comum na sua genealogia. Conclui-se que os marcadores microssatélites são uma ferramenta eficiente no estudo de diversidade genética de soja; e que ainda existe variabilidade genética em soja útil ao melhoramento genético.

ABSTRACT

NOGUEIRA, Ana Paula Oliveira, D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, January 2011. **Genetic diversity in soybean cultivars based on microsatellite markers.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damiano Cruz e Múcio Silva Reis.

Existing genetic variability, as well as its knowledge, are important factors for an effective plant breeding program. This study evaluated the genetic diversity in elite soybean cultivars adapted to different regions of the country with microsatellite molecular markers. A group of 41 soybean cultivars developed by public and private companies, adapted to different regions of Brazil was used to represent the most planted cultivars in each region. The microsatellite loci analyzed are distributed among 19 linkage groups in soybean. Among the 40 microsatellite loci, two were monomorphic (Satt 472 and Gmenod 2B) and 38 markers amplified 131 alleles, oscillating between 2 and 5 alleles per locus, with average of 3.45. The microsatellite (Satt 352, Satt 269, Satt 237, Satt 197, Satt 163 and Satt 440) and (Satt 590, Satt 370, Satt 187, Satt 573, Satt 583 and Satt 511) presented five and two alleles, respectively. The smallest allele frequencies, with a value of 2%, were identified in eight markers (Satt 576, Satt 454, Satt 352, Satt 269, Satt 336, Satt 309, Satt 227 and Satt 217). A total of 67 alleles had frequency smaller than or equal to 25%, corresponding to 51.15% of the detected alleles. The markers Satt 217 and Satt 405 had frequency greater than or equal to 0.85. This result can indicate the greater importance of characters linked to such markers for soybean breeding. The smallest dissimilarity coefficient (0.26) was found between the cultivars M-SOY 8400 and M-SOY 8001, while the greatest one (0.80) was found between cultivars IAC-Foscarin 31 and IAC-15. This fact was also highlighted in the distance projection based on dissimilarity measures. Making a cut around 87% dissimilarity allowed the observation that some cultivars constituted isolated groups (BRS-134, Primavera, Improved Pelican, UFV-16, IAC-Foscarin 31, Emgopa 316 and IAC 20). Grouping by Tocher's method was mostly coincident with UPGMA's, constituting 12 distinct groups. Many cultivars belonging to the same group presented some common parent in their genealogies. It can be concluded that microsatellite markers are an effective tool for the study of

soybean genetic diversity; and there still is genetic variability in soybean useful for genetic breeding.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* L. Merrill) é uma leguminosa de grande importância mundial, sendo uma das principais culturas do agronegócio brasileiro. Originária da China, foi introduzida no Brasil em 1882. Entretanto, sua produção comercial se iniciou a partir da década de 1940 (Embrapa, 2004). Até meados de 1970, cerca de 80 % da produção nacional concentravam-se na região Sul, em razão da limitação fotoperiódica. Com o melhoramento genético da espécie, desenvolveram-se genótipos adaptados às diversas regiões brasileiras, o que possibilitou sua expansão em todo País.

O melhoramento genético da soja no Brasil iniciou com introduções de linhagens desenvolvidas no Sul dos Estados Unidos (Paludzyszyn Filho *et al.*, 1993), seguido do desenvolvimento de cultivares de melhor adaptação, para altas e baixas latitudes. Todavia, conforme enfatizado por Priolli *et al.* (2004), o desenvolvimento de novos materiais genéticos não foi acompanhado das avaliações de acréscimo ou redução da diversidade genética.

Os métodos e práticas modernas de melhoramento podem reduzir a diversidade genética das plantas cultivadas, aumentando, conseqüentemente, a vulnerabilidade ao ataque de pragas, patógenos e estresses ambientais (Vellvé, 1993; Clunies-Ross, 1995).

Algumas pesquisas têm comprovado que o germoplasma brasileiro possui estreita base genética. Bonetti (1983) relatou que 70 % das cultivares desenvolvidas para o Rio Grande do Sul, originaram-se das cultivares Hill, Hood ou ambas. Com base em análises de coeficiente de parentesco, Hiromoto e Vello (1986) mencionaram que todas as cultivares daquela época descendiam de 26 cultivares e que 50 % do conjunto gênico era representado por apenas quatro cultivares. Vello *et al.* (1988) também estimaram o parentesco entre 69 cultivares de soja, e relataram alto progresso genético da soja no Brasil, entretanto, acompanhado de considerável redução da variabilidade genética.

Segundo Yamanaka *et al.* (2007), um estudo envolvendo 437 cultivares brasileiras entre os anos 1968 a 2001 demonstrou que tais genótipos descenderam de um limitado número de cultivares. Não obstante, estudos recentes, utilizando marcadores moleculares, têm evidenciado que o germoplasma de soja, usado nos programas de melhoramento genético da espécie, tem mantido nível constante de diversidade genética nos últimos anos e, ainda, certa heterogeneidade entre

programas distintos (Priolli *et al.*, 2004; Bonato *et al.*, 2006; Oda, 2007). Além disso, Vieira *et al.* (2009) comentam que ainda existe bastante variabilidade genética no germoplasma brasileiro a ser explorada pelos programas de melhoramento.

Informações sobre diversidade genética de soja contribuem para o entendimento das limitações inerentes à base genética de materiais de programas de melhoramento. Além disso, o monitoramento da variabilidade genética dentro de um grupo de cultivares elites pode contribuir para o desenvolvimento de um programa de melhoramento mais eficiente pelo direcionamento do acúmulo de alelos favoráveis, em estudos de diversidade genética de genótipos elites (Singh *et al.*, 2008). Os marcadores moleculares têm sido amplamente empregados na determinação da diversidade genética de germoplasma de soja (Alcântara Neto, 2001; Li e Nelson, 2001; Mirsolav *et al.*, 2002; Abe *et al.*, 2003; Alcântara Neto, 2005; Bonato *et al.*, 2006; Wange *et al.*, 2006; Ma *et al.*, 2006; Yamanaka *et al.* 2007; Ude *et al.*, 2003; Fu *et al.*, 2007).

Caracterizando 186 cultivares brasileiras, Priolli *et al.* (2002) utilizaram doze marcadores microssatélites e obtiveram matriz de dissimilaridade entre os genótipos. Com base no dendrograma gerado pela metodologia da ligação média intragrupo, classificaram os genótipos em grupos distintos, em concordância com as informações genealógicas.

A existência de variabilidade genética, bem como o seu conhecimento, são fatores preponderantes para um eficiente programa de melhoramento genético de plantas. Uma vantagem em relação ao uso de marcadores moleculares em estudos de diversidade genética é a possibilidade de uma amostragem mais ampla do genoma em relação aos caracteres morfoagronômicos. Os marcadores microssatélites são promissores para esse fim, pelo fato de a disponibilidade e abundância ao longo do genoma da soja, pela sua natureza polimórfica (Hwang *et al.*, 2008), co-dominância e, também, por serem baseados na reação em cadeia da polimerase (PCR) (Caixeta *et al.*, 2006), que os fazem bastante úteis em estudos de diversidade genética.

Objetivou-se neste estudo, avaliar a diversidade genética de cultivares elites adaptadas em diferentes regiões do País com o uso de marcadores moleculares microssatélites.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Material genético

Um grupo de 41 cultivares de soja desenvolvidas por empresas públicas e privadas, adaptadas a diferentes regiões do Brasil foram utilizadas para representar as cultivares mais produtivas lançadas, predominantemente, entre os anos de 1990 e 2000, conforme consta na Tabela 1.

Tabela 1. Cultivares de soja

| | | | |
|----|----------------------------|----|-----------------|
| 1 | Improved Pelican | 22 | M-SOY 8001 |
| 2 | UFV-16 | 23 | M-SOY 6101 |
| 3 | IAC-Foscarin 31 | 24 | M-SOY 8411 |
| 4 | CD 219RR | 25 | M-SOY 8914 |
| 5 | Emgopa-313 | 26 | BRS 134 |
| 6 | Ocepara-4 (Iguaçu) | 27 | BRS 156 |
| 7 | BRS 133 | 28 | BRS 184 |
| 8 | Ocepar-3 (Primavera) | 29 | BRS 218 |
| 9 | Doko | 30 | BRS 230 |
| 10 | IAS 5 | 31 | BRS Aurora |
| 11 | IAC 15 | 32 | BRS Cambona |
| 12 | Emgopa-316 | 33 | BRS Candiero |
| 13 | MG/BR Conquista | 34 | BRS Goiatuba |
| 14 | Emgopa-315 (Rio Vermelho) | 35 | BRS Macota |
| 15 | UFVS-2002 | 36 | BRS Sinuelo |
| 16 | Emgopa-308 (Serra Dourada) | 37 | Nobreza |
| 17 | BRS MG 68 (Vencedora) | 38 | BRSMG Garantia |
| 18 | BRS Valiosa RR | 39 | BRS Favorita RR |
| 19 | M-SOY 8866 | 40 | IAC 12 |
| 20 | M-SOY 9350 | 41 | IAC 20 |
| 21 | M-SOY 8400 | | |

Extração DNA e amplificação dos locos microssatélites

As análises moleculares foram realizadas no Instituto de Biotecnologia aplicado à Agropecuária (BIOAGRO) da Universidade Federal de Viçosa.

A extração de DNA foi realizada a partir de um *bulk* de dez sementes de cada cultivar, seguindo o protocolo descrito por McDonald *et al.* (1994), com algumas alterações. Em tubos de *ependorfs* de 1,5 mL, contendo 50 mg de sementes moídas de cada unidade da análise, foi adicionada 700 µL de tampão de extração contendo Tris-HCl 0,2 M (pH 7,5), NaCl 0,28 M, EDTA 0,25 mM e SDS 10 %. As amostras foram maceradas e, em seguida, centrifugadas a 14000 rpm durante 10 min. O sobrenadante foi transferido para outros tubos, e em seguida, acrescentado 10 µL de proteinase K (mg/mL) e 10 µL CaCl₂ 1 mM, sendo posteriormente levado ao banho-maria a 55 °C por 1,5 h. Posteriormente, foram adicionados à amostra 900 µL de isopropanol gelado e deixado em repouso por dois minutos. Após esse período, a amostra foi centrifugada por dez minutos a 14000 rpm. O sobrenadante foi descartado e o precipitado foi lavado uma vez com álcool 70% e, uma segunda vez, com álcool 90%. Após a lavagem, o precipitado foi colocado para secar em temperatura ambiente durante quinze minutos e, então ressuscitado em TE (Tris-HCl 10 mM, EDTA 1 mM, pH 8,0) contendo 60 µg/mL de RNase A e colocada em banho Maria por dois minutos. Em seguida, a amostra foi novamente centrifugada a 14000 rpm durante dez minutos, sendo os sobrenadantes descartados. Finalmente, o precipitado foi ressuscitado a em TE.

A concentração do DNA foi estimada por espectrofotometria, considerando uma unidade de absorbância a 260 nm equivalente a 50µg de DNA por mL. Com base na concentração estimada, procedeu-se à diluição das amostras para uma concentração final de 10 ng/µL.

Foram avaliados 40 pares iniciadores que flanqueiam regiões microssatélites em soja, desenvolvidos por Cregan *et al.* (1999). Os iniciadores estão localizados em dezenove dos vinte grupos de ligação e alguns foram escolhidos pelo polimorfismo em estudos anteriores. A sequência dos *primers* (forward e reverse) de cada loco microssatélite amplificado estão descritas por Song *et al.* (2004).

As reações de amplificação foram realizadas em um volume final de 15 µL, contendo Tris-HCl 10 mM, pH 8,3; KCL 50 mM; MgCl₂ 2,4 mM; 100 µM de cada um dos desoxinucleotídeos; 0,6 µM de cada iniciador; uma unidade de *Taq* e 30 ng de DNA.

Em termociclador (Perkin Elmer GeneAmp PCR system 9600) a 50 °C por ciclo foram realizadas as reações de amplificação. Cada ciclo consistiu de

desnaturação a 94 °C durante 4 min, uma etapa de anelamento a 65 °C por 40 s, seguidos por 10 ciclos decrescendo 1 °C por ciclo até 55 °C, a partir da qual se seguiram 30 ciclos a 55 °C por 40 s cada. Em cada ciclo, foram mantidas as temperaturas (94 °C/40 s) e polimerização (72 °C/1 min). O final do programa consistiu de polimerização a 72 °C por min.

Os produtos de amplificação foram separados por eletroforese em géis nativos verticais de poliacrilamida 10 %, utilizando tampão TAE 1X (Tris-acetato 40 mM e EDTA 1 mM), por aproximadamente três horas a 140 volts. Posterior a eletroforese, os géis foram corados com brometo de etídeo (10 mg/mL) e fotografados pelo sistema de fotodocumentação *Eagle Eye II* (Stratagene).

Análise Estatística

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) de cada loco microssatélite foi avaliado por meio da frequência de alelos, com a expressão:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^a p_i^2 - \sum_{i,j=1}^a \sum_{i \neq j} p_i^2 p_j^2$$

Em que:

p_i é a frequência do i -ésimo alelo do loco estudado;

p_j é a frequência do j -ésimo alelo do loco estudado.

A distância genética entre os pares de genótipos foi estimada utilizando o complemento do índice ponderado pelo número de alelos ($D = 1-S$) como medida de dissimilaridade, dada por:

$$S_H = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j q_j$$

Em que:

Peso associados ao loco j dado por:

$$p_j = \frac{a_j}{A}$$

a_j : número total de alelos do loco j ;

A : número total de alelos

Sendo:

$$\sum_{j=1}^i p_j = 1$$

c_j : número de alelos comum entre os pares i e i'

Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade, foi gerado um dendrograma utilizando a metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA), estabelecido pelos genótipos de maior similaridade, em que a distância entre o genótipo e o grupo formado pelos indivíduos i e j dado por:

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

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

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

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

Em que:

n = número de genótipos do grupo original.

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

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

As análises estatísticas foram realizadas no Programa de Genética e Estatística (GENES) (CRUZ, 2008).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os locos microssatélites estudados estão distribuídos entre dezenove grupos de ligação de soja, conforme consta na Tabela 2. Entre os 40 locos microssatélites, dois foram monomórficos (Satt 472 e Gmenod 2B). 38 marcadores amplificaram 131 alelos, oscilando entre dois e cinco alelos por loco, com média de 3,45. Os microssatélites (Satt 352, Satt 269, Satt 237, Satt 197, Satt 163 e Satt 440) e (Satt 590, Satt 370, Satt 187, Satt 573, Satt 583 e Satt 511) apresentaram cinco e dois alelos respectivamente. Avaliando cultivares de soja com iniciadores microssatélites, Priolli *et al.* (2002; 2004; 2010) encontraram valores oscilando de dois a oito alelos por loco e quatro a oito alelos por loco. Por outro lado, ao analisar 53 cultivares de soja com 111 iniciadores polimórficos, Vieira *et al.* (2009) observaram de 2 a 4 alelos por loco com média 2,20.

O valor de conteúdo de informação polimórfica (PIC) reflete a frequência e diversidade alélica entre os genótipos estudados. O PIC variou entre 0,14 (Satt 317) a 0,72 (Satt 237) com média de 0,46. Esse valor foi superior ao obtido por Oda (2007), que ao avaliar cultivares antigas, intermediárias e recentes observou valores de PIC variando entre 0 e 0,68 com média de 0,38. Em estudos de variabilidade genética, Vieira *et al.* (2009) observaram PIC oscilando entre 0,16 a 0,66 e média de 0,47 com avaliação de 53 marcadores microssatélites. Narvel *et al.* (2000) ao avaliar a diversidade genética entre variedades elite e acessos de soja, verificaram valores de PIC associado a cada iniciador microssatélite variando de 0 a 0,79 com média de 0,50 em cultivares elite, e de 0 a 0,84, com média de 0,56 em acessos.

Uma provável explicação para menor número de alelos por loco neste estudo comparativamente ao estudo realizado por Priolli *et al.* (2002; 2004; 2010) refere-se ao número de genótipos estudados, que além de ser menor, representa um período menos amplo de melhoramento. Os estudos dos referidos autores incluíram cultivares que representaram em torno de três décadas do melhoramento genético da soja.

Tabela 2. Iniciadores polimórficos utilizados na avaliação de 41 cultivares de soja, localização no genoma (GL), cromossomo (Cr), frequência alélica e valores de conteúdo de informação polimórfica (PIC)

| Iniciadores ₁ | GL | Cr. | Estrutura repetida | Frequência do alelo | | | | | Nº. alelos | PIC | PIC máx. |
|--------------------------|-----|-----|--------------------|---------------------|------|------|------|------|------------|------|----------|
| | | | | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | | | |
| Satt590 | M | 7 | (ATT)26 | 0,39 | 0,61 | | | | 2 | 0,36 | 0,37 |
| Satt180 | C1 | 4 | (ATT)16 | 0,83 | 0,09 | 0,09 | | | 3 | 0,28 | 0,59 |
| Satt574 | D2 | 17 | (ATT)12 | 0,72 | 0,22 | 0,06 | | | 3 | 0,38 | 0,59 |
| Satt576 | O | 10 | (ATT)19 | 0,54 | 0,32 | 0,12 | 0,02 | | 4 | 0,53 | 0,70 |
| Satt 454 | A1 | 5 | (ATT)17 | 0,17 | 0,49 | 0,02 | 0,32 | | 4 | 0,56 | 0,70 |
| Satt 558 | D1b | 2 | (ATT)16 | 0,60 | 0,16 | 0,18 | 0,06 | | 4 | 0,53 | 0,70 |
| Satt 370 | D1a | 1 | (ATT)13 | 0,53 | 0,47 | | | | 2 | 0,37 | 0,37 |
| Satt 352 | G | 18 | (ATT)18 | 0,07 | 0,35 | 0,20 | 0,35 | 0,02 | 5 | 0,65 | 0,77 |
| Satt 269 | F | 13 | (ATT)11 | 0,76 | 0,07 | 0,12 | 0,02 | 0,02 | 5 | 0,38 | 0,77 |
| Satt142 | H | 12 | (ATT)21 | 0,51 | 0,46 | 0,03 | | | 3 | 0,41 | 0,59 |
| Satt436 | D1a | 1 | (ATT)28 | 0,02 | 0,37 | 0,56 | 0,05 | | 4 | 0,46 | 0,70 |
| Satt 263 | E | 15 | (ATT)19 | 0,45 | 0,37 | 0,12 | 0,06 | | 4 | 0,58 | 0,70 |
| Satt 070 | B2 | 14 | (ATT)24 | 0,54 | 0,32 | 0,14 | | | 3 | 0,51 | 0,59 |
| Satt 233 | A2 | 8 | (ATT)16 | 0,11 | 0,35 | 0,30 | 0,23 | | 4 | 0,66 | 0,70 |
| Satt 317 | H | 12 | (ATT)20 | 0,92 | 0,05 | 0,03 | | | 3 | 0,14 | 0,59 |
| Satt 335 | F | 13 | (ATT)12 | 0,50 | 0,16 | 0,27 | 0,07 | | 4 | 0,59 | 0,70 |
| Satt 237 | N | 3 | (ATT)17 | 0,05 | 0,24 | 0,24 | 0,32 | 0,15 | 5 | 0,72 | 0,77 |
| Sat_168 | G | 18 | (AT)15 | 0,71 | 0,24 | 0,05 | | | 3 | 0,38 | 0,59 |
| Satt 309 | G | 18 | (ATT)13 | 0,49 | 0,32 | 0,17 | 0,02 | | 4 | 0,56 | 0,70 |
| Satt 178 | K | 9 | (ATT)9 | 0,77 | 0,20 | 0,03 | | | 3 | 0,32 | 0,59 |
| Satt 215 | J | 16 | (ATT)11 | 0,34 | 0,20 | 0,46 | | | 3 | 0,56 | 0,59 |
| Satt 300 | A1 | 5 | (ATT)19 | 0,46 | 0,12 | 0,42 | | | 3 | 0,51 | 0,59 |
| Satt 102 | K | 9 | (ATT)11 | 0,11 | 0,73 | 0,07 | 0,09 | | 4 | 0,41 | 0,70 |
| Satt 197 | B1 | 11 | (ATT)20 | 0,25 | 0,48 | 0,23 | 0,03 | 0,03 | 5 | 0,60 | 0,77 |
| Satt 227 | C2 | 6 | (ATT)9 | 0,51 | 0,46 | 0,02 | | | 3 | 0,41 | 0,59 |
| Satt 187 | A2 | 8 | (ATT)19 | 0,73 | 0,28 | | | | 2 | 0,32 | 0,37 |
| Satt 163 | G | 18 | (ATT)16 | 0,12 | 0,46 | 0,34 | 0,05 | 0,02 | 5 | 0,59 | 0,77 |
| Satt 217 | G | 18 | (ATT)19 | 0,85 | 0,13 | 0,03 | | | 3 | 0,24 | 0,59 |
| Satt 191 | G | 18 | (ATT)18 | 0,56 | 0,33 | 0,08 | 0,04 | | 4 | 0,50 | 0,70 |
| Satt 405 | J | 16 | (ATT)9 | 0,86 | 0,09 | 0,05 | | | 3 | 0,23 | 0,59 |
| Satt 573 | E | 15 | (ATT)10 | 0,59 | 0,41 | | | | 2 | 0,37 | 0,37 |
| Satt 533 | G | 18 | (ATT)15 | 0,66 | 0,34 | | | | 2 | 0,35 | 0,37 |
| Satt 487 | O | 10 | (ATT)22 | 0,16 | 0,43 | 0,32 | 0,05 | 0,03 | 5 | 0,62 | 0,77 |
| Satt 440 | I | 20 | (ATT)14 | 0,50 | 0,32 | 0,18 | | | 3 | 0,54 | 0,59 |
| Satt173 | O | 10 | (ATT)18 | 0,51 | 0,41 | 0,02 | 0,05 | | 4 | 0,47 | 0,70 |
| Satt511 | A1 | 5 | (ATT)19 | 0,32 | 0,68 | | | | 2 | 0,34 | 0,37 |
| Satt162 | I | 20 | (ATT)16 | 0,15 | 0,52 | 0,33 | | | 3 | 0,52 | 0,59 |
| Satt337 | K | 9 | (ATT)19 | 0,15 | 0,15 | 0,69 | | | 3 | 0,43 | 0,59 |
| Total | | | | | | | | | 131 | | |
| Média | | | | | | | | | 3,45 | 0,46 | |

⁽¹⁾A sequência dos iniciadores pode ser obtida em <http://soybase.org/resource/ssr.php>.

Outros estudos realizados com marcadores microssatélites em soja também têm apresentado polimorfismo superior ao encontrado neste trabalho. Todavia, tal fato é, possivelmente, consequência da alta diversidade dos materiais utilizados, que incluem, além de genótipos exóticos, cultivares de regiões geográficas distintas (Truong *et al.*, 2005; Yamanaka *et al.*, 2007; Fu *et al.*, 2007; Hwang *et al.*, 2008; Mulato *et al.*, 2010).

As menores frequências alélicas, cujo valor foi de 0,02, foram identificadas em oito marcadores (Satt 576, Satt 454, Satt 352, Satt 269, Satt 336, Satt 309, Satt 227 e Satt 217) (Tabela 2).

Um total de 67 alelos teve frequência inferior ou igual a 25 %, o que corresponde a 51,15 % dos alelos detectados. Priolli *et al.* (2002) constataram valores superiores, ao identificar que 75 % dos alelos apresentava frequência abaixo de 25%.

Entre os 40 marcadores empregados na avaliação da diversidade genética de soja, quatro deles (Satt 070, Satt 335, Sat_168 e Satt 173) foram coincidentes aos marcadores selecionados por Vieira *et al.* (2009) para fornecer uma amostra representativa do genoma de soja na detecção de variabilidade e identidade genética em cultivares.

Informações a cerca das frequências alélicas são úteis, pois possibilitam o cálculo da probabilidade de identidade ao acaso e as probabilidades de exclusão ao acaso, indicando assim, se duas amostras possuem ou não o mesmo genótipo (Schuster *et al.* 2006; e Vieira *et al.* 2009).

A dissimilaridade genética verificada na matriz de distância entre as 41 cultivares foi relativamente alta, oscilando entre 0,26 a 0,80 com média de 0,57. A distribuição da dissimilaridade entre o 820 pares de genótipos (Figura 1) compreendeu 75% entre as distancias de 0,5 e 0,69.

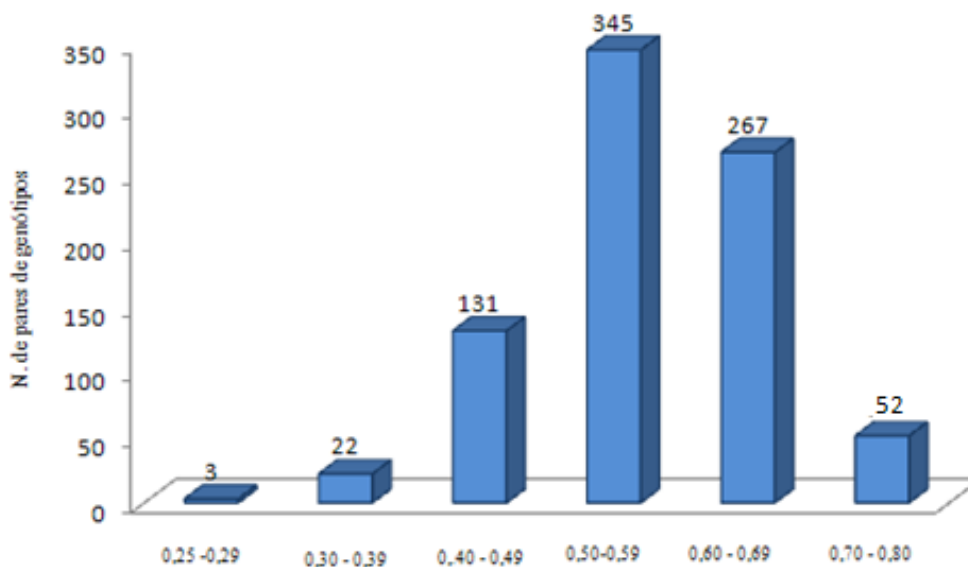


Figura 1. Distribuição da dissimilaridade genética em 820 pares de cultivares de soja.

Coeficientes de dissimilaridade oscilando predominantemente entre 0,4 e 0,9 foram verificados por Priolli *et al.* (2002) em estudos com 186 cultivares avaliadas com doze marcadores microssatélites. Avaliando doze cultivares de soja com 38 marcadores polimórficos, Oda (2007) observou maior frequência 0,4 a 0,6 de dissimilaridade. Em estudos de diversidade com genótipos de diferentes respostas à sensibilidade ao fotoperíodo, Singh *et al.* (2010) obtiveram a média de 0,37 para a similaridade genética entre 40 genótipos.

O menor coeficiente de dissimilaridade (0,26) foi verificado entre as cultivares M-SOY 8400 e M-SOY 8001, ao passo que, a maior (0,80) foi observada entre as cultivares IAC-Foscarin 31 e IAC-15. Esse fato também foi evidenciado na projeção de distância genética (Figura 2). Priolli *et al.* (2004) relataram maior heterogeneidade no programa de melhoramento genético de soja do IAC, tendo atribuído isso, ao fato de ser um dos programas mais antigos e, provavelmente, que acumulou maior número de mutações.

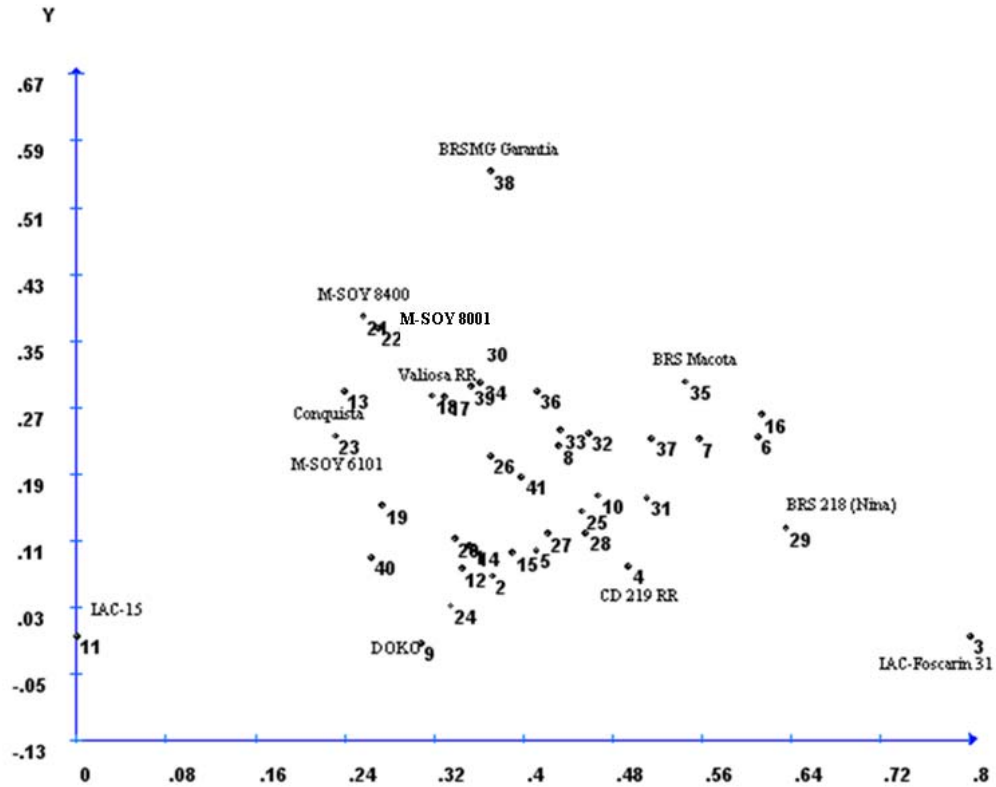


Figura 2. Projeção das distâncias genéticas entre 41 cultivares de soja.

O dendrograma gerado com base na matriz de dissimilaridade está apresentado na Figura 3. Verificou-se que o coeficiente de correlação cofenética foi 0,62, significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t. Esse tipo de análise tem sido amplamente utilizado em estudos de diversidade genética de soja (Bonato *et al.*, 2006; Miranda *et al.*, 2007; Yamanaka *et al.*, 2007; Vieira *et al.*, 2010; Singh *et al.*, 2010).

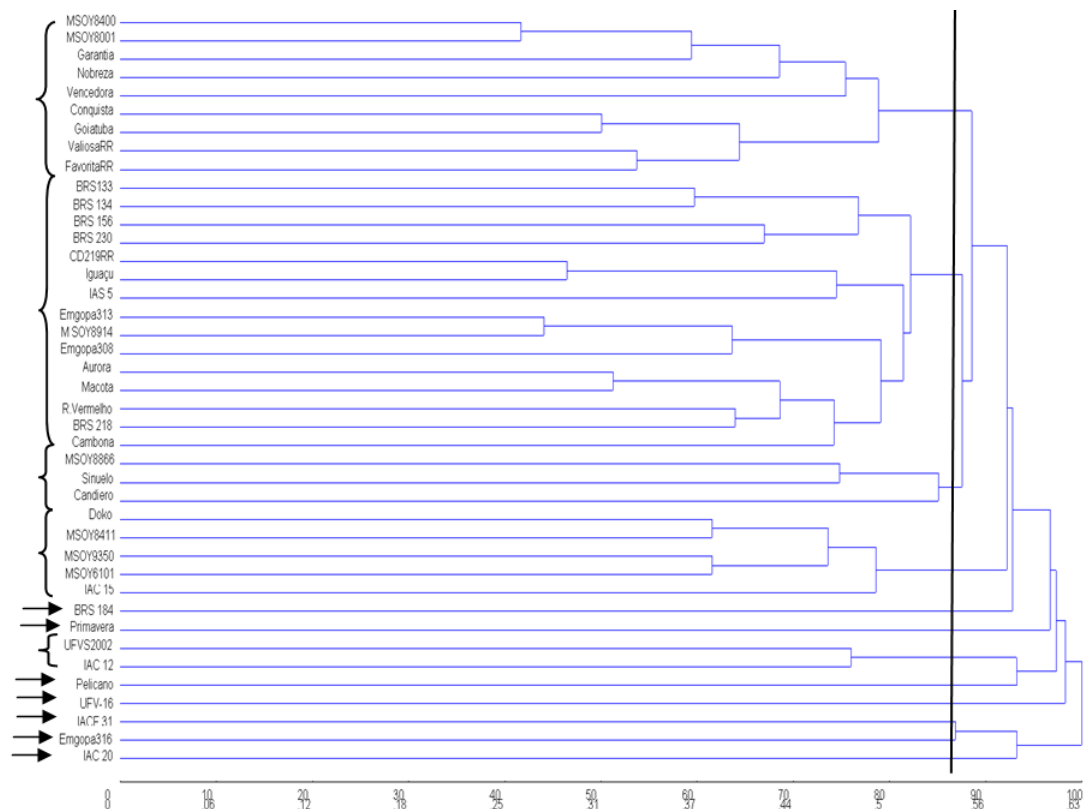


Figura 3. Dendrograma gerado pela metodologia da ligação média entre grupo (UPGMA) com base na matriz da dissimilaridade genética em 41 cultivares avaliadas com 38 marcadores microssatélites. Coeficiente correlação cofenética: 062**.

**Significativo ao nível de 1 % de probabilidade pelo teste t.

No estudo da diversidade por meio de dendrograma, as relações entre os genótipos podem ser avaliadas por meio de ramificações da árvore gerada, pela identificação de grupos homogêneos (DIAS, 1998). Ao realizar um corte em torno de 87 % de dissimilaridade, verificaram-se a formação de doze grupos com número distintos de cultivares. O grupo I, constituído de nove cultivares, reuniu genótipos cujas genealogias foram semelhantes. Por exemplo, a cultivar BRS Valiosa RR originou-se por cinco retrocruzamentos com a cultivar Conquista. A cultivar BRS Favorita também teve participando em sua genealogia a cultivar Conquista (Melo e Teixeira, 2010).

Ainda no grupo I, as cultivares BRS Garantia e BRS Vencedora possuem um parental em comum, a cultivar Braxton. O agrupamento de ambas cultivares também foi verificado por Priolli *et al.* (2010). A cultivar BRS Garantia, tem em sua genealogia a FT-Cristalina (Arantes *et al.*, 1999), que foi um dos parentais de Emgopa 305, que originou a BRS Goiatuba.

No grupo II, observaram-se 14 cultivares, sendo que algumas possuem parentais similares. Pode-se citar a BRS 156 e BRS 230 que descenderam do parental em comum Tracy M. A cultivar BRS Macota originou-se do cruzamento de Ocepar 4 (Iguaçu) x Ocepar 3 (Primavera).

As cultivares BRS Cambona e BRS Sinuelo pertencentes ao grupo III também possuem um ancestral em comum, a cultivar Paraná. Por outro lado, Priolli *et al.* (2010) comentam que os marcadores moleculares microssatélites permitem diferenciar genótipos de soja, mesmo aqueles com mais alto grau de parentesco.

Estudando 317 cultivares brasileiras de soja, Bonato *et al.* (2006) observaram que o dendrograma gerado com a matriz de similaridade genética obtida com marcadores AFLP foi consistente com a genealogia dos genótipos.

Algumas cultivares formaram grupos isolados BRS-134, Primavera, Improved Pelican, UFV-16, IAC-Foscarin 31, Emgopa 316 e IAC 20 correspondentes aos grupos V, VI, VIII, IX, X, XI e XII respectivamente.

Uma alternativa para identificar grupos de genótipos é por meio do método de otimização de Tocher, que forma grupos mutuamente exclusivos, conforme apresentado na Tabela 5. Verificaram-se a constituição de doze grupos, sendo que o primeiro grupo envolveu 60, 98 % dos genótipos estudados.

O agrupamento dos genótipos pela metodologia de Tocher foi concordante ao obtido pelo dendrograma. Entretanto, se observou mais genótipos constituindo grupos individuais, como por exemplo, a cultivar IAC-12 e a BRS Candiero.

A cultivar UFVS 2002 teve como um dos parentais a cultivar Doko, e ambas as cultivares pertenceram ao mesmo grupo tanto ao observar o dendrograma e o agrupamento de Tocher (Figura 3 Tabela 5). Avaliando 12 cultivares de soja com 38 marcadores, Oda (2007) verificou resultado semelhante.

Tabela 5. Agrupamento de 41 cultivares de soja pelo método de Tocher utilizando a matriz de dissimilaridade ponderada pelo número de alelos em 38 marcadores microssatélites

| Grupos | Cultivares |
|--------|--|
| I | M-SOY 8400, M-SOY 8001, BRS Garantia, BRS Nobreza, BRS Valiosa RR, BRS Favorita RR, BRS Goiatuba, BRMG Conquista, M-SOY 6101, M-SOY 9350, M-SOY 8914, BRS Macota, BRS Aurora, Emgopa-308, BRS Vencedora, BRS 133, BRS 134, Ocepar 4 (Iguaçu), BRS 230, BRS 156, BRS 218, M-SOY 8866, Emgopa-315 (Rio Vermelho), BRS Cambona, BRS Sinuelo |
| II | Doko, M-SOY 8411, UFVS 2002, IAC-15 |
| III | Improved Pelican, Emgopa-313 (Anhanguera) |
| IV | CD 219 RR, IAS 5 |
| V | IAC-Foscarin 31 |
| VI | IAC-20 |
| VII | Ocepar 3 (Primavera) |
| VIII | BRS Candiero |
| IX | BRS 184 |
| X | Emgopa-316 |
| XI | UFV-16 |
| XII | IAC-12 |

Em função da alta dissimilaridade predominante entre as 41 cultivares elites, é provável, que mesmo os genótipos mais produtivos cultivados não compartilhem na sua totalidade o mesmo conjunto gênico.

Vale ressaltar que o ideal seria uma comparação dos agrupamentos gerados com base na matriz de dissimilaridade por marcadores moleculares e coeficiente de parentesco. Todavia, tal fato não foi possível, haja vista que as genealogias de todas as cultivares deste estudo não estão disponíveis, principalmente, daquelas pertencentes a empresas privadas. Isso reforça, ainda, a importância de estudos de diversidade, com grupos distintos de genótipos, possibilitando ao melhorista obter

informações acerca dos materiais genéticos, podendo auxiliar na escolha de parentais para constituição do bloco de cruzamentos.

O número de marcadores moleculares para determinar com acurácia a diversidade genética de soja é uma das questões discutidas em alguns estudos. Powell *et al.* (1996) reportam que poucos marcadores microssatélites seriam suficientes. Por outro lado, Priolli *et al.* (2010) relatou que dezoito marcadores com 91 alelos foi insuficiente. Zhivotovsky e Feldam (1995) demonstraram que para uma estimativa confiável da relação genética entre indivíduos poderiam ser necessários um *screening* com mais de 100 marcadores.

Embora alguns estudos tenham demonstrado que o germoplasma brasileiro possui base genética estreita (Hiromoto e Vello, 1986; Miranda, 2001; Miranda *et al.*, 2007), com uso de marcadores moleculares microssatélites, foi possível detectar quantidade significativa de variabilidade genética, mesmo entre genótipos elites. Desse modo, pode-se considerar que ainda existe bastante variabilidade genética de soja para ser explorada pelos programas de melhoramento (VIEIRA *et al.*, 2010).

Ao estudar a diversidade genética em soja, Priolli *et al.* (2002) verificaram que o agrupamento das cultivares com base nas informações de marcadores moleculares microssatélites foram consistentes com ancestrais em comuns entre os genótipos pertencentes ao mesmo grupo. Por outro lado, os autores relataram que houve em 10 % a discordância entre o dendrograma gerado e o parentesco entre as cultivares.

4. CONCLUSÕES

O marcador molecular microssatélite é uma ferramenta eficiente no estudo de diversidade genética de soja.

O uso de marcadores moleculares microssatélites permitiu detectar significativa variabilidade genética em cultivares elites indicando que ainda existe variabilidade genética útil ao melhoramento de soja no Brasil.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABE, J.; XU, D.H.; SUZUKI, Y. KANAZAWA, A.; SHIMAMOTO, Y. Soybean germplasm pools in Asia revealed by nuclear SSRs. **Theoretical Applied Genetic**, v. 106, p. 445-453, 2003.

ALCÂNTARA NETO, F. **Marcadores microssatélites na identificação de cultivares de soja**. 2001. 57p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

ALCÂNTARA NETO, F. **Caracterização genético-molecular de um banco ativo de germoplasma de soja**. 2005. 75p. Tese (Doutorado). Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

ARANTES, N.E.; ALMEIDA, L.A.; ZITO, R.K.; FARIA, L.C.; SOUZA, P.I.; PEREIRA, E.C.H.; MATOS, E.S. Cultivar de soja BRSMG Garantia: descrição e comportamento em Minas Gerais, Goiás e Distrito Federal. In: **REUNIÃO DE PESQUISA DE SOJA DA REGIÃO CENTRAL DO BRASIL**, 21, 1999. Dourados, Resumos...Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste/Londrina: Embrapa Soja, 1999, p. 183.

BONATO, A.L.; CALVO, E.S.; GERALDI, I.O.; ARIAS, C.A.A. Genetic similarity among soybean (*Glycine max* (L) Merrill) cultivars released in Brazil using AFLP markers. **Genetic and Molecular Biology**, v. 29, n.4, p. 692-704, 2006.

BONETTI, L.P. Cultivares e seu melhoramento genético. In: VERNETTI, F.J. (Ed.) **Soja: genética e melhoramento**. Fundação Cargill, Campinas, p. 741-800, 1983.

CAIXETA, E.T.; OLIVEIRA, A.C.B.; BRITO, G.G.; SAKYAMA, N.S. Tipos de marcadores moleculares. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006, 9-78p.

CREGAN, P.B.; JARVIK, T.; BUSH, A.L.; SHOEMAKER, R.C.; LARK, K.G.; KAHLER, A.L.; KAYA, N.; VANTOAI, T.T.; LOHNES, D.G.; CHUNG, L.; SPECHT, J.E. An integrated genetic linkage map of the soybean genome. **Crop Science**, v. 39, p. 1464-1590, 1999.

CRUZ, C.D. **Programa Genes - Diversidade Genética.**, Viçosa: Editora UFV. 278p.

CLUNIES-ROSS, T. Mangolds, manore and mixtures: the importance of crop diversity on British farms. **Ecologist**, v.25, p.181-187, 1995.

DIAS, L.A.dos.S. Análises Multidimensionais. In: ALFENAS, A.C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microorganismos**. Viçosa:UFV, p. 405-475, 1998.

EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Soja (Londrina, PR). **Soja: um sucesso brasileiro**. In: TECNOLOGIAS DE PRODUÇÃO DE SOJA - REGIÃO CENTRAL DO BRASIL - 2005. Londrina: EMBRAPA Soja: EMBRAPA Cerrados:

EMBRAPA Agropecuária Oeste: Fundação Meridional, 2004. 239p. (Documentos: Sistemas de produção, 6).

FU, Y.; PETERSON, G.W.; MORRISON, M.J. Genetic diversity of Canadian soybean cultivars and exotic germplasm revealed by simple sequence repeat markers. **Crop Science**, v. 47, p. 1947-1954, 2007.

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

HWANG, T.; NAKAMOTO, Y.; KONO, I.; ENOKI, H.; FUNATSUKI, H.; KITAMURA, K.; ISHIMOTO, M. Genetic diversity of cultivated and wild soybeans including Japanese and elite cultivars as revealed by length polymorphism of ssr markers. **Breeding Science**, v. 58, p. 315-323, 2008.

LI, Z.; NELSON, R. Genetic diversity among soybean accessions from three countries measured by RAPDs. **Crop Science**, v.41, p. 1337-1347, 2001

MA, Y.S.; WANG, W.H.; MA, F.M.; WANG, P.W.; CHANG, R.Z.; QIU, L.J. Genetic diversity of soybean and the establishment of core collection focused on resistance to soybean cyst nematode. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 48, n.6, p. 722-731, 2006.

MELO, C.L.Pde; TEIXEIRA, M.R.O. Cultivares de soja para Mato Grosso do Sul, safra 2010/2011. Dourados: Embrapa Agropecuária Oeste: Fundação Vegetal, **Documentos...**Embrapa Agropecuária Oeste. 2010, 44p.

McDONALD, M.B.; ELLIOT, L.J.; BURR, B.; CANTRELL, R.G. DNA extraction from dry seeds for RAPD analysis in varietal identification studies. **Seed Science and Technology**. V.22, p. 171-176, 1994.

MIRANDA, G.V.; SEDIYAMA, C.S.; REIS, M.S.; CRUZ, C.D. Genetic diversity among elite brazilian cultivars with narrow genetic base. **Crop Breeding Applied Biotechnology**, v. 1, n.2, p. 115-123, 2001.

MIRANDA, Z,F,S;; ARIAS, C,A,A;; PRETE, C,E,C;; KIIHL, R,A,S;; ALMEIDA, L,A;; TOLEDO, J,F,F;; DESTRO, D, Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage, **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.42, n.3, p.363-369, 2007.

MULATO, B.M.; MOLLER, M.; ZUCCHI, M.I.; QUECINE, V.; PINHEIRO, J.B. Genetic diversity in soybean germplasm identified by SSR and EST-SSR markers. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

NARVEL, J.M.; FEHR, W.R.; CHU, W.S. GRANT, D.; SHOEMAKER, R.C. Simple sequence repeat diversity among soybean plant introductions an elite genotypes. **Crop Science**, v. 40, p. 1452-1458, 2000.

ODA, M.C. **Adaptabilidade de produção e análise molecular, genealógica e morfológica de cultivares de soja**. 2007. 76f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade Federal de Viçosa, 2007.

PALUDZYSZYN FILHO, E., KIIHL, R.A. de S. ALMEIDA, L.A. Desenvolvimento de cultivares de soja na região Norte e Nordeste do Brasil. In: ARANTES, N.E., SOUZA, P.I.M. (Eds). **A cultura da soja nos cerrados**. Piracicaba: Potafos, 1993. p.255-266.

POWELL, W.; MORGANTE, M.; ANDRE, C.; HANAFEY, M.; VOGEL, J.; TINGEY, S.; RAFALSKY, A. The utility of RFLP, RAPD, AFLP and SSRP (microsatellite) markers for germplasm analysis? **Molecular Breeding**, v.2, p. 225-238, 1996.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; ARANTES, N.E.; CONTEL, E.P.B. Characterization of brazilian soybean cultivars using microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 2, p. 185-193, 2002.

PRIOLLI, R.H.G.; MENDES-JUNIOR, C.T.; SOUSA, S.M.B.; SOUSA, N.E.A.; CONTEL, E.P.B. Diversidade genética da soja entre períodos e entre programas de melhoramento no Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

PRIOLLI, R.H.G.; PINHEIRO, J.B.; ZUCCHI, M.I.; BAJAY, M.M.; VELLO, N.A. Genetic diversity among Brazilian soybean cultivars based on SSR loci and pedigree data. **Brazilian Archives of Biology and Technology**, v. 53, n. 3, p. 519-531, 2010.

SCHUSTER, I.; VIEIRA, E.S.N.; PADILHA, L. Marcadores moleculares no pós-melhoramento. In: BORÉM, A.; CAIXETA, E.T. (Eds). **Marcadores moleculares**. Viçosa: UFV, 2006, 205-230p.

SINGH, R.K.; BHATIA, V.S.; BHAT, K.V.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K. SSR and AFLP based genetic diversity of soybean germplasm differing, in photoperiod sensitivity. **Genetics and Molecular Biology**, v. 33, n. 2, p. 319-324, 2010.

SINGH, R.K.; BHAT, K.V.; BHATIA, V.S.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K. Association mapping for photoperiod insensitivity trait in soybean. **Natl. Acad. Sci. Lett.** v. 31, p. 281-283, 2008.

SINGH, R.K.; BHATIA, V. S. BHAT, K.V.; MOHAPATRA, T.; SINGH, N.K.; BANSAL, K.C.; KOUNDAL, K.R. SSR and AFLP based genetic diversity of soybean germplasm differing in photoperiod sensitivity. **Genetics and Molecular Biology**, v. 33, p. 319-324, 2010.

SONG, Q.J.; MAREK, L.F.; SCHOEMAKER, R.C.; LARK, K.G.; CONCIBIDO, V.C.; DELANNAY, X.; SPECHT, J.E.; CREGAN, P.B. A new integrated genetic linkage map of the soybean. **Theoretical and Applied Genetic**, v. 109, p. 122-128, 2004.

TRUONG, N.T.; VAN, K.; KIM, M.Y.; LEE, S.H. Genetic diversity of flowering in four groups of soybean as inferred from DNA microsatellites. **10th International Congress of SABRAO**, 2005. Disponível em: www.ctu.edu.vn/institutes/biotech/9.pdf. Acesso: 15 nov 2010.

UDE, G.N. KENWORTHY, W.J.; COSTA, J.M.; CREGAN, P.B.; ALVERNAZ, J. Genetic diversity of soybean cultivars from China, Japan, North American and North American ancestral lines determined by amplified fragment length polymorphism. **Crop Science**, v. 43, p. 1858-1867, 2003.

VELLO, N.A.; HIROMOTO, D.M.; AZEVEDO FILHO, A.J.B.V. Coefficient of parentage and breeding of brazilian soybean germplasm. **Revista Brasileira de Genética**. v. 11, n.3, p. 679-697, 1988.

VELLVÉ, R. The decline of diversity in European agriculture. **Ecologist**, v.23, p.64-69, 1993.

VIEIRA, E.S.; SCHUSTER, I.; SILVA, R.B.da; OLIVEIRA, M.A.R.de. Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, n. 11, p. 1460-1466, 2009.

ZHIVOTOVSKY, L.A.; FELDMAN, M.W. Microsatellite variability and genetic distances. **Proceedings of the National Academy of Science of the USA**. v. 92, p. 11549-11552, 1995.

WANGE, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L.; CHANG, R.; QUI, L. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean as revealed by SSR markers. **Crop Science**, v. 46, p. 1032-1038, 2006.

YAMANAKA, N.; SATO, H.; YANG, Z.; XU, D.H.; CATELLI, L.L. Genetic relationships between Chinese, Japanese, and Brazilian soybean gene pools revealed by simple sequence (SSR) markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 30, n. 1, p. 85-88, 2007.

ANEXO

Tabela 1A. Genealogia ou parentais envolvidos de algumas cultivares

| Genótipo | Genealogia ou parentais envolvidos |
|---------------------|---|
| BRS 213 | BR 94-23254 x BR 94-23321 |
| BRS 214 | Sharkey x (Hartwig x BR 92-31814) |
| BRS 215 | BR 92-31879 x Sharkey |
| BRS 216 | (BR 79-15807 x Embrapa 4) x IAC 13 |
| BRS 230 | BR 85 18565 ⁵ x(Embrapa 4 x Tracy M) |
| BRS 232 | BR 85 18565 ³ [Embrapa 4(3) x Tracy M]] |
| BRS 239 | Ocepar 4 (Iguaçu) x Braxton |
| BRS 240 | - |
| BRS 243 RR | (Embrapa 59 ³ x E96 246) X BR 66 |
| BRS 244 | Embrapa 59 ⁶ x E96 246 |
| BRS 246 RR | Embrapa 61 x [BRS 133 ² x E96 246]] |
| BRS 255 RR | BRS 137 ³ x E96 392 |
| BRS 256 RR | (E96 246 x BRS 133) x Conquista |
| BRS 257 | BR 93-32109 x BR 94 – 23 396 |
| BRS 263 (Diferente) | Parentais envolvidos: Sharkey e PI 437 654 |
| BRS Baliza | BRS Celeste x [MS/BR93CH x (E96 246 x Uirapuru)] |
| BRS Barreiras | FT-Abyara x [IAC 12 x (Lancer x BR 80 6089)] |
| BRS Candeia | [BRS 27 (4) FT-Cristalina] x Braxton |
| BRS Carnaúba | [E 93-392 x (BR 92-3189 x Hartwig] |
| CD 204 | SOC 81-216 x Ocepar 3 (Primavera) |
| CD 205 | BR 83-147 x OC 87-216 |
| CD 210 | OC 1027 x OC 1000 |
| CD 215 | OC 88-127 x OC 90-234 |
| CD 221 | BR 90-4406 x OC 90-503 |
| BRS GO Caiapônia | BRS 85-6356 x Ocepar 3 (Primavera) |
| BRS GO Chapadões | Hartwig x (BR 90-7063 x BR 90-7213) |
| FMT Cachara | Parentais envolvidos: Peking (Sharkey) e PI 437 654(Hartwig) |
| Fundacep 38 | Cobb x RS 7 |
| FT-Cristalina | Cruzamento Natural em UFV-1 |
| IAC 100 | IAC 78-2318 x IAC 12 |
| BRS GO Ipameri | Leflore ⁴ x BR 907057 |
| M-SOY 5942 | FT 5135 x Ripley |
| M-SOY 7204 | FT 87-174 x FT 82-65686 |
| M-SOY 7501 | FT-Abyara ⁵ x Ocepar 16 |
| M-SOY 7575 RR | Parental envolvido: FT-Abyara |
| BRS GO Mineiros | FT-Cometa x FT 105 |
| BRS Pirarara | BR 27 x [Braxton ² x (Br 27 ⁴ x FT-Cristalina)] |
| Fundacep Missões | OC 90 696 x FT-Abyara |
| BRSMT Pintado | Sharkey x [Hartwig x (BR 87-567 ³ x FT-Estrela)] |
| P98N71 | Parental envolvido: Peking |
| P98N82 | Parental envolvido: Peking |
| BRS Raimunda | Braxton x BR 92-31857 |
| BRS Sambaíba | FT 5 x (Dourados 1 ⁵ x Ocepar 9-SS-1) |
| BRS Tracajá | FT-Abyara x [(Dourados1 x Ocepar 9-SS-1) x BR 85 206] |
| BRSMT Uirapuru | BR 83-9520-1(2) x FT-Estrela |
| BRS Valiosa RR | (Conquista x Linhagem RR) ⁵ x Conquista |