

DANIELE PIANO ROSA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E MOLECULAR E RELAÇÕES
ENTRE CARACTERES DE SOJA ADAPTADA ÀS REGIÕES
SUL, CENTRO-OESTE, NORTE E NORDESTE DO BRASIL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de Doctor Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

R788d
2017

Rosa, Daniele Piano, 1988-

Diversidade fenotípica e molecular e relações entre
caracteres de soja adaptada às regiões Sul, Centro-Oeste, Norte e
Nordeste do Brasil / Daniele Piano Rosa. – Viçosa, MG, 2017.
xi, 121f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Tuneo Sedyama.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. Soja - Melhoramento genético. 2. Microssatélites
(Genética). 3. Soja - Brasil, Sul. 4. Soja - Brasil, Centro-Oeste.
5. Soja - Brasil, Norte. 6. Soja - Brasil, Nordeste. I. Universidade
Federal de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de
Pós-graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22 ed. 633.342

DANIELE PIANO ROSA

**DIVERSIDADE FENOTÍPICA E MOLECULAR E RELAÇÕES ENTRE
CARACTERES DE SOJA ADAPTADA ÀS REGIÕES SUL,
CENTRO-OESTE, NORTE E NORDESTE DO BRASIL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Fitotecnia, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*

APROVADA: 22 de fevereiro de 2017.



Cosme Damião Cruz
(Coorientador)



Aluízio Borém de Oliveira



Rogério Faria Vieira



Luiz Antônio dos Santos Dias



Tuneso Sedyama
(Orientador)

À minha mãe, Mary Lúcia Piano

Aos meus irmãos, Rodrigo Piano Rosa e
Marcelo Piano Rosa

À minha avó, Maria Piano

À minha tia, Ângela Piano Faccenda

Ao meu tio, Odival Faccenda

DEDICO

AGRADECIMENTOS

À Deus por todas as bênçãos à mim concedidas e por ter me ensinado o que é viver por fé.

À minha mãe, Mary Lúcia Piano, por ser minha melhor amiga, meu porto seguro, por me dar todo o suporte necessário para enfrentar os obstáculos que se impuseram ao longo dessa árdua, porém, valiosa caminhada. Obrigada por sempre me colocar em suas orações.

Ao meu pai, Nelson Rosa, e aos meus irmãos, Rodrigo Piano Rosa e Marcelo Piano Rosa, pelo incentivo que sempre me deram para alcançar meus objetivos.

À minha avó, Maria Piano, por sempre torcer por mim e esperar, pacientemente, eu voltar para casa, mesmo que poucas vezes durante os últimos quatro anos.

À minha tia, Ângela Piano Faccenda, e ao meu tio, Odival Faccenda, pelo carinho, pelos conselhos e suporte à mim dispensados durante toda a minha vida acadêmica.

Ao meu orientador, Tuneo Sediya, pela orientação e pelos ensinamentos ao longo do curso.

Ao meu coorientador, Cosme Damião Cruz, pela paciência e pelos conhecimentos compartilhados, que foram fundamentais na realização desse trabalho.

Ao meu coorientador, Felipe Lopes da Silva, pelo apoio de infraestrutura e pelos ensinamentos compartilhados.

Aos meus colegas de Pós-graduação, Alisson, Amilton, André Ricardo, Danúbia, Francisco Charles, Guilherme e Stenio, pela amizade que construímos ao longo dessa jornada, pelo auxílio na condução dos experimentos e pelos conhecimentos compartilhados.

Aos estagiários do Programa Soja da UFV, Ciro, Diego, Gabriella, João Pedro, Joana, Lucas, Luisa, Natália e Yuri, pela ajuda na condução dos experimentos.

Aos funcionários José Bernardino Pires e Paulo Paiva, pelo auxílio na preparação dos substratos e nas irrigações das plantas.

Às empresas Bacuri Pesquisa e Melhoramento em Agronomia, Sinai e Sementes Estrela, e ao Janes Maffini, por cederem sementes das cultivares de soja avaliadas nesse trabalho.

Ao professor Aluízio Borém, pelos ensinamentos, pela amizade e incentivo, e por ter viabilizado o doutorado sanduíche nos Estados Unidos.

Ao Dr. Brian Diers, pela receptividade na University of Illinois at Urbana-Champaign, EUA, por disponibilizar a infraestrutura para a realização dos experimentos e pelos ensinamentos durante o doutorado sanduíche.

À Lilian Brzostowski, Sarah Schultz, e ao Neil Yu, pesquisadores do Lab do Dr. Brian Diers, que deram todo o suporte necessário para a realização dos experimentos e das análises estatísticas.

À CAPES, CNPq e FAPEMIG pelas concessão das bolsas de Pós-graduação e de Iniciação Científica.

A todos que contribuíram de alguma forma para a conclusão desse trabalho.

Muito Obrigada!

BIOGRAFIA

Daniele Piano Rosa, filha de Mary Lúcia Piano e Nelson Rosa, nasceu em 22 de outubro de 1988, na cidade de Erechim, no Estado do Rio Grande do Sul, Brasil.

Em maio de 2006 ingressou na graduação em Agronomia, na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), em Santa Maria, Rio Grande do Sul, e durante todo o curso trabalhou em iniciação científica na área de melhoramento genético de feijão para qualidade nutricional dos grãos e caracteres agronômicos desejáveis. Em janeiro de 2011 graduou-se em Agronomia.

Em março de 2011, ingressou no curso de Mestrado em Produção Vegetal na Universidade Federal de Santa Maria (UFSM), onde desenvolveu pesquisa focada em melhoramento do feijoeiro para precocidade do ciclo. Graduou-se em março de 2013.

Em abril de 2013, ingressou no curso de Doutorado em Fitotecnia na Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais. Durante o curso desenvolveu pesquisa focada em diversidade genética de cultivares de soja avaliadas por meio de descritores mínimos e adicionais e marcadores moleculares. De julho de 2015 a junho de 2016, realizou doutorado sanduíche na University of Illinois at Urbana-Champaign (EUA), sob à orientação do Dr. Brian Diers. Em fevereiro de 2017 submeteu-se à defesa de tese.

SUMÁRIO

RESUMO	viii
ABSTRACT	x
INTRODUÇÃO GERAL	1
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	4
CAPÍTULO 1 - DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE SOJA DE DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL POR MEIO DE DESCRITORES FENOTÍPICOS MÍNIMOS E ADICIONAIS	7
RESUMO	7
ABSTRACT	8
INTRODUÇÃO.....	10
MATERIAL E MÉTODOS.....	12
RESULTADOS E DISCUSSÃO	25
CONCLUSÕES.....	62
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	63
CAPÍTULO 2 - DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE SOJA DE DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL POR MEIO DE	70
MARCADORES MICROSSATÉLITES.....	70
RESUMO	70
ABSTRACT	72
INTRODUÇÃO.....	74
MATERIAL E MÉTODOS.....	75
RESULTADOS E DISCUSSÃO	89
CONCLUSÕES.....	97
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	97
CAPÍTULO 3 - EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE COMPONENTES PRIMÁRIOS E SECUNDÁRIOS SOBRE A PRODUÇÃO DE GRÃOS DE SOJA	102
RESUMO	102
ABSTRACT	103
INTRODUÇÃO.....	104

MATERIAL E MÉTODOS.....	105
RESULTADOS E DISCUSSÃO	108
CONCLUSÕES.....	117
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	118
CONCLUSÕES GERAIS	121

RESUMO

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2017.
Diversidade fenotípica e molecular e relações entre caracteres de soja adaptada às regiões Sul, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do Brasil.
Orientador: Tuneo Sedyama.

O melhoramento de soja no Brasil não levou em consideração as avaliações de ampliação ou redução da diversidade genética. Ao longo dos anos, o processo de melhoramento da soja pode causar redução da variabilidade genética pelo estreitamento da base genética da cultura. O estudo da diversidade genética, além de ser importante para fins de melhoramento pode ser empregado para avaliação e identificação de descritores adicionais em soja. Essa avaliação é importante para facilitar o processo de distinguibilidade de cultivares, uma vez que os descritores, atualmente em uso, estão se tornando insuficientes para diferenciar as cultivares de soja. Além disso, o estudo da relação entre caracteres pode tornar o processo de seleção mais rápido e eficaz quando pratica-se seleção indireta via caracteres de fácil mensuração que sejam correlacionados com a produção de grãos, a qual é um caráter quantitativo, controlado por muitos genes e com alta influência ambiental. Assim, os objetivos desses estudos foram: I) quantificar a diversidade genética de cultivares de soja de diferentes regiões de adaptação do Brasil e identificar descritores adicionais em soja; II) quantificar a diversidade genética de cultivares de soja por meio de marcadores microssatélites, e verificar se as análises moleculares podem substituir ou complementar as análises fenotípicas na diferenciação das cultivares de soja; III) verificar os efeitos diretos e indiretos de componentes primários e caracteres secundários sobre a produção de grãos em cultivares de soja. Os resultados do primeiro estudo mostraram que os descritores quantitativos agruparam as cultivares por região de adaptação, e os métodos UPGMA, Tocher e projeção gráfica foram concordantes nos agrupamentos nas três épocas de semeadura. O descritor quantitativo número de dias para o florescimento foi o mais importante para a diversidade em outubro de 2013 e abril

de 2014, enquanto, em outubro de 2014 foi a altura de planta em R1. Quanto aos descritores qualitativos, o método de Tocher formou mais grupos que o UPGMA nas três épocas de semeadura, diferenciando mais as cultivares. Em todas as épocas houve maior dissimilaridade dentro de cada região de adaptação. O descritor qualitativo linearidade da haste principal no terço superior foi importante para a diferenciação das cultivares em outubro de 2013 e em abril de 2014, enquanto, a densidade de pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo contribuiu para a diferenciação das cultivares em outubro de 2014. Os resultados do segundo estudo demonstraram que o par de cultivares BRS Tracajá x M 9144 RR foi o mais similar para os marcadores estudados, enquanto, o par DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR foi o mais dissimilar, visto que as cultivares são de regiões de adaptação distintas (Sul e Centro-Oeste). Os métodos de Tocher, UPGMA e projeção bidimensional foram concordantes no agrupamento das cultivares. As cultivares da Monsanto ficaram alocadas em todos os grupos, exceto o grupo 4 do Tocher e dos grupos 5 e 6 do UPGMA. Esses resultados indicam que há variabilidade disponível dentro deste programa de melhoramento para a região Centro-Oeste. As cultivares da Embrapa, Nidera, Dom Mario, DuPont Pioneer ficaram em grupos separados, tanto pelo agrupamento de Tocher como pelo UPGMA. Portanto, há variabilidade entre esses programas de melhoramento. As correlações entre matrizes de distância de dados moleculares e fenotípicos foram de baixa magnitude. Os coeficientes de correlação variaram de $r=-0,02$ a $r=0,31$, portanto, sugere-se que as análises moleculares não substituem as avaliações fenotípicas. Os resultados do terceiro estudo evidenciaram que o componente primário peso médio do grão é indicado para seleção indireta para produtividade de grãos de soja, independente da época de semeadura; o componente primário número de vagens por planta foi eficiente para a seleção indireta para a produtividade de grãos na semeadura de abril; o caráter secundário ciclo é indicado para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de outubro; os caracteres secundários altura de planta na maturação e período vegetativo são indicados para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de abril.

ABSTRACT

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2017. **Phenotypic and molecular diversity and relationships between soybean characters adapted to the South, Midwest, North and Northeast regions of Brazil.** Adviser: Tuneo Sedyama.

Soybean breeding in Brazil did not take into account the assessments of magnification or reduction of genetic diversity. Over the years, the soybean breeding process can reduce genetic variability by narrowing the crop's genetic basis. The study of genetic diversity, besides being important for breeding purposes, can be used to evaluate and identify additional soybean descriptors. This evaluation is important to facilitate the process of distinguishing cultivars, since the descriptors currently in use are becoming insufficient to differentiate soybean cultivars. In addition, the study of the relationship between characters can make the selection process faster and more efficient when indirect selection is practiced via easily measured characters that are correlated with grain yield, which is a quantitative character, controlled by many genes and with high environmental influence. Thus, the objectives of these studies were: I) to quantify the genetic diversity of soybean cultivars from different adaptation regions of Brazil and to identify additional soybean descriptors; II) to quantify the genetic diversity of soybean cultivars by microsatellite markers, and to verify if the molecular analyzes can substitute or complement the phenotypic analyzes in the differentiation of soybean cultivars; III) to verify the direct and indirect effects of primary components and secondary characters on the yield in soybean cultivars. The results of the first study showed that the quantitative descriptors grouped the cultivars by adaptation region, and the UPGMA, Tocher and graphic projection methods were concordant in the groupings at the three sowing seasons. The quantitative descriptor number of days for flowering was the most important for diversity in October 2013 and April 2014, while the plant height at R1 in October 2014 was the most important to. For the qualitative descriptors, the Tocher

method formed more groups than the UPGMA in the three sowing seasons, differentiating more the cultivars. In all sowing seasons there was greater dissimilarity within each region of adaptation. The qualitative descriptor linearity of the main stem in the upper third was important for the cultivar differentiation in October 2013 and April 2014, while the density of pilosity between veins in the abaxial part of the leaflet contributed to the differentiation of the cultivars in October 2014. The results of the second study showed that the pair of cultivars BRS Tracajá x M 9144 RR was the most similar for the studied markers, while the pair DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR was the most dissimilar, since the cultivars are from different regions of adaptation (South and Central West). The Tocher, UPGMA and two-dimensional projection methods were concordant in the grouping of the cultivars. Monsanto's cultivars were allocated to all groups, except group 4 of the Tocher and groups 5 and 6 of the UPGMA. These results indicate that there is variability available within this breeding program for the Midwest region. The cultivars from Embrapa, Nidera, Dom Mario and DuPont Pioneer were kept in separate groups, both by the Tocher and UPGMA methods. Therefore, there is variability between these breeding programs. The correlations between molecular and phenotypic data distance matrices were of low magnitude. The correlation coefficients ranged from $r = -0.02$ to $r = 0.31$, so it is suggested that molecular analyzes do not replace phenotypic evaluations. The results of the third study showed that: the primary component mean weight of grain is indicated for indirect selection for grain yield of soybean, independent of the growing season; the primary component number of pods per plant is indicated for indirect selection for grain yield at sowing in April; the secondary character cycle is indicated for the indirect selection for soybean grain yield at the sowing in October; the secondary characters plant height at maturation and vegetative period are indicated for the indirect selection for soybean grain yield at sowing in April.

INTRODUÇÃO GERAL

A soja é umas das mais importantes culturas agrícolas no mundo e movimenta grande parte do agronegócio no Brasil. O país é o segundo maior produtor mundial, ficando atrás apenas dos Estados Unidos. A perspectiva é de que nos próximos anos a produção brasileira de soja ultrapasse a produção americana, devido ao aumento de produtividade e à maior capacidade de cultivo em terras agricultáveis. Por outro lado, nos Estados Unidos a expansão das áreas agrícolas é limitada, tornando-os dependentes apenas do aumento de produtividade (LADEIRA, 2016).

Os programas de melhoramento têm focado em desenvolver cultivares de soja mais produtivas e com caracteres agronômicos desejáveis, o que torna o Brasil cada vez mais competitivo. A primeira referência sobre soja no país foi em 1882, na Bahia, e as cultivares introduzidas dos Estados Unidos não apresentaram boa adaptação nesta latitude, em torno de 12 graus Sul. Posteriormente, em 1891, novos materiais foram introduzidos em Campinas, São Paulo, em latitude em torno de 22°54'Sul. Nessa região, a soja apresentou melhor desenvolvimento do que na Bahia. Nesse mesmo ano foi também introduzida no Rio Grande do Sul, porém apenas em 1935 teve início no Estado a produção comercial de soja (SANTOS, 1988; SEDIYAMA, 2009).

A soja é uma planta de dias curtos, sendo cultivada em latitudes maiores que 30°, em condições de clima temperado. O Brasil representa uma exceção nesse contexto, uma vez que, o uso da característica período juvenil longo atrasa o florescimento em condições de dias curtos e durante a fase juvenil a soja não é induzida a florescer mesmo quando submetida a fotoperíodo indutivo curto, permitindo assim maior crescimento vegetativo. Isso possibilitou a expansão da cultura para regiões de climas tropical e subtropical (ALMEIDA et al., 1999). Por esse motivo a soja passou a ser cultivada no Centro-Oeste, Nordeste e Norte do Brasil.

Apesar desses avanços, o melhoramento de soja no Brasil não levou em consideração as avaliações da diversidade genética. Os estudos de diversidade genética são importantes no pré melhoramento, em recursos genéticos, e também

podem ser empregados na avaliação da eficiência de descritores fenotípicos e moleculares em distinguir cultivares de soja.

A diversidade genética pode ser quantificada por meio de técnicas biométricas baseadas na quantificação da heterose, destacando-se as análises dialélicas, ou por processos preditivos que envolvem métodos multivariados, tais como, análises por componentes principais, variáveis canônicas ou métodos aglomerativos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para esses autores a escolha do método mais adequado deve ser determinada pela precisão desejada pelo pesquisador, pela facilidade da análise e pela maneira como os dados experimentais foram obtidos. A diversidade genética pode ser avaliada empregando informações fenotípicas (caracteres morfológicos, fenológicos, descritores), e também por meio de marcadores moleculares.

Estudos de descritores fenotípicos, por meio de variáveis canônicas, têm sido realizados em feijão (FONSECA; SILVA, 1977), em tomate (ROCHA et al., 2009), em mamoneira (BEZZERA NETO et al., 2010), em seringueira (GOUVEA; CHIORATO; GONÇALVES, 2010), em guariroba (PINTO et al., 2010), entre outros, mostrando que as análises multivariadas são importantes ferramentas na identificação de novos descritores fenotípicos, na caracterização de acessos em bancos de germoplasmas e na identificação de variabilidade genética e da divergência genética para a seleção de progenitores em programas de melhoramento genético.

Além disso, Nogueira et al. (2008), avaliando 11 cultivares de soja por meio de funções discriminantes, identificaram variabilidade genética para as características comprimento do hipocótilo, comprimento do epicótilo, comprimento do pecíolo da folha unifoliolada, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada, comprimento da raque do folíolo terminal da primeira folha trifoliolada e forma da folha unifoliolada, podendo ser úteis como descritores adicionais de soja. No entanto, estudos de diversidade genética, avaliando descritores obrigatórios e adicionais em soja, são escassos na literatura e somados ao fato de os descritores obrigatórios estarem se tornando insuficientes para distinguir as cultivares de soja (NOGUEIRA et al., 2008), é necessário

estudos para identificação de novos descritores, para que aliados aos descritores já existentes, haja maior eficácia no processo de distinguibilidade entre os materiais.

Os marcadores moleculares também podem ser empregados em estudos de diversidade genética. O uso de marcadores moleculares se baseia na necessidade de quantificar a variabilidade genética, descrever como esta se distribui e como pode ser manipulada (BORÉM; CAIXETA, 2016; ROBINSON, 1998). No melhoramento, quantificar o grau de dissimilaridade entre linhagens e variedades, via marcadores moleculares, também tem sido primordial, uma vez que são usados na identificação do parentesco genético, na predição da heterose, na identificação de variedades protegidas, entre outros (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Além de estudo da diversidade genética, o estudo da relação entre caracteres tem sido importante no processo de melhoramento da soja. Os coeficientes de correlação, apesar de quantificarem a magnitude e a direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não fornecem a importância relativa dos efeitos diretos e indiretos desses fatores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para a obtenção dos efeitos diretos e indiretos é empregada a análise de trilha, desenvolvida por Wright (1921), Wright (1923), Li (1975). As informações estatísticas geradas por meio da análise de trilha em cadeia são importantes na seleção indireta, ou seja, na detecção de caracteres de simples avaliação e que estão correlacionados com caracteres complexos que são de difícil seleção, a exemplo da produtividade de grãos. Dessa forma a seleção indireta pode tornar o processo de seleção e desenvolvimento de cultivares mais rápido e eficiente. A análise de trilha em cadeia é relatada em trabalhos com soja (NOGUEIRA et al., 2012), com feijão (COIMBRA et al., 1999), com palmito (UZZO et al., 2004), com pinhão- manso (SPINELLI et al., 2010) e com pimentão (CARVALHO et al., 1999).

Diante do exposto, os objetivos deste trabalho foram:

1. Quantificar a diversidade genética de cultivares de soja de diferentes regiões de adaptação do Brasil, e identificar descritores adicionais em soja;

2. Quantificar a diversidade genética, por meio de marcadores SSR, de cultivares brasileiras de soja oriundas de diferentes regiões do Brasil, e verificar se as análises moleculares podem substituir ou complementar as análises fenotípicas na diferenciação das cultivares de soja;
3. Estimar os efeitos diretos e indiretos de componentes primários e caracteres secundários sobre a produção de grãos em cultivares de soja cultivadas em casa de vegetação.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, L. A. de.; KIIHL, R. A. de S.; MIRANDA, M. A. C. de.; CAMPELO, G. J. de A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R (Eds). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**. Versão online 1.0. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 1999, p.1-15.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; GONÇALVES, L. S. A.; RÊGO FILHO, L de M.; AMARAL JÚNIOR, A. T do. Descritores quantitativos na estimativa da divergência genética entre genótipos de mamoneira utilizando análises multivariadas. **Revista Ciência Agronômica**, v. 41, n. 2, p. 294-299, 2010.

BORÉM, A.; CAIXETA, E. T. Marcadores moleculares. Viçosa: UFV. 2016, 384 p.

CARVALHO, C. G. P. de.; OLIVEIRA, V. R.; CRUZ, C. D.; CASALI, V. W. D. Análise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 34, n. 4, p. 603-613, 1999.

COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F.; CARVALHO, F. I. de.; COIMBRA, S. M. M.; MARCHIORO, V. S. Análise de trilha I: análise do rendimento de grãos e seus componentes. *Ciência Rural*, **Santa Maria**, v. 29, n. 2, p. 213-218, 1999.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento de genético**. 4 ed. UFV: Viçosa, 2012, 514p.

FONSECA, J. R.; SILVA, H. T. da. Emprego da análise multivariada na caracterização de acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, Brasília, v. 19, n. 2, p. 335-341, 1977.

GOUVÊA, L. R. L.; CHIORATO, A. F.; GONÇALVES, P. de S. Divergence and genetic variability among superior rubber tree genotypes. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.45, n.2, p.163-170, fev. 2010.

LADEIRA, F. Brasil pode superar EUA na produção de soja ainda nessa safra, diz presidente da Datagro. Infomoney, 2016. Disponível em : < <http://www.infomoney.com.br/mercados/agro/noticia/5652693/brasil-pode-superar-eua-producao-soja-ainda-nessa-safra-diz>>. Acesso em: 19 jan 2017.

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

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B. de.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

NOGUEIRA, A.P.O.; SEDIYAMA, T; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; PEREIRA, D. G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural**, v.38, n.9, p.2427-2433, 2008.

PINTO, J. F. N.; REIS, E. F. dos.; FALEIRO, F. G.; BARBOSA, E. C. C.; NUNES, H. F.; PINTO, J. F. N. Seleção de descritores vegetativos para a caracterização de acessos de guariroba (*Syagrus oleracea* (Mart.) Becc.) **Revista Brasileira de Fruticultura**. Jaboticabal, (versão online) v.32, n.3, 2010.

ROBINSON, I. P. Aloenzimas na genética de populações de plantas. In: ALFENAS, A. C. (Ed). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa: UFV, 1998, p. 329-380.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; CORRÊA, F. M.; RODRIGUES, R.; SILVA, S. L.; ABBOUD, A. C de S.; CARMO, M. G. F. do. Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 3, p.664-670, 2009.

SANTOS, O. S. **A cultura da soja -1 Rio Grande do Sul, Santa Catarina e Paraná**. Editora Globo, 1988, 299 p.

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

SPINELLI, V. M.; ROCHAI, R. B.; RAMALHOI, A. R.; MARCOLAN, A. L.; VIEIRA JÚNIOR, J. R.; FERNANDES, C. de F.; MILITÃO, J. S. L. T.; DIAS, L. A. dos S. Componentes primários e secundários do rendimento de óleo de pinhão-manso. **Ciência Rural** (Versão Online), Santa Maria, 2010. Disponível em: < <http://www.scielo.br/pdf/cr/2010nahead/a687cr3156.pdf>>. Acesso em: 20 jan 2017.

UZZO, R. P.; BOVI, M. L. A.; SPIERING, S. H.; SÁES, L. A. Coeficiente de caminhamento entre caracteres vegetativos e de produção de palmito da palmeira real australiana. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 1, p. 136-142, 2004.

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

WRIGHT, S. The theory of path coefficients – a replay to Niles' criticism. **Genetics**, Austin, v. 8, n. 3, p. 239-255, 1923.

CAPÍTULO 1

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE SOJA DE DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL POR MEIO DE DESCRITORES FENOTÍPICOS MÍNIMOS E ADICIONAIS

RESUMO

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2017. **Diversidade genética entre cultivares de soja de diferentes regiões do Brasil por meio de descritores fenotípicos mínimos e adicionais.** Orientador: Tuneo Sedyama.

O estudo da diversidade genética da soja apresenta relevância na manutenção de recursos genéticos, no melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares e para avaliação de descritores fenotípicos. Os objetivos deste trabalho foram 1) quantificar a diversidade genética de cultivares de soja de diferentes regiões de adaptação do Brasil e 2) identificar descritores adicionais em soja. Os experimentos foram instalados em três épocas de semeadura, em casa de vegetação, com delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Foram utilizadas 39 cultivares brasileiras de soja e avaliadas por 68 características (36 quantitativas e 32 qualitativas). O estudo da diversidade genética foi realizado por meio de técnicas multivariadas. Os resultados mostraram que os descritores quantitativos agruparam as cultivares por região de adaptação, e os métodos UPGMA, Tocher e projeção gráfica foram concordantes nos

agrupamentos nas três épocas de semeadura. O descritor quantitativo número de dias para o florescimento foi o mais importante para a diversidade em outubro de 2013 e abril de 2014, enquanto, em outubro de 2014 foi a altura de planta em R1. Quanto aos descritores qualitativos, o método de Tocher formou mais grupos que o UPGMA nas três épocas de semeadura, diferenciando mais as cultivares. Em todas as épocas houve maior dissimilaridade dentro de cada região de adaptação. O descritor qualitativo linearidade da haste principal no terço superior foi importante para a diferenciação das cultivares em outubro de 2013 e em abril de 2014, enquanto, a densidade de pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo contribuiu para a diferenciação das cultivares em outubro de 2014. Concluiu-se que 1) apesar da base genética da soja ser considerada estreita há muita variabilidade genética a ser explorada em todas as regiões de adaptação da cultura no Brasil; 2) os métodos UPGMA, Tocher e projeção gráfica foram concordantes nos agrupamentos das cultivares nas três épocas de semeadura; 3) os descritores qualitativos apresentaram maior capacidade que os descritores quantitativos em diferenciar as cultivares de soja; 4) Os descritores quantitativos número de dias para o florescimento e altura da planta em R1 apresentaram maior contribuição com a variação total da diversidade genética das cultivares de soja.

Palavras-chave: Glycine max (L.) Merrill, dissimilaridade, métodos de agrupamento, descritores quantitativos e qualitativos.

ABSTRACT

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2017. **Genetic diversity among soybean cultivars from different regions of Brazil using minimal and additional phenotypic descriptors.** Adviser: Tuneo Sedyama.

The study of the genetic diversity of soybean has relevance for the maintenance of genetic resources, for the breeding on the development of new cultivars and also for the evaluation of phenotypic descriptors. The objectives of this work were 1) to quantify the genetic diversity of soybean cultivars from different adaptation regions of Brazil and 2) to identify additional soybean descriptors. The essays were set up in three seasons, in a greenhouse, with a randomized block design with four replications. Thirty - nine Brazilian soybean cultivars were evaluated by 68 characters (36 quantitative and 32 qualitative). The study of genetic diversity was performed through multivariate techniques. The results showed that the quantitative descriptors grouped the cultivars by adaptation region, and the groupings from UPGMA, Tocher and graphical projection methods were concordant on the three growing seasons. The quantitative descriptor number of days for flowering was the most important for diversity in October 2013 and April 2014, while in October 2014 the plant height at R1t was the most important. For the qualitative descriptors, the Tocher method formed more groups than the UPGMA in the three growing seasons, which means that the qualitative descriptors differentiating the cultivars more than quantitative descriptors. In all growing seasons there was greater dissimilarity within each region of adaptation. The qualitative descriptor linearity of the main stem in the upper third was important for the cultivar differentiation in October 2013 and April 2014, while the density of pilosity between veins in the abaxial part of the leaflet contributed to the differentiation of the cultivars in October 2014. It was concluded that 1) although the genetic basis of soybean is considered close, there is a great amount of genetic variability to be explored in all adaptation regions of crop in Brazil; 2) the UPGMA, Tocher and graphic projection methods were concordant in the clusters of the cultivars in the three sowing seasons; 3) the qualitative descriptors presented greater capacity than the quantitative descriptors to differentiate the soybean cultivars; 4) the quantitative descriptors number of days for flowering and height of the plant in R1 presented greater contribution with the total variation of the genetic diversity of soybean cultivars.

Key words: Glycine max (L.) Merrill, dissimilarity, clustering methods, quantitative and qualitative descriptors.

INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] é uma das leguminosas de maior importância econômica no mundo. Tem origem na China e foi domesticada na região Nordeste deste país (CALDWELL, 1973). No Brasil, foi introduzida no Estado da Bahia, seguido de estudos em São Paulo, no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). Apenas em 1914 foi cultivada comercialmente pela primeira vez no Rio Grande do Sul (SEDIYAMA et al., 1985).

A soja possui grande importância na economia brasileira, devido, dentre vários fatores, ao bem sucedido trabalho de pesquisadores brasileiros no melhoramento para adaptação a regiões de baixa latitude, como Centro-Oeste, Norte e Nordeste do país. No entanto, as avaliações de ampliação ou redução da diversidade genética não foram levadas em consideração no melhoramento de soja no Brasil. Alguns trabalhos têm mostrado que as cultivares brasileiras possuem base genética estreita, sendo originada de poucos ancestrais introduzidos (HIROMOTO; VELLO, 1986; PRIOLLI et al., 2004). Em termos de melhoramento, isso pode causar falta de variabilidade em germoplasma elite para características de importância, tornando as cultivares vulneráveis geneticamente e contribuindo para o iminente alcance de um platô de produtividade (MULATO, 2009).

Diante disso, o estudo da diversidade genética torna-se tão importante, muito embora ainda exista lacuna na interação entre recursos genéticos e programas de melhoramento (NASS, 2001). Nesse contexto, a avaliação da diversidade genética visa à identificação de genitores adequados que proporcionem maior segregação por meio de recombinantes, possibilitando o aparecimento de transgressivos. Isso é alcançado com população base adequada que possibilite a seleção de plantas que reúna ampla variabilidade genética com

alto desempenho para as características sob seleção (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Assim, o estudo da diversidade genética pode ajudar na manutenção e ampliação de germoplasma dos programas de melhoramento no Brasil visando o desenvolvimento de cultivares para as regiões tradicionais de cultivo e também para o Norte e Nordeste, conhecidos como as últimas fronteiras agrícolas do país. Além disso, é possível avaliar e identificar novos descritores por meio do estudo da diversidade genética. É denominado descritor qualquer característica morfológica, fisiológica, bioquímica ou molecular que seja herdada geneticamente e utilizada na identificação da cultivar (MAPA, 2014).

Antes de ser comercializada, as cultivares necessitam do certificado de proteção, os quais garantem o direito de obtenção dos royalties aos seus detentores, conforme está previsto na Lei de Proteção de Cultivares (LPC) nº 9.456 de 25 de abril de 1.997, regulamentada pelo Decreto nº 2.366 de 5 de novembro de 1997. No ano de 2015 foram depositados no Serviço Nacional de Proteção de Cultivares (SNPC) 3.796 pedidos de proteção de cultivar de várias espécies e foram concedidos títulos para 2.810 cultivares, evidenciando a dinamicidade no processo de desenvolvimento até a comercialização de uma nova cultivar. (MAPA, 2016).

A cultivar passível de proteção deve atender, entre vários requisitos, o de ser distinta, homogênea e estável (MAPA, 2010). Esses são comprovados por experimentos específicos denominados Testes de Distingüibilidade, Homogeneidade e Estabilidade (Testes DHE). Distingüibilidade refere-se a diferenças claras de qualquer outra cuja existência na data do pedido de proteção seja reconhecida. A homogeneidade é a uniformidade entre plantas dentro da mesma geração, e a estabilidade refere-se à manutenção das características em gerações sucessivas (MAPA, 2010).

Para diferenciar uma cultivar, atualmente são empregados 38 descritores, entre os mínimos e os adicionais (MAPA, 2014). Esses descritores têm se mostrado insuficientes para distinguir as cultivares (NOGUEIRA et al., 2008), o que impulsiona estudos para a identificação de novos descritores. Na literatura existem poucos estudos empregando descritores na cultura da soja (NOGUEIRA

et al., 2008; MATSUO et al., 2012) e, por isso, a identificação de novos descritores fenotípicos, aliados aos já existentes, pode auxiliar no processo de distinguibilidade entre as cultivares de soja por meio de estudos de diversidade genética. Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram (1) quantificar a diversidade genética de cultivares de soja de diferentes regiões de adaptação do Brasil e (2) identificar descritores adicionais em soja.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, no município de Viçosa, MG, a qual possui as seguintes coordenadas geográficas: 20°45'S e 42°51'W. Os experimentos foram instalados em três épocas de semeadura (outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014) e os tratamentos foram constituídos de 39 cultivares de soja, adaptadas a diferentes regiões de cultivo no Brasil (Tabela 1).

O delineamento experimental foi de blocos casualizados com quatro repetições. Foram utilizadas 156 unidades experimentais, constituídas de vasos plásticos com capacidade para 2,5 litros (Figura 1). As sementes foram tratadas, antes da semeadura, com fungicida carbendazin na dose equivalente a 60 mL 100 kg⁻¹ de sementes e, em seguida foram submetidas à inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Em cada vaso foram semeadas seis sementes e, após a emergência das plântulas, foi realizado o desbaste mantendo-se duas plantas. O substrato foi constituído de solo e esterco bovino curtido, na proporção 3:1. A correção da acidez do solo e a adubação foram realizadas com base nos resultados da análise de solo. O controle de pragas e doenças foi efetuado de acordo com as recomendações para a cultura da soja (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015).

Tabela 1. Trinta e nove cultivares de soja seguidas dos grupos de maturidade, regiões de adaptação e empresas obtentoras dos materiais genéticos.

Cultivares	Grupos de maturidade	Regiões de adaptação	Empresas obtentoras
BMX Veloz RR	5.0	Sul	DonMario
BMX Alvo RR	5.8	Sul	DonMario
BMX Tornado	6.2	Sul	DonMario
DM 6260 RSF	6.0	Sul	DonMario
DM 6563 RSF	6.3	Sul	DonMario
DM 6458 RSF	5.8	Sul	DonMario
BMX Ativa RR	5.0	Sul	DonMario
BMX Apolo RR	5.5	Sul	DonMario
FPS Júpiter 51	5.9	Sul	DonMario
FPS Antares RR	6.8	Sul	DonMario
FPS Netuno RR	6.3	Sul	DonMario
FPS Urano RR	6.2	Sul	DonMario
CD 2585 RR	5.8	Sul	Coodetec
NA 5909 RR	5.9	Sul	Nidera
NS 4823 RR	5.3	Sul	Nidera
NS 5959 IPRO	5.9	Sul	Nidera
NS 6262 RR	6.2	Sul	Nidera
NS 5445 IPRO	5.6	Sul	Nidera
BMX Potência	6.7	Sul/Centro-Oeste	DonMario
M 7211 RR	7.2	Centro-oeste	Monsanto
M 8211 RR	8.2	Centro-oeste	Monsanto
M 9144 RR	9.1	Centro-oeste	Monsanto
M 8199 RR	8.1	Centro-oeste	Monsanto
M 7908 RR	7.9	Centro-oeste	Monsanto
M 8527 RR	8.5	Centro-oeste	Monsanto
M 8867 RR	8.8	Centro-oeste	Monsanto
M 7639 RR	7.6	Centro-oeste	Monsanto
P 98Y51 RR	8.5	Centro-oeste	DuPont Pioneer
P 98Y30 RR	8.3	Centro-oeste	DuPont Pioneer
P 98R37 RR	8.3	Centro-oeste	DuPont Pioneer
P 99R30 RR	9.0	Centro-oeste	DuPont Pioneer
NA 7337 RR	7.3	Centro-oeste	Nidera
NA 7255 RR	7.3	Centro-oeste	Nidera
NS 7609 RR	7.6	Centro-oeste	Nidera
BRS Candeia	9.6	Norte e Nordeste	Embrapa
BRS Carnaúba	9.6	Norte e Nordeste	Embrapa
BRS Tracajá	9.2	Norte e Nordeste	Embrapa
BRS 278 RR	9.4	Norte e Nordeste	Embrapa
BRS 271 RR	9.3	Nordeste	Embrapa



Figura 1. Experimento em casa de vegetação disposto em delineamento de blocos ao acaso na semeadura de abril de 2014. Fonte: arquivo pessoal.

As avaliações fenotípicas foram realizadas com base na escala de desenvolvimento da soja, proposta por Fehr e Caviness, (1977). Os caracteres foram avaliados conforme metodologia descrita por Sedyama et al. (2013), sendo assim denominados:

No estágio V1 - primeiro nó - (folhas completamente desenvolvidas nos nós das folhas unifolioladas):

Pigmentação antociânica do hipocótilo: foram classificadas em cor roxa, verde ou bronze. As notas da escala corresponderão aos valores 1, 2 ou 3, respectivamente.

No estágio V2 - segundo nó - (primeira folha trifoliolada completamente desenvolvida no nó acima dos nós das folhas unifolioladas):

Forma da base da folha unifoliolada: foram avaliadas visualmente as duas folhas unifolioladas de cada planta, sendo classificada por nota conforme o formato: (1) truncada, (2) acunheada, (3) auriculada, (4) truncada/acunheada, (5) truncada/auriculada, (6) acunheada/auriculada. Os formatos são assim denominados: truncada: quando a base da folha unifoliolada apresenta-se reta, formando um ângulo de aproximadamente 90° com o pecíolo e nervura principal; acunheada: quando a base da folha unifoliolada se prolonga em direção ao pecíolo e haste principal em forma de cunha, formando um ângulo maior que 90° em relação à base da folha e o pecíolo e auriculada: quando ocorre uma reentrância da base da folha unifoliolada da base da folha unifoliolada em forma auriculada.

Forma da base da folha unifoliolada (avaliação métrica): foi medido o comprimento máximo da nervura principal e a largura máxima da base das duas folhas unifolioladas de cada planta. A base da folha unifoliolada foi classificada em: base estreita (BE): largura do folíolo/comprimento do folíolo $< 0,6$; base média (BM): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $0,6$ a $0,8$; base larga (BL): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $0,8 < 1,0$; base muito larga (BML): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $\geq 1,0$. Assim a seguinte escala de notas foi utilizada: nota 1: BE, nota 2: BM, nota 3: BL, nota 4: BML, nota 5: BE e BM, nota 6: BE e BL, nota 7: BE e BML, nota 8: BM e BL, nota 9: BM e BML e nota 10: BL e BML.

Coeficiente da base da folha unifoliolada: realizada por análise métrica nas duas folhas unifolioladas de cada planta. Foi medido o “Maior comprimento da inserção do folíolo até o ápice”, a “Maior distância direita a partir do ápice - DLD”; “Maior distância lateral esquerda a partir do ápice - DLE”. Com base nesses dados foram calculados o Coeficiente da Base da Folha Unifoliolada (CBFU). Sendo $CBFU = (DLD + DLE) / 2 / \text{comprimento}$.

Comprimento do hipocótilo: foi medido a distância da superfície do solo até o nó cotiledonar.

Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada: medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção da folha unifoliolada.

Ângulo formado pela inserção dos pecíolos da folha unifoliolada (AIPFU): medido com auxílio de transferidor.

Ângulo de abertura dos pecíolos das folhas unifolioladas (AAPFU): medido com auxílio de transferidor.

No estágio V3 - terceiro nó - (três nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas, iniciando-se com os nós das folhas unifolioladas):

Filotaxia do primeiro par de folhas trifolioladas: foi classificado por escala de notas sendo nota 1: posição alterna e nota 2: posição oposta dos dois primeiros trifólios na haste principal

Comprimento do epicótilo: foi medido a distância entre o nó cotiledonar até o nó das folhas unifolioladas.

Comprimento do primeiro internódio: foi medido entre o nó da folha unifoliolada e o nó da folha acima.

Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada: foi medido a partir da haste principal até a base de junção dos folíolos laterais do trifólio.

Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada: foi medido a partir da junção dos dois folíolos laterais até a base do folíolo central.

No estágio R1 - início da floração - (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal):

Cor da flor: foi classificado por escala, sendo a nota 1: cor branca e nota 2: cor roxa.

Posição da primeira flor na haste principal: foi anotado a posição do nó na haste principal em que abriu a primeira flor.

No estágio R2 - floração plena - (flor aberta em um dos dois últimos nós da haste principal com folha completamente desenvolvida):

Comprimento da inflorescência axilar na parte mediana superior da haste principal (CIAPMSH) : foi medido o comprimento a partir da base da inflorescência axilar até a extremidade final.

No estágio R5 - início da formação da semente - (semente com 3mm de comprimento em uma vagem localizada em um dos quatro últimos nós superiores, sobre a haste principal, com a folha completamente desenvolvida):

Forma do folíolo lateral: os folíolos foram classificados pela seguinte escala de notas: nota 1: lanceolada estreita, nota 2: lanceolada, nota 3: triangular, nota 4: oval pontiaguda, nota 5: oval arredondada. O folíolo lanceolado estreito apresenta razão comprimento/ largura maior do que 2,5 e lanceolado quando essa razão for em torno de 2,5.

Inflorescência múltipla axilar: foi anotado a presença (nota 1) ou ausência (nota 0) de inflorescência axilar na parte mediana superior da haste principal.

No estágio R6 - semente completamente desenvolvida - (vagem contendo semente verde que preencha a cavidade da vagem, localizada em um dos quatro últimos nós superiores, sobre a haste principal, com a folha completamente desenvolvida):

Linearidade da haste principal: foi medido o ângulo dos entrenós na parte basal, mediana e superior da haste principal, tomando-se como referência 90° em relação à base da planta. Os ângulos foram classificados por meio de escala: nota 1- 1 a 5% de inclinação; nota 2- 6 a 10% de inclinação; nota 3- 11 a 15% de inclinação; nota 4- 16 a 20% de inclinação; nota 5- 21 a 30% de inclinação; nota 6- 31 a 40% de inclinação. A haste principal que apresentou internódios curvilíneos foi avaliada pela seguinte escala visual: 1- internódios de curvatura suave; 2- internódios de curvatura mediana; 3- internódios de curvatura acentuada.

Pilosidade entre nervuras na folha: com o auxílio de uma lupa, foi classificada a densidade da pilosidade entre nervuras, na parte adaxial e abaxial da folha, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa intensidade de pelos; 3- média intensidade de pelos; 4- alta intensidade de pelos; 5- muito alta intensidade de pelos.

Pilosidade sobre a nervura principal da folha: foi classificada a densidade da pilosidade sobre a nervura principal, na parte abaxial da folha, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa densidade de pelos; 3- média densidade de pelos; 4- alta densidade de pelos; 5- muito alta densidade de pelos.

Pilosidade da haste principal: foi classificada a densidade da haste principal, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa densidade de pelos; 3- média densidade de pelos; 4- alta densidade de pelos; 5- muito alta densidade de pelos.

Posição do pelos entre nervuras da folha: foi classificado visualmente a posição dos pelos entre nervuras, na parte adaxial e abaxial das folhas, segundo a escala: 1- prostrado; 2- semi-prostrado; 3- ereto.

Posição do pelos sobre a nervura principal da folha: foi classificado visualmente a posição dos pelos sobre a nervura principal, na parte abaxial das folhas, segundo a escala: 1- prostrado; 2- semi-prostrado; 3- ereto.

Hábito de crescimento: foi avaliado pela seguinte escala de notas: ereto - as extremidades das hastes secundárias da planta estão próximas ou paralelas à haste principal (nota 1); ereto a semiereto - as extremidades das hastes secundárias estão paralelas a ligeiramente afastadas da haste principal (nota 2); semiereto - as hastes secundárias formam um ângulo aproximado de 30° a 45° em relação à haste principal (nota 3); semiereto a horizontal - as hastes secundárias formam um ângulo aproximado de 45° a 75° em relação à haste principal (nota 4); horizontal - as hastes secundárias formam um ângulo de aproximadamente 75° a 90° em relação à haste principal (nota 5).

Florescimento terminal da haste principal: foi classificado como presença (nota 1) ou ausência (nota 0) de inflorescência racemosa terminal na haste principal.

No estágio R7 - início da maturação – (uma vagem normal sobre a haste principal que tenha atingido a cor da vagem madura):

Tipo de crescimento: foi classificado por escala de nota, sendo: nota 1: tipo determinado, nota 2: tipo semideterminado e nota 3: tipo indeterminado.

Início da maturação das vagens: foi classificado por escala de notas sendo: nota 1: início da maturação de cima para baixo, nota 2: de baixo para cima, nota 3: do meio para as extremidade e nota 4: maturação indefinida.

Tipo de caule: o tipo de caule foi classificado por escala de notas sendo, nota 1: caule normal e nota 2: caule braquítico.

No estágio R8 - maturação plena - (95% de vagens que tenham atingido a cor da vagem madura):

Ciclo: número de dias da emergência até maturação de 95% das vagens.

Diâmetro da haste: medido acima do primeiro nó, com auxílio de paquímetro digital.

Comprimento médio dos internódios: altura final da planta dividido pelo número total de nós no estágio R8.

Cor da vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por escala de notas, sendo: nota 1: em cinza claro, nota 2: cinza escuro, nota 3: marrom claro, nota 4: marrom médio e nota 5: marrom escuro.

Depressão na vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por ausência ou presença de depressão na vagem. As notas foram convertidas para 0 (ausência) e 1 (presença) da característica.

Apículo da vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por presença ou ausência de apículo na extremidade da vagem. As notas serão convertidas para 0 (ausência) e 1 (presença) da característica.

Comprimento da vagem: dez vagens com três grãos cada planta foram medidas com régua.

Diâmetro da vagem: foi medido o diâmetro de dez vagens de três grãos, sendo a mensuração padronizada no grão do meio da vagem. A medição foi feita com paquímetro digital.

Espessura da vagem: foi medido a espessura de dez vagens de três grãos, sendo a mensuração padronizada no grão do meio da vagem. A medição foi feita com paquímetro digital.

Curvatura da vagem: foi medido o ângulo formado entre as extremidades da vagem curvada no seu vértice, baseado na junção adaxial (dorsal) em dez vagens de três grãos.

Formato do hilo: dez sementes de cada planta foram avaliadas visualmente por escala de notas, sendo nota 1: hilo alongado, nota 2: hilo oval alongado, nota 3: hilo ovalado e nota 4: hilo tipo sela.

Largura do hilo: dez sementes de cada planta foram medidas com auxílio de paquímetro digital.

Comprimento do hilo: dez sementes de cada planta foram medidas com auxílio de paquímetro digital.

Cor do hilo: as cores foram classificadas visualmente dez sementes de cada planta conforme as notas: nota 1: amarelo, nota 2: cinza, nota 3: marrom claro, nota 4: marrom médio, nota 5: preto imperfeito, nota 6: preto.

Intensidade no brilho do tegumento: foram classificadas dez sementes de cada planta de acordo com a escala visual: nota 1: tegumento brilhante, nota 2: tegumento de brilho médio e nota 3: tegumento fosco.

Peso de 100 sementes: as sementes foram pesadas com auxílio de balança de precisão de 0,01g.

Altura da primeira vagem: foi medida após a colheita a altura de inserção da primeira vagem em cada planta.

Número de vagens por planta: em cada planta foi contado o número total de vagens.

Número de vagens com 2 grãos: em cada planta, foi contado o número de vagens com duas sementes.

Número de vagens com 3 grãos: em cada planta, foi contado o número de vagens com três sementes.

Número médio de grãos por vagem: foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens.

Peso médio do grão: foi obtido pela razão entre o peso das sementes de cada planta e o número total de grãos de cada planta.

Produtividade: massa média de grãos por unidade experimental.

Número de dias do período vegetativo: foi contado o número de dias da emergência até a abertura da primeira flor na haste principal.

Altura da planta: foi medida a altura das planta nos estádios R1 e R8.

Número de nós na haste principal: foi contado número e nós nos estádios R1e R8.

Na maturação de colheita as plantas foram colhidas individualmente, identificadas e, posteriormente, beneficiadas manualmente.

Análise de Diversidade Genética

Medidas de dissimilaridade entre cultivares

Em cada experimento foi realizada análise de variância individual, e, posteriormente, com os dados médios das cultivares para os descritores quantitativos, obteve-se a matriz de distância entre os pares de cultivares, empregando como medida de dissimilaridade a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), em que:

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

D_{ii}^2 = distância de Mahalanobis entre os genótipos i e i' ;

Ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$, sendo $d_k = \bar{Y}_{ik} - \bar{Y}_{i'k}$; e,

$\bar{Y}_{ik}$ = média do i -ésima cultivar em relação à k -ésima variável ($k = 1, 2 \dots v$).

As categorias das 32 variáveis fenotípicas multicategóricas (descritores qualitativos) foram codificadas para o padrão binário, sendo que o número de categorias foi variável para os diferentes descritores, totalizando em 139 categorias. A dissimilaridade entre as cultivares foi calculada por meio do complemento aritmético do coeficiente de Jaccard.

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

$$s_{ii} = \frac{a}{a+b+c}$$

d_{ii} = complemento aritmético do coeficiente de Jaccard;

s_{ii} = coeficiente de Jaccard;

a = valor que quantifica o número de coincidência do tipo 1 – 1 para cada par de cultivares;

b = valor que quantifica o número de discordância do tipo 1 – 0 para cada par de cultivares;

c = valor que quantifica o número de discordância do tipo 0 – 1 para cada par de cultivares.

Agrupamento das cultivares

Em cada experimento, as cultivares foram agrupadas pelo método de otimização de Tocher, pelo método hierárquico da Ligação Média entre Grupos (UPGMA). Também realizou-se a análise de variáveis canônicas culminando com o agrupamento das cultivares na projeção gráfica tridimensional, conforme descrito por Cruz; Ferreira; Pessoni (2011).

a) Método de Tocher

Utilizando a matriz de dissimilaridade foi formado o primeiro par de cultivares, sendo esses os mais similares. A inclusão de um nova cultivar em um grupo se deu por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o nível máximo permitido (θ) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada cultivar. Dessa forma, se:

$$\frac{d_{(\text{grupo})i}}{n} \leq \theta, \text{ incluiu-se a cultivar } i \text{ no grupo};$$

$\frac{d_{(\text{grupo})i}}{n} > \theta$, a cultivar i não foi incluída no grupo, sendo n o número de cultivares que constituíram o grupo inicial.

b) Método da Ligação Média entre Grupos ou UPGMA

Essa técnica de agrupamento utiliza as médias das medidas de dissimilaridade, contornando o problema de caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre as cultivares consideradas (Cruz; Regazzi; Carneiro, 2012). O dendrograma é inicialmente estabelecido pelo par de cultivares de maior similaridade e a distância entre uma cultivar k e um grupo, formado pelas cultivares i e j , foi calculada pela seguinte fórmula:

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

c) Variáveis Canônicas e Projeção gráfica tridimensional (3D)

A análise de variáveis canônicas consiste em estimar os coeficientes de ponderação dos caracteres em cada variável canônica e suas respectivas variâncias. Sendo Y_1 a primeira variável canônica, a sua variância, de forma matricial, segundo Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), é dada por:

$$V(Y_1) = a'T a, \text{ sendo que:}$$

$$a' = \text{vetor } 1 \times v \text{ de elementos } a_j (j = 1, 2, \dots, v)$$

As estimação das raízes características (autovalores λ) e os respectivos vetores característicos (autovetores a) associados foram calculados conforme metodologia descrita por Cruz; Ferreira; Pessoni (2011).

Para a dispersão gráfica é necessário levar em consideração uma combinação linear de variáveis transformadas ou originais, pois os escores obtidos serão os mesmos. Assim segundo Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), tem-se:

$$VC_1 = \alpha_{11}z_1 + \alpha_{12}z_2 + \dots + \alpha_{1v}z_v = a_{11}X_1 + a_{12}X_2 + \dots + a_{1v}X_v$$

...

$$VC_n = \alpha_{n1}z_1 + \alpha_{n2}z_2 + \dots + \alpha_{nv}z_v = a_{n1}X_1 + a_{n2}X_2 + \dots + a_{nv}X_v$$

Em $VC_1, VC_2, \dots, VC_n$, tem-se:

$\sum_j \alpha_{jj}^2 = 1$, para cada $j' = 1, 2, \dots, n$; e $\sum_j \alpha_{jj'} \alpha_{jj''} = 0$ para qualquer par j' e j'' de variáveis canônicas estimadas.

Uma vez estimados os coeficientes $\alpha_{jj'}$, os coeficientes $a_{jj'}$, associados as variáveis originais, podem ser calculados por meio de:

$$[a_{j1} \ a_{j2} \dots \ a_{jv}] = [\alpha_{j1} \ \alpha_{j2} \dots \ \alpha_{jv}] V$$

As conclusões sobre os agrupamentos foram baseadas na análise conjunta dos resultados dos métodos UPGMA, Tocher, e, também, da análise de variáveis canônicas e projeção tridimensional.

Importância de caracteres para a diversidade genética nas variáveis canônicas

Identificam-se os caracteres de menor importância para divergência genética entre as cultivares avaliadas como sendo aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são os de maior magnitude, em valor absoluto, nas últimas variáveis canônicas (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Assim, a importância relativa de uma característica em cada variável canônica (θ_j) foi dada por:

$$\theta_j = a_j \hat{\sigma}_j$$

$\hat{\sigma}_j$: desvio padrão do erro experimental.

Importância de caracteres para a diversidade genética pelo critério de Singh

A contribuição relativa dos caracteres para a diversidade genética foi calculada pelo critério de Singh (1981), dada pela estatística S_{ij} :

$$D_{ii}^2 = \delta^{-1} \Psi^{-1} \delta = \sum_{l=1}^n \cdot \sum_{l=1}^n \omega_{jj} \cdot d_j d_j$$

Em que :

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

O total das distâncias que englobam todos os pares de cultivares é dados por:

$$\sum_i \cdot \sum_i D_{ii}^2 = \sum_m D_m^2 = \sum_{j=1} S_{.j}$$

Os valores de $S_{.j}$ em percentagem constituíram a medida de importância relativa das variáveis para a diversidade genética.

Fingerprint

A análise de fingerprint, por exclusão, foi realizada com 32 descritores, sendo que os dados foram codificados em padrão multicategórico. Esta análise tem por finalidade estabelecer e identificar o número mínimo de descritores qualitativos que permite discriminar cada uma das cultivares do grupo avaliado.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do aplicativo computacional em genética e estatística, Programa Genes (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Variabilidade genética entre as cultivares

Na análise de variância individual, das três épocas de semeadura, houve diferença significativa entre as médias dos tratamentos para a maioria das

O coeficiente de variação (CV) apresentou amplitude de 2,8% (comprimento da vagem) até 35% (largura do hilo) no primeiro experimento, de 3,1% (coeficiente da base da folha unifoliolada) até 47,9% (comprimento da inflorescência axilar na parte mediana a superior da haste principal - CIAPMSH) no segundo experimento, e de 3,7% (coeficiente da base da folha unifoliolada) a 34,9% (altura da primeira vagem) no terceiro experimento. Os valores baixos evidenciam boa precisão experimental para as características avaliadas. Os valores altos podem estar relacionados a não homogeneização dessas características ao longo do processo de melhoramento até o lançamento da cultivar ou uma propriedade da própria característica em se mostrar instável com a variação do ambiente (ou do bloco experimental). Silva et al. (2013), avaliando descritores adicionais em soja, encontraram valores de coeficiente de variação semelhantes ao deste trabalho.

Tabela 2. Resumo das análises de variância individual das 39 cultivares de soja para os descritores quantitativos avaliados em três épocas de semeadura (outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014) na Universidade Federal de Viçosa, no município de Viçosa, MG.

Descritores#	Fontes de variação/ Quadrados médios											
	Cultivares			Resíduo			Média			CV(%)		
	Out/13	Abril/14	Out/14	Out/13	Abril/14	Out/14	Out/13	Abril/14	Out/14	Out/13	Abril/14	Out/14
CPFU [#]	0,434 **	0,402 **	0,481 **	0,060	0,039	0,046	1,65	1,63	1,50	14,82	12,10	14,33
Coeficiente base da folha unifoliolada	0,004 **	0,003 **	0,003 **	0,002	0,001	0,001	1,00	0,96	0,97	4,22	3,13	3,66
Posição do nó da primeira flor	12,963 **	20,190 **	36,350 **	1,064	1,243	0,960	7,99	7,30	10,35	12,92	15,26	9,47
CIAPMSH [#]	0,952 **	1,147 **	1,044 **	0,068	0,234	0,153	1,26	1,01	1,47	20,77	47,85	26,55
Comprimento dos internódios	7,215 **	2,204 **	2,018 **	0,406	0,105	0,085	4,25	3,13	3,51	15,01	10,36	8,30
Curvatura da vagem	3,352 **	3,505 **	3,430 **	0,244	0,669	0,315	2,05	2,36	2,31	24,04	34,73	24,32
Largura do hilo	0,192 ^{ns}	0,120 ^{ns}	0,042 **	0,144	0,118	0,007	1,09	1,15	1,28	34,95	29,73	6,40
Comprimento do hilo	0,292 **	0,206 **	0,120 **	0,016	0,016	0,014	2,95	2,68	2,89	4,34	4,73	4,15
Peso médio do grão	0,002 **	0,003 **	0,003 **	0,000	0,000	0,000	0,12	0,12	0,11	15,47	15,91	15,47
Número médio de grãos por vagem	0,143 **	0,330 **	0,132 **	0,018	0,032	0,019	2,39	2,13	2,39	5,68	8,33	5,77
Produtividade	12,305 **	5,669 **	53,874 **	1,852	1,470	4,182	5,59	4,60	9,92	24,33	26,34	20,62
Altura da planta em R1	2893,034 **	591,247 **	1726,04 **	66,910	21,883	17,422	42,05	27,87	42,48	19,45	16,78	9,83
Número nós em R1	38,661 **	19,104 **	34,134 **	0,536	0,930	0,765	10,23	9,20	13,17	7,16	10,48	6,64
Espessura do acinturamento da vagem	1,624 **	2,319 **	1,506 **	0,261	0,323	0,294	7,89	8,28	7,04	6,48	6,87	7,70
Espessura da vagem	2,062 **	1,738 **	1,794 **	0,317	0,171	0,207	9,24	9,29	8,42	6,10	4,45	5,40
Comprimento da vagem	0,284 **	0,347 **	0,460 **	0,016	0,037	0,058	4,61	4,54	4,47	2,77	4,25	5,39
Diâmetro da vagem	1,377 **	0,678 **	1,719 **	0,439	0,151	0,245	5,65	5,79	5,36	11,72	6,71	9,24
Altura da primeira vagem	352,352 **	81,551 **	241,132 **	18,170	9,860	24,632	14,20	7,35	14,23	30,01	42,71	34,88
Diâmetro da haste	2,374 **	2,894 **	3,984 **	0,419	0,517	0,596	5,41	4,97	6,47	11,97	14,45	11,93
Número vagens de 2 grãos	70,526 **	44,043 **	168,360 **	8,717	12,573	26,694	8,62	8,46	16,54	34,26	41,93	31,24

Continuação...

Número vagens de 3 grãos	56,870 **	16,432 **	135,981 **	5,119	3,987	20,362	8,86	5,71	16,75	25,55	34,99	26,94
Período vegetativo	564,990 **	1289,28 **	749,483 **	7,847	23,549	17,732	33,14	54,44	54,69	8,45	8,99	7,70
Período reprodutivo	372,572 **	131,903 **	169,69 **	80,998	56,399	26,420	79,94	67,65	70,09	11,26	11,10	6,50
Número de sementes por planta	619,410 **	346,248 **	1538,61 **	93,613	188,270	253,348	46,57	40,40	87,41	20,78	33,97	18,21
Número vagens por planta	108,912 **	190,765 **	304,099 **	19,064	73,500	41,052	19,63	19,75	36,83	22,24	43,41	17,40
Peso de 100 grãos	21,690 **	25,158 **	33,488 **	3,573	3,776	3,139	12,12	12,19	11,33	15,60	15,94	15,64
AIPFU [#]	449,363 **	649,134 **	458,433 **	84,602	125,004	145,711	67,27	76,22	79,30	13,67	14,67	15,22
AAPFU [#]	580,893 ^{ns}	465,032 *	491,986 **	518,02	281,295	289,333	139,08	145,3	145,31	16,36	11,54	11,71
Comprimento do hipocótilo	1,480 **	1,522 **	0,672 **	0,202	0,196	0,236	3,62	3,56	2,33	12,42	12,45	20,85
Comprimento do epicótilo	4,265 **	3,232 **	2,899 **	0,459	0,196	0,178	4,63	4,03	3,57	14,64	10,98	11,62
Comprimento do pecíolo do 1º trifólio	2,962 **	2,808 **	3,788 **	0,568	0,568	0,595	5,70	5,43	6,14	13,23	13,90	12,57
Raque do folíolo central do 1º trifólio	0,116 **	0,130 **	0,148 **	0,040	0,048	0,048	0,69	0,80	0,87	29,10	27,51	25,30
Comprimento do 1 internódio	0,995 **	0,714 **	1,568 **	0,193	0,076	0,131	2,18	1,88	2,21	20,20	14,69	16,36
Ciclo	996,439 **	1468,53 **	947,527 **	73,513	92,198	38,628	113,90	122,6	133,79	7,53	7,83	4,65
Altura da planta em R8	4064,383 **	775,174 **	1854,64 **	107,42	22,184	36,544	63,94	34,93	64,06	16,21	13,49	9,44
Número nós em R8	43,068 **	16,453 **	37,966 **	1,617	0,836	1,011	14,36	10,83	17,89	8,85	8,44	5,62
Graus de liberdade	38	38	38	114	114	114						

** e * Significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F. ns: não significativo. CV: coeficiente de variação. # Descritores: comprimento do pecíolo da folha unifoliolada (CPFU, cm), coeficiente base da folha unifoliolada, posição do nó da primeira flor, comprimento da inflorescência axilar na parte mediana a superior da haste principal (CIAPMSH, cm), comprimento dos internódios (cm), curvatura da vagem (cm), largura do hilo, comprimento do hilo (cm), peso médio do grão (g), número médio de grãos por vagem, produtividade (g), altura da planta no estádio R1 (cm), número nós no estádio R1, espessura do acinturamento da vagem (mm), espessura da vagem (mm), comprimento da vagem (cm), diâmetro da vagem (mm), altura da primeira vagem (cm), diâmetro da haste (mm), número vagens de 2 grãos, número vagens de 3 grãos, período vegetativo (dias), período reprodutivo (dias), número de sementes por planta, número vagens por planta, peso de 100 grãos (g), ângulo de inserção do pecíolo da folha unifoliolada (AIPFU), ângulo de abertura dos pecíolos das folhas unifolioladas (AAPFU), comprimento do hipocótilo (cm), comprimento do epicótilo (cm), comprimento do pecíolo do primeiro trifólio (cm), comprimento da raque do folíolo central do primeiro trifólio (cm), comprimento do primeiro internódio, ciclo (dias), altura da planta no estádio R8 (cm) e número nós no estádio R8.

Diversidade genética por meio de descritores quantitativos

O estudo da diversidade genética com base nas análises individuais de cada época de semeadura evidenciou que o ambiente influenciou o desempenho das cultivares e, conseqüentemente, os agrupamentos foram diferentes em cada época para os descritores quantitativos avaliados.

A partir da matriz de dissimilaridade identificou-se as distâncias genéticas entre os pares de cultivares. Os menores valores foram obtidos entre os pares FPS Júpiter RR x DM 6260 RSF IPRO ($D_{ii}^2 = 17,5$) na safra de outubro de 2013, FPS Júpiter RR x CD 2585 RR ($D_{ii}^2 = 22,2$) e DM 6458 RSF IPRO x DM 6365 RSF IPRO ($D_{ii}^2 = 22,2$) em abril de 2014 e NS 5959 IPRO x BMX Alvo RR ($D_{ii}^2 = 30,0$) na safra de outubro de 2014, respectivamente. Portanto, são os indivíduos menos dissimilares quanto aos descritores quantitativos avaliados nesse trabalho. Dois genitores com pequenas distâncias genéticas entre si tendem a compartilhar muitos genes ou alelos em comum e, portanto, quando cruzados ocorre pequena complementariedade e baixo vigor, em virtude do baixo nível de heterozigosidade alélica no cruzamento (GHADERI et al., 1984; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Por outro lado, as maiores distâncias genéticas foram obtidas pelos pares NS 4823 RR x BRS 278 RR ($D_{ii}^2 = 798,7$), BRS 278 RR x BMX Veloz RR ($D_{ii}^2 = 445,3$) e BRS 278 RR x BMX Veloz RR ($D_{ii}^2 = 900,2$) nas safras de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, respectivamente. Alto valor entre medidas de distância indicam divergência genética e presença de variabilidade entre as cultivares (RIGON et al., 2012; VILLELA, 2013). A divergência genética entre genitores em cruzamentos resulta da expressão de variabilidade genética em uma população segregante, o que é essencial para a seleção de indivíduos superiores (FALCONER, 1981). De acordo com Ghaderi et al. (1984), quando dois genitores possuem grandes distâncias genéticas entre si, é provável que sejam distintos em grande número de locos nos quais os efeitos de dominância são evidentes, contribuindo para maior manifestação de heterose.

Cortes significativos nos dendrogramas, originados pelo UPGMA, foram realizados em 32,30%, 31,27% e 32,97% de dissimilaridade, originando a formação de 13, 17 e 5 grupos nas semeaduras de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, respectivamente (Figura 1). O coeficiente de correlação cofenética fornece informação a respeito da consistência do agrupamento, e quanto maior o valor, menor será a distorção provocada pelo agrupamento, sendo suficiente correlação acima de 0,80 (ROHLF; FISCHER, 1968; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Neste trabalho obteve-se correlação cofenética de alta magnitude (0,80**; 0,74** e 0,81**), e significativa a 1% pelo teste t, e distorção de baixo percentual (10,57%, 10,09% e 9,05%) para as três épocas, respectivamente. De acordo com Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), valores de distorção inferiores à 20% são satisfatórios para a representação gráfica dos dendrogramas.

Para cada época de semeadura, houve semelhança entre os agrupamentos pelos métodos UPGMA e Tocher para a semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014. No entanto o método UPGMA formou mais grupos que o Tocher nas duas primeiras épocas de semeadura, diferenciando mais as cultivares (Figura 1 e Tabela 3). De modo geral, verificou-se que as cultivares apresentaram tendência de agrupamento por região de adaptação, especialmente as cultivares da Região Sul do Brasil, que foram alocadas nos grupos 1 do UPGMA e Tocher nas três épocas de semeadura. Já as cultivares da Região Norte e Nordeste, pelo UPGMA, compuseram os grupos 6, 7 e 13 (outubro de 2013), 9, 11, 14, 15 e 16 (abril de 2014) e os grupos 2 e 5 (outubro de 2014). As cultivares da Região Centro-Oeste também alocaram-se por região de adaptação, porém apresentaram maior dissimilaridade entre si, formando maior número de grupos pelo UPGMA nas semeaduras de outubro de 2013 e abril de 2014.

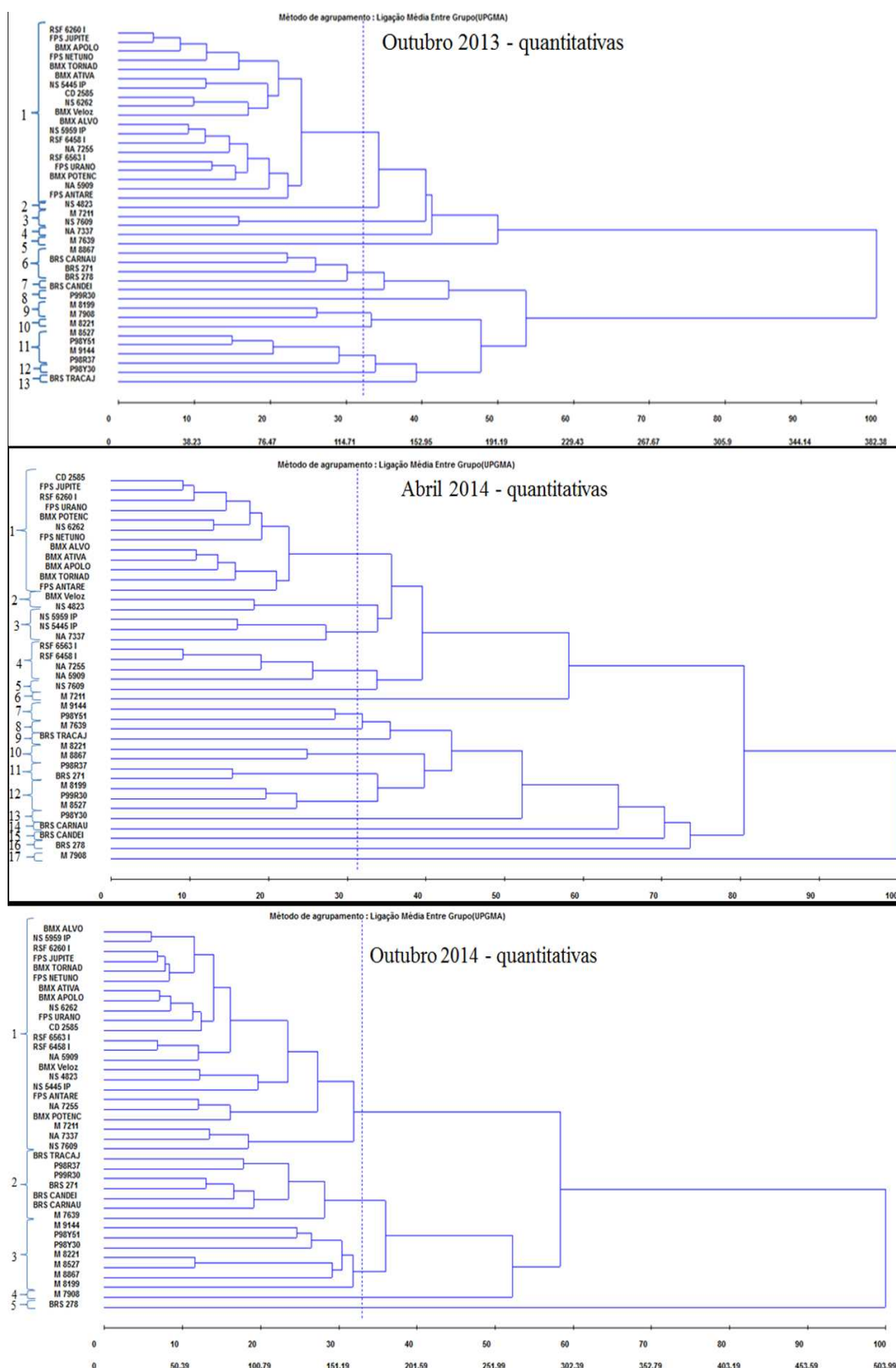


Figura 1. Dendrogramas obtidos pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) utilizando 39 cultivares de soja avaliadas por 36 descritores

quantitativos em semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

Tabela 3. Agrupamento de 39 cultivares de soja pelo método de otimização de Tocher com base em 36 descritores quantitativos avaliados em semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

----- Outubro 2013 -----	
Grupos	Cultivares
1	DM 6260 RSF IPRO, FPS Júpiter RR, BMX Apolo RR, FPS Netuno RR, CD 2585 RR, NS 5445 IPRO, NS 5959 IPRO, FPS Urano RR, BMX Ativa RR, NS 6262 RR, BMX Potência RR, BMX Alvo RR, DM 6563 RSF IPRO, BMX Velox RR, NA 5909 RR, DM 6458 RSF IPRO, NA 7255 RR, BMX Tornado RR, FPS Antares RR
2	M 8527 RR, P98Y51 RR, M 9144 RR, P98R37 RR
3	M 7211 RR, NS 7609 RR
4	M 8867 RR, BRS Carnaúba, BRS 271 RR, BRS 278 RR
5	M 8199 RR, M 7908 RR, M 8221 RR
6	BRS Candeia
7	P98Y30 RR
8	BRS Tracajá
9	M 7639 RR
10	P99R30 RR
11	NA 7337 RR
12	NS 4823 RR
----- Abril 2014 -----	
1	CD 2585 RR, DM 6260 RSF IPRO, FPS Júpiter RR, BMX Potência RR, FPS Urano RR, BMX Alvo RR, NS 6262 RR, FPS Netuno RR, BMX Tornado RR, BMX Apolo RR, FPS Antares RR, BMX Ativa RR, NA 7255 RR, DM 6563 RSF IPRO, NS 5959 IPRO, NA 7337 RR, NS 4823 RR, NA 5909 RR, NS 5445 IPRO, DM 6458 RSF IPRO, M 7639 RR, BMX Velox RR
2	P98R37 RR, BRS 271 RR, M 8867 RR, P99R30 RR, M 8527 RR, M 9144 RR, P98Y51 RR, BRS Tracajá
3	M 8199 RR, M 7908 RR
4	M 7211 RR, NS 7609 RR
5	M 8221 RR
6	P98Y30 RR
7	BRS Carnaúba
8	BRS 278 RR
9	BRS Candeia

Continuação...

----- **Outubro 2014** -----

1	BMX Alvo RR, NS 5959 IPRO, DM 6260 RSF IPRO, BMX Tornado RR, DM 6563 RSF IPRO, FPS Netuno RR, FPS Júpiter RR, NS 6262 RR, NA 5909 RR, BMX Ativa RR, BMX Apolo RR, FPS Urano RR, CD 2585 RR, BMX Velox RR, DM 6458 RSF IPRO, NS 4823 RR, NS 5445 IPRO, M 7211 RR, BMX Potência RR, NA 7255 RR, FPS Antares RR, NA 7337 RR
2	M 8221 RR, M8527 RR, M 9144 RR, BRS Carnaúba, P98Y51 RR, BRS 271 RR, P99R30 RR, BRS Tracajá, P98Y30 RR, BRS Candeia, P98R37 RR, M 8867 RR
3	M 7639 RR
4	NS 7609 RR
5	M 8199 RR
6	BRS 278 RR
7	M 7908 RR

Os agrupamentos das cultivares ocorreram predominantemente por regiões de adaptação, devido à diferença no número de dias para o início do florescimento entre as cultivares. De acordo com Barros; Sedyama (2009), a indução ao florescimento em soja ocorre quando a planta é exposta a fotoperíodo menor ou igual ao fotoperíodo crítico máximo. O fotoperíodo crítico varia de acordo com cada cultivar. Assim, as cultivares que pertencem à Região Sul (aproximadamente 30° S), quando cultivadas em latitude menor (20°45'S, Viçosa) foram induzidas ao florescimento precocemente apresentando menor ciclo. Já as cultivares adaptadas às baixas latitudes (Norte e Nordeste do Brasil), quando cultivadas em latitude maior, foram induzidas ao florescimento tardiamente, enquanto que as cultivares do Centro-Oeste, que são cultivadas em latitude semelhantes a de Viçosa, não apresentaram grande amplitude no ciclo. O número de dias para o florescimento e o número de dias para a maturação (ciclo) são consideradas características agrupadoras pelo Ministério de Agricultura, Pecuária e Abastecimento - MAPA, sendo descritores obrigatórios nos ensaios de distinguibilidade de cultivares (MAPA, 2015). Assim, os resultados desse trabalho também corroboraram a importância desses descritores no processo de diferenciação de variedades candidatas à proteção no Serviço Nacional de

Proteção de Cultivares (SNPC). Da mesma forma, Nogueira (2011), estudando a diversidade fenotípica de 90 cultivares brasileiras de soja, Wang et al. (2006), avaliando acessos chineses de soja por marcadores microsatélites (SSR) e Mulato et al. (2010) avaliando 79 acessos de soja, também relataram a tendência de agrupamento dos genótipos por região de adaptação.

Na semeadura de outubro de 2013 verificou-se que as cultivares do Sul apresentaram menor dissimilaridade, visto que formaram menor número de grupos, ou seja, grupos 1 e 2 do UPGMA e grupos 1 e 12 no Tocher. Resultados semelhantes ocorreram na semeaduras de abril de 2014 e outubro de 2014. As cultivares brasileiras possuem base genética restrita (HIROMOTO; VELLO, 1986; WYSMIERSKI, 2010). Isso é a causa da menor variabilidade genética entre as cultivares brasileiras de soja, especialmente aquelas cultivadas no Sul do Brasil, visto que, segundo Paludzyszyn; Kiihl; Almeida (1993), o melhoramento de soja no Sul do Brasil teve início com a introdução de linhagens do Sul dos Estados Unidos.

A base genética das cultivares do Sul dos Estados Unidos é predominantemente constituída por 17 ancestrais contribuindo com 94% dos genes dessas cultivares. Dois terços da base genética das cultivares do Sul é definida por apenas cinco ancestrais (CNS, S-100, Tokyo, PI 54610 e Roanoke). Mais de 50% da base genética das cultivares do norte dos Estados Unidos são formadas por apenas seis ancestrais. Apenas 17 ancestrais contribuem em pelo menos 1% de cada um para a base genética das cultivares do Norte dos Estados Unidos, enquanto que, a contribuição total desses 17, englobaram 84% da base genética total das cultivares dessa região do país (GIZLICE; CARTER; BURTON, 1994). Esses autores concluíram que, apesar de haver número grande de ancestrais compondo o germoplasma de soja americano, a base genética é restrita em termos quantitativos.

Avaliando a contribuição genética de ancestrais em 444 cultivares brasileiras de soja Wysmierski (2010), relatou que os 5 ancestrais mais importantes encontrados no seu estudo (CNS, S-100, Nanking e Tokyo e PI 54610), que representam 63,84% da base genética da soja brasileira, são exatamente os mesmos ancestrais mais importantes na base genética das cultivares

do Sul dos EUA. O autor concluiu que a base genética das cultivares brasileiras avaliadas é bastante estreita, pois, apesar de serem constituídas por 60 ancestrais no total, apenas quatro deles (CNS, S-100, Nanking e Tokyo) representaram 55,26% da base genética e apenas 14 contribuíram com mais de 1% individualmente para a base genética.

É importante ressaltar que o ideal seria calcular o coeficiente de parentesco das cultivares avaliadas nesse trabalho, porém a maioria delas são protegidas por empresas privadas, dificultando o acesso as genealogias e impossibilitando o estudo do grau de parentesco entre as cultivares.

Ainda na semeadura de 2013, verificou-se que as cultivares adaptadas ao Centro-Oeste apresentaram maior dissimilaridade genética, participando de 10 grupos do UPGMA (1, 3, 4, 5, 6, 8, 9, 10, 11 e 12) e 9 grupos do Tocher (1, 2, 3, 4, 5, 7, 9, 10 e 11) (Figura 1 e Tabela 3). A mesma tendência também foi verificada na semeadura de abril de 2014 e outubro de 2014, apesar dos agrupamentos não serem exatamente iguais. O melhoramento de soja para baixas latitudes se iniciou com algumas plantas introduzidas (PI's), além de plantas oriundas de mutações naturais, as quais foram responsáveis por conferir base genética diferente das cultivares do Sul do Brasil.

A adaptação da soja para os trópicos começou em 1970 no Instituto Agrônomo de Campinas (IAC) e no Centro Nacional de Pesquisa de Soja, com o desenvolvimento de populações entre cruzamentos de materiais americanos com genótipos de período juvenil longo (ALMEIDA et al., 1999). Os primeiros genótipos usados foram Santa Maria (Karutoby), PI 159925 e PI 240664. Em seguida, foram identificadas e selecionadas mutações naturais com ampla variação de juvenilidade, como por exemplo, IAC 73-2736, OCEPAR 9, Paranagoiana, Doko-pjl, Savanão, BR-1-pjl, sendo então utilizadas como parentais nos cruzamentos para o desenvolvimento de cultivares para baixas latitudes (MIYASAKA et al., 1970; ALMEIDA; KIIHL, 1998). Portanto, é evidente as diferenças entre os parentais que constituíram as cultivares do Sul e do Centro-Oeste do país, o que justifica os agrupamentos encontrados nesse trabalho.

A maior dissimilaridade entre as cultivares do Centro-Oeste também pode estar relacionada à seleção e uso de muitas plantas mutantes no processo de

melhoramento para áreas de baixa latitude, como já mencionado anteriormente. Ramalho et al. (2012) comentam que a origem da variabilidade genética são as mutações, pois são mudanças herdáveis. Adicionalmente, Borém; Miranda (2013) citam que as mutações podem ocorrer de forma espontânea na natureza numa frequência de 10^{-6} , ou ainda, por mutações crossing over desigual, por transformação via técnicas de DNA recombinante ou mutações somaclonais. Os autores explicam que mudanças nos nucleotídeos do DNA causam alterações no código que sinaliza para o mRNA, e, conseqüentemente, durante a síntese proteica um aminoácido distinto pode ser ligado à cadeia proteica formada. A viabilidade do uso de mutantes em soja foi relatada por Nobre et al. (2016) para qualidade fisiológica de sementes, enquanto Tulmann Neto et al. (1995) induziram mutações em soja para obtenção de plantas de ciclo precoce.

As cultivares do Norte e Nordeste, na semeadura de outubro de 2013, apresentaram dissimilaridade intermediária, sendo menor que as do Centro-Oeste e maior que as da Região Sul do Brasil, pois, compuseram três grupos no UPGMA (6, 7 e 13) e três grupos no Tocher (4, 6 e 8). A tendência de agrupamento dessas cultivares se repetiu nas outras épocas de semeadura, sendo que em abril de 2014, houve maior dissimilaridade, compondo cinco grupos no UPGMA (9, 11, 14, 15 e 16) e quatro no Tocher (2, 7, 8 e 9). Já na semeadura de outubro de 2014, as cultivares ficaram alocadas em apenas dois grupos no UPGMA (2 e 5) e dois no Tocher (2 e 6). Esses resultados podem ter ocorrido pois foi avaliado apenas cinco cultivares dessa região de adaptação, que estão em uso atualmente, sendo que todas elas são oriundas do programa público de melhoramento da Embrapa. Esses agrupamentos também confirmam a distinção das cultivares do Norte e Nordeste em relação às cultivares do Sul do Brasil, pois as cultivares adaptadas a baixas latitudes foram desenvolvidas inicialmente por meio de cruzamentos entre PI's e genótipos de período juvenil longo, sendo uma tecnologia genuinamente brasileira, conforme relatado por Almeida et al. (1999).

Os primeiros materiais desenvolvidos pela Embrapa para essas áreas foram as cultivares Tropical, Timbira, BR-10 (Teresina) e BR-11 (Carajás) (KIIHL et al., 1986). Após a Embrapa Soja criar o Centro Experimental de Balsas no Maranhão, com o objetivo de dar suporte ao programa de melhoramento de soja

para as regiões Norte e Nordeste, foram lançadas as cultivares BR-27 (Seridó), BR-28 (Cariri), Embrapa 9 (Bays), Embrapa 30 (Vale do Rio Doce), Embrapa 31 (Mina), Embrapa 32 (Itaqui), Embrapa 33 (Cariri RC), Embrapa 34 (Teresina RC), Embrapa 63 (Mirador), MA/BRS-64 (Parnaíba), MA/BRS-65 (Sambaíba), MA/BRS-163 (Pati) e MA/BRS-164 (Seridó RCH) (ALMEIDA et al., 1999).

Com base nos agrupamentos UPGMA e Tocher, as cultivares BRS Candeia e P98Y30 RR compuseram grupos isolados, tanto na semeadura de outubro de 2013, como em abril de 2014. A BRS 278 RR ficou agrupada isoladamente em abril de 2014 e outubro de 2014. Isso evidencia que essas foram as cultivares mais dissimilares, e, por isso, podem ser promissoras para compor cruzamentos com o objetivo de originarem indivíduos transgressivos em programas de melhoramento.

O uso de métodos de agrupamento e de técnicas multivariadas é útil para a identificação e seleção de genótipos contrastantes, porém, apenas isso não implica em superioridade de seus híbridos (SANTOS et al., 2012). Dois genótipos podem ser completamente distintos geneticamente, ou seja, o melhor e o pior segregante de um cruzamento e, mesmo assim, serem estritamente relacionados pelo fato de serem indivíduos de uma mesma população (GHADERI et al., 1984). Por isso, é mais importante selecionar dois genótipos que apresentam bom desempenho per se para as características de interesse, e que sejam geneticamente distantes entre si, pois devido a sua não proximidade, contribuiriam com um arranjo genético distinto e eficaz (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Além disso, é importante verificar a magnitude das dissimilaridades e a complementação alélica, que é obtida com o intuito de englobar, em uma única cultivar, características desejáveis (SHIMOYA et al., 2002). Portanto, é recomendado organizar os blocos de cruzamento levando em consideração cultivares de alto desempenho dentro da mesma região de adaptação mas que sejam alocadas em grupos diferentes por pelo menos um método de agrupamento.

Por meio da análise de variáveis canônicas verificou-se que as estimativas dos autovalores em percentual acumulado, na terceira variável canônica, alcançaram valores de 70,12%, 60,00% e 64,47% na semeaduras de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, respectivamente (Tabela 4).

Cruz; Ferreira; Pessoni (2011) afirmam que a condição ideal é que as primeiras variáveis canônicas acumulem 80% da variação total disponível no conjunto de dados, para que seja satisfatória a análise da diversidade genética por meio da dispersão gráfica em duas (2D) ou três (3D) dimensões. Neste trabalho obteve-se percentuais inferiores, porém próximos a 80% na terceira variável canônica e, portanto, a dispersão gráfica das cultivares, com base nos caracteres quantitativos avaliados, foi realizada em projeção 3D, podendo-se ter agrupamentos semelhantes aos dos métodos UPGMA e Tocher.

Tabela 4. Estimativas dos autovalores das variáveis canônicas (VC), seguidos de seus valores em percentual (%) e percentual acumulado (%Ac) referente às sementeiras de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014.

Estimativas dos autovalores das variáveis canônicas (VC)											
Outubro 2013				Abril 2014				Outubro 2014			
	Raiz	Raiz (%)	% Ac		Raiz	Raiz (%)	% Ac		Raiz	Raiz (%)	% Ac
VC 1	69,56	55,22	55,22	VC 1	28,75	38,29	38,29	VC 1	52,94	46,92	46,92
VC 2	9,45	7,50	62,72	VC 2	9,34	12,43	50,72	VC 2	10,90	9,66	56,58
VC 3	9,32	7,40	70,12	VC 3	6,97	9,28	60,00	VC 3	8,89	7,88	64,47
VC 4	6,31	5,01	75,12	VC 4	5,38	7,17	67,17	VC 4	5,90	5,23	69,69
VC 5	5,26	4,18	79,30	VC 5	3,69	4,91	72,07	VC 5	5,32	4,71	74,41
VC 6	4,79	3,80	83,10	VC 6	3,33	4,43	76,50	VC 6	4,80	4,25	78,66
-	-	-	-	VC 7	3,23	4,30	80,81	VC 7	3,21	2,85	81,51

As projeções 3D das sementeiras de outubro de 2013 (Figura 2) e da sementeira de outubro de 2014 (Figura 4) apresentaram uma representação gráfica de alta qualidade, com a formação de grupos de diferentes cores distribuídas espacialmente de forma semelhante aos agrupamentos do UPGMA e Tocher. Isso corrobora com os agrupamentos e confirma a dissimilaridade genética entre grupos e a similaridade genética dentro dos grupos. De acordo com Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), a utilização conjunta de métodos de agrupamento com métodos de dispersão gráfica tem sido a alternativa mais coerente em estudos de diversidade genética, uma vez que os métodos de agrupamentos, quando envolvem matrizes de dissimilaridade de ordem elevada, podem causar perda de informação do grau de dissimilaridade dos indivíduos dentro de um mesmo grupo.

Já, apenas a análise individual da dispersão gráfica, torna subjetiva a formação de grupos de indivíduos por meio da análise visual.

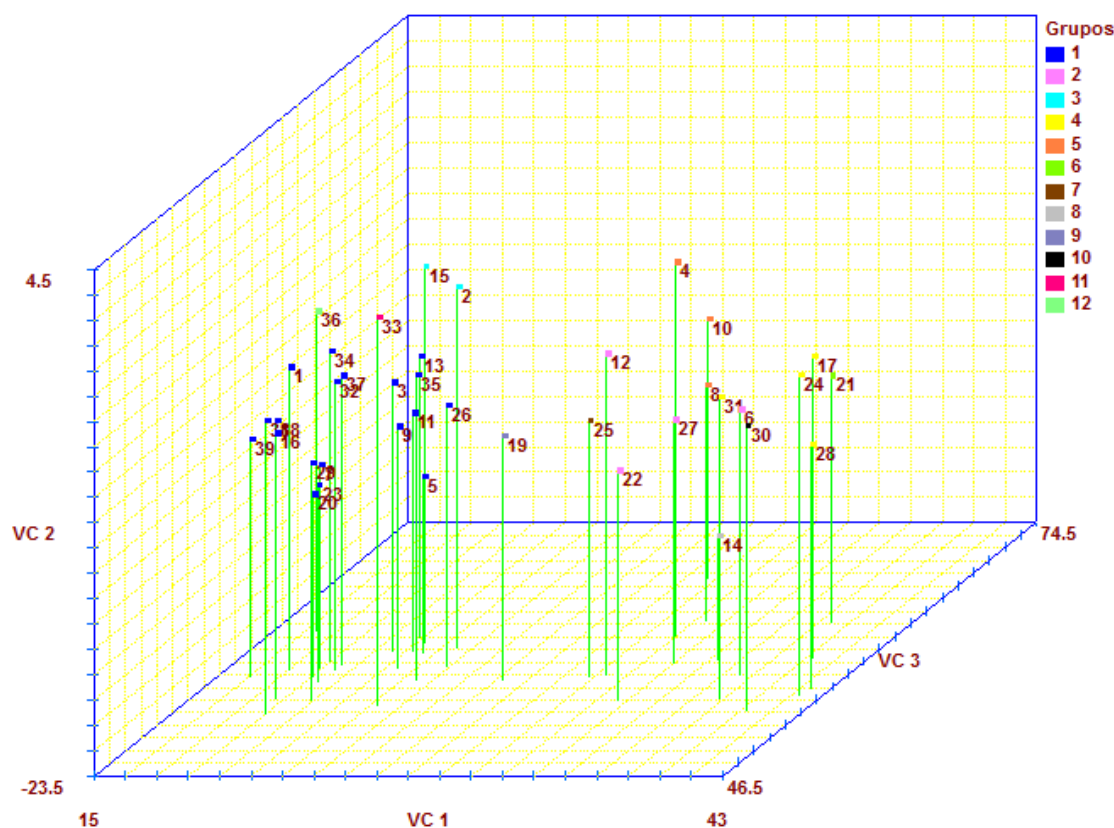


Figura 2. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares expressa pela distância de Mahalanobis, e avaliadas por 36 descritores quantitativos na semeadura de outubro de 2013. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. *Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

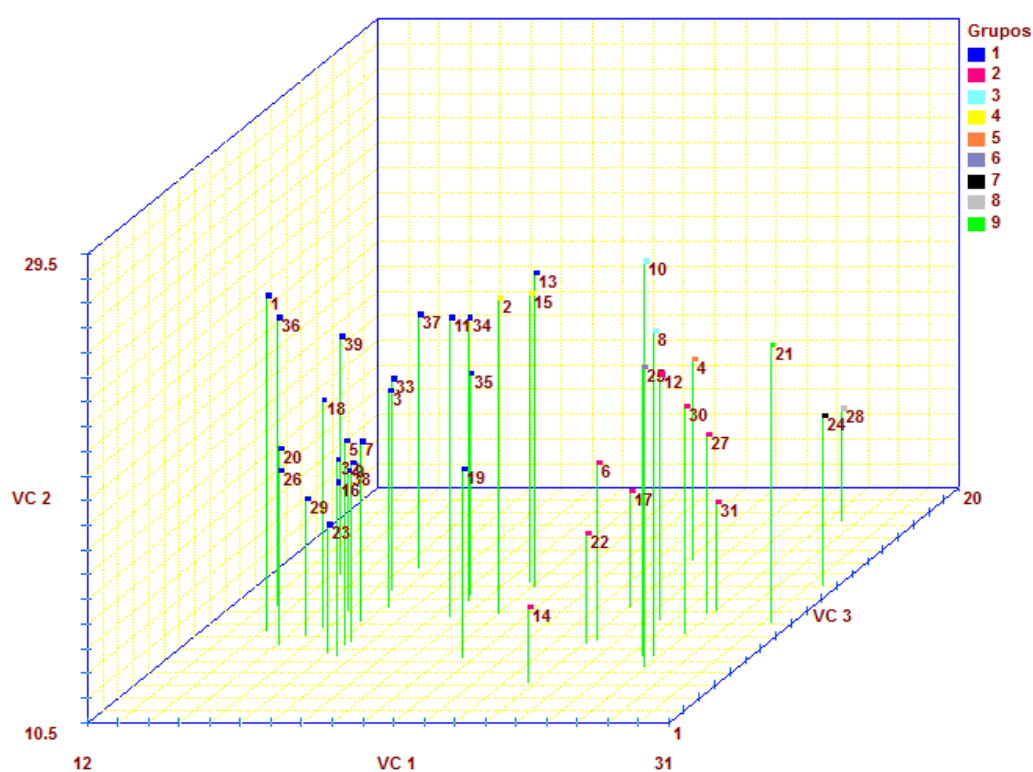


Figura 3. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares expressa pela distância de Mahalanobis, e avaliadas por 36 descritores quantitativos na semeadura de abril de 2014. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. *Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

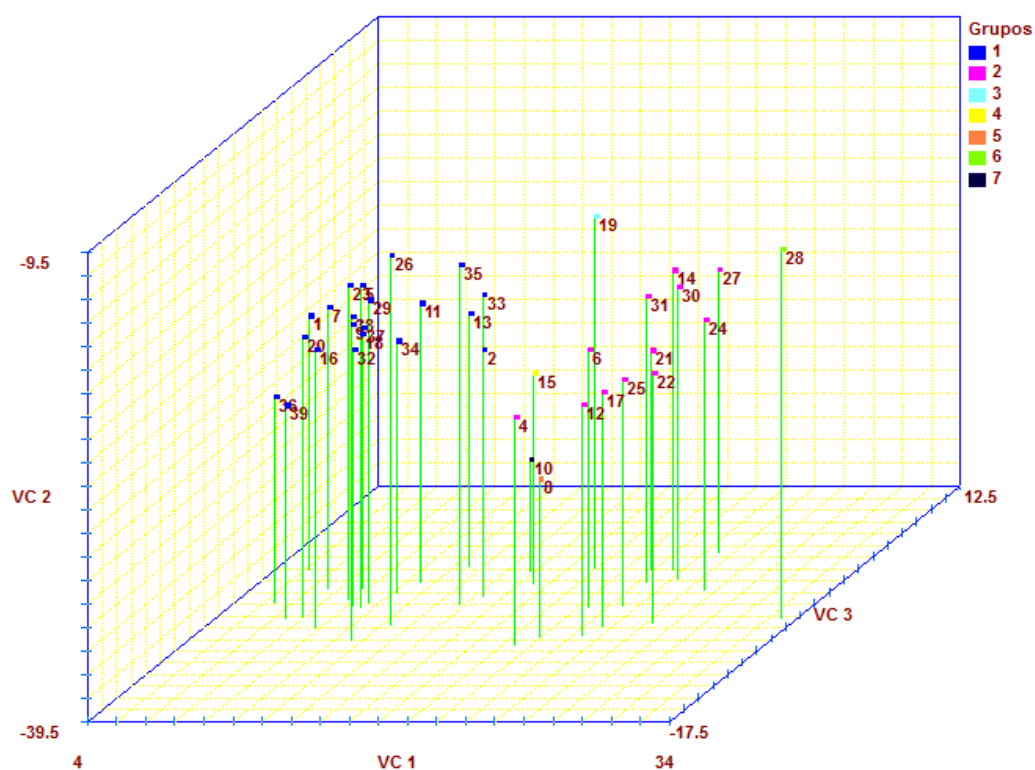


Figura 4. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares expressa pela distância de Mahalanobis, e avaliadas por 36 descritores quantitativos na semeadura de outubro de 2014. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. *Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

A projeção referente à semeadura de abril de 2014 (Figura 3), apresentou qualidade inferior as demais, pois esta absorveu, na terceira variável canônica, apenas 60% da diversidade genética contida no conjunto de dados (Tabela 4).

Portanto, houve perda de nitidez na formação dos grupos de cultivares, com exceção dos grupos 1 e 4 que apresentaram uma distribuição espacial condizente com o agrupamento pelo Tocher e UPGMA. Vários fatores podem ter causado a incapacidade das primeiras variáveis canônicas em absorver maior porcentagem da diversidade total. Dentre eles, Cruz; Ferreira; Pessoni (2011) citam que a existência de multicolinearidade entre as variáveis analisadas pode levar à singularidade da matriz E. Santos et al. (2011) avaliaram 48 genótipos de soja quanto à diversidade genética, obtiveram estimativa de variância acumulada no valor de 83,51 na terceira variável canônica (VC3), porém, optaram por representar a dissimilaridade das cultivares em um espaço bidimensional. Os autores concluíram que os agrupamentos do UPGMA e Tocher foram concordantes a projeção gráfica alocando as cultivares em quatro grupos.

Nas semeaduras de outubro de 2013 e abril de 2014, o número de dias para o florescimento foi o descritor que mais contribuiu para a diversidade genética, com 13,99% e 17,68% da diversidade total, respectivamente (Tabela 5). Isso reforça o fato de que o padrão de agrupamento das cultivares tanto pelo método UPGMA, como pelo Tocher e projeção 3D ocorreram predominantemente por latitude uma vez que a soja é uma planta de dia curto. Portanto, é sensível ao fotoperíodo da região na qual é cultivada. Da mesma maneira, Nogueira (2011) avaliando a diversidade genética de 90 cultivares de soja, detectou que o número de dias para o florescimento foi o caráter que mais contribuiu para dissimilaridade entre as cultivares. Santos et al. (2011) e Almeida, Peluzio; Afférri (2011) também verificaram que esse caráter foi um dos mais importantes para a dissimilaridade entre as cultivares, ocupando a terceira posição na classificação dos caracteres avaliados. Ao contrário disso, na semeadura de outubro de 2014, o descritor que mais contribuiu para a diversidade genética foi a altura da planta em R1.

Os descritores que ficaram na segunda e terceira posição na importância da diversidade na semeadura de outubro de 2013 foram a altura da planta em R8 (12,68%) e o ciclo (6,55%), respectivamente (Tabela 5). É válido ressaltar que a altura da planta é influenciada pelo fotoperíodo, pelo número de dias ao florescimento e pelo tipo de crescimento, pois as plantas de tipo determinado

podem crescer até 10% da altura final depois do florescimento, enquanto que as plantas de tipo semideterminado crescem até 30% da altura final depois do florescimento, e as plantas de tipo indeterminado crescem até 50% da altura final depois do florescimento (NOGUEIRA et al., 2009). Rigon et al. (2012) avaliaram 18 cultivares de soja e também relataram que o ciclo e a altura de planta em R8 figuraram entre as características mais importantes para diversidade genética, ocupando a segunda e terceira posição em importância relativa.

Na semeadura de abril de 2014, os descritores curvatura da vagem (10,33%) e número de nós em R8 (10,19%), ocuparam a segunda e terceira posição da importância da diversidade genética, respectivamente (Tabela 5). Nogueira (2011) mostrou que há correlação de alta magnitude entre número de nós em R8 e altura da planta em R8, ou seja, a medida em que se pratica seleção de plantas mais altas, também ocorre seleção para maior número de nós da haste principal da soja. De igual modo, na semeadura de outubro de 2014, o número de nós em R8 (9,52%) ocupou a segunda posição na importância da diversidade genética, seguido do número de sementes por planta (9,08%) em terceiro lugar.

Os descritores que tiveram menor contribuição relativa na diversidade, segundo o critério de Singh (1981), foram peso médio do grão (0,10%), altura da planta em R1 (0,08%) e número de vagens de três grãos (0,07%), no primeiro, segundo e terceiro experimento, respectivamente e, portanto, devem ser descartados da análise (Tabela 5). As demais características avaliadas nesse estudo são importantes na diferenciação das cultivares. Da mesma forma Nogueira et al. (2008), constataram que as características quantitativas comprimento do hipocótilo, comprimento do epicótilo, comprimento do pecíolo da folha unifoliolada, comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada e comprimento da raque do folíolo terminal da primeira folha trifoliolada apresentaram variabilidade e podem ser indicadas como descritoras adicionais de soja.

Tabela 5. Contribuição relativa (Sj) e contribuição relativa em percentual (%) dos descritores quantitativos para a diversidade genética avaliada em 39 cultivares de soja em três épocas de semeadura.

Características *	Outubro/13		Abril/14		Outubro/14	
	S.j	%	S.j	%	S.j	%
CPFU	3944,4	1,68	6232,1	4,23	5695,6	3,30
CBFU	1028,0	0,44	1554,8	1,05	795,0	0,46
Posição do nó da primeira flor	3322,8	1,42	985,3	0,67	4503,2	2,61
CIAPMSH	6443,6	2,75	404,1	0,27	952,9	0,55
CI	8763,2	3,74	15234,6	10,33	1699,7	0,98
Curvatura da vagem	6339,3	2,71	1622,9	1,10	7680,2	4,44
Largura do hilo	244,8	0,10	478,3	0,32	4588,2	2,66
Comprimento do hilo	8845,5	3,78	5282,1	3,58	3606,5	2,09
Peso médio do grão	230,2	0,10	3710,6	2,52	299,4	0,17
NGV	1376,9	0,59	5654,9	3,84	3625,2	2,10
Produtividade	6152,2	2,63	1262,1	0,86	6873,9	3,98
Altura da planta em R1	1491,0	0,64	121,9	0,08	35758,5	20,70
Número de nós em R1	13318,7	5,69	764,1	0,52	8396,9	4,86
EAV	1428,6	0,61	3317,2	2,25	679,4	0,39
Espessura da vagem	3214,3	1,37	3705,3	2,51	2429,4	1,41
Comprimento da vagem	11086,2	4,73	3603,9	2,44	2400,2	1,39
Diâmetro da vagem	2236,8	0,95	2163,4	1,47	1220,7	0,71
Altura da primeira vagem	14749,0	6,30	1191,6	0,81	585,0	0,34
Diâmetro da haste	3115,5	1,33	4297,7	2,92	873,9	0,51
Número de vagens de 2 grãos	5019,7	2,14	3654,9	2,48	1328,4	0,77
Número de vagens de 3 grãos	5238,3	2,24	860,8	0,58	115,7	0,07
Período vegetativo	32775,4	13,99	26065,4	17,68	7705,4	4,46
Período reprodutivo	1171,1	0,50	845,4	0,57	3023,0	1,75
Número de sementes por planta	14058,8	6,00	4142,6	2,81	15684,4	9,08
Número de vagens por planta	8487,1	3,62	6257,3	4,24	3466,8	2,01
Peso de 100 grãos	7012,0	2,99	182,0	0,12	460,3	0,27
AIPFU	1512,6	0,65	2213,4	1,50	2160,6	1,25
AAPFU	427,4	0,18	912,5	0,62	1313,7	0,76
Comprimento do hipocótilo	3511,5	1,50	2715,8	1,84	1112,9	0,64
Comprimento do epicótilo	2849,7	1,22	4365,4	2,96	4319,1	2,50
Comprimento pecíolo 1° trifólio	3930,6	1,68	1637,2	1,11	3496,8	2,02
Raque do folíolo central do 1° trifólio	2157,0	0,92	1554,2	1,05	1743,4	1,01
Comprimento primeiro internódio	1547,4	0,66	3713,3	2,52	2314,6	1,34
Ciclo	15346,2	6,55	2966,0	2,01	11458,5	6,63
Altura da planta em R8	29702,2	12,68	8730,6	5,92	3973,3	2,30
Número de nós em R8	2170,5	0,93	15022,2	10,19	16446,4	9,52

*CPFU: comprimento do pecíolo da folha unifoliolada; CBFU: coeficiente da base da folha unifoliolada; CIAPMSH: comprimento da inflorescência na parte mediana a superior da haste principal; CI: comprimento dos internódios; NGV: número médio de grãos por vagem; EAV:

espessura do acinturamento da vagem; AIPFU: ângulo de inserção do pecíolo da folha unifoliolada; AAPFU: ângulo de abertura dos pecíolos das folhas unifolioladas.

De acordo com a importância dos caracteres para a divergência genética, pela análise das variáveis canônicas, as variáveis sugeridas para serem descartadas foram o peso médio do grão no primeiro e terceiro experimento, e o peso de cem grãos no segundo experimento. Nogueira (2011) também constatou que o peso de cem grãos foi um dos caracteres que menos contribuiu para a dissimilaridade genética em 90 cultivares de soja avaliadas. De igual modo, Rigon et al. (2012), verificaram que o peso de cem grãos apresentou pequena importância relativa na diversidade avaliando 18 cultivares de soja. O critério para descarte se baseia na identificação dos descritores que apresentaram maior coeficiente de ponderação na última variável canônica de cada época de semeadura, sendo, portanto, variáveis que pouco contribuíram na variação total da diversidade dos conjuntos de dados analisados. De acordo com Cruz; Ferreira; Pessoni (2011) os caracteres de menor importância para a divergência genética são aqueles cujos coeficientes de ponderação, obtidos com a padronização das variáveis, são os de maior magnitude, nas últimas variáveis canônicas.

Diversidade genética por meio de descritores qualitativos

Cortes significativos nos dendrogramas, originados pelo UPGMA, foram realizados em 68,97%, 62,74% e 61,97% de dissimilaridade, originando a formação de 7, 6 e 5 grupos nas semeaduras de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, respectivamente, comprovando que existe dissimilaridade entre as cultivares e que os descritores qualitativos foram capazes de diferenciá-las (Figura 5). A correlação cofenética foi de média magnitude e significativa a 1% pelo teste t (0,79**, 0,78** e 0,72**) e a distorção foi de baixo percentual (4,71%, 3,33% e 8,71%) para as três épocas respectivamente sendo, portanto, valores satisfatórios e que possibilitam a representação das distâncias entre as cultivares em dendrogramas.

Tabela 6. Agrupamento de 39 cultivares de soja pelo método de otimização de Tocher com base em 32 descritores qualitativos avaliados em semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG.

----- Outubro 2013 -----	
Grupos	Cultivares
1	BMX Velox RR, NS 4823 RR, BMX Tornado RR, FPS Antares RR, FPS Urano RR, NS 5959 IPRO, DM 6563 RSF IPRO, DM 6458 RSF IPRO, FPS Netuno RR, NA 7255 RR, NS 6262 RR, DM 6260 RSF IPRO, BMX Potência RR , NA 7337 RR, BMX Alvo RR
2	M 7908 RR, M 8867 RR, BRS Tracajá, P98Y30 RR, BRS 271 RR
3	CD 2585 RR, NS 5445 IPRO, NA 5909 RR,
4	M 8527 RR, BRS 278 RR, P98R37 RR
5	BRS Carnaúba, P99R30 RR
6	M 7211 RR, BMX Ativa RR
7	M 8221 RR, M 8199 RR
8	M 9144 RR, BRS Candeia,
9	P98Y51 RR
10	NS 7609 RR
11	M 7639 RR
12	FPS Júpiter RR
13	BMX Apolo RR
----- Abril 2014 -----	
1	M 9144 RR, BRS Tracajá, M 8221 RR, M 8199 RR, BRS 278 RR, M 8867 RR, BRS 271 RR, P99R30 RR, P98R37 RR
2	DM 6458 RSF IPRO, FPS Júpiter RR, BMX Potência RR, CD 2585 RR, DM 6563 RSF IPRO, FPS Netuno RR, DM 6260 RSF IPRO, NA 7255 RR, BMX Alvo RR, NA 7337 RR, NS 7609 RR, BMX Apolo RR
3	BMX Velox RR, NS 4823 RR, NS 5959 IPRO, M 7211 RR, NA 5909 RR, BMX Tornado RR, BMX Ativa RR, FPS Urano RR, FPS Antares RR, M 7639 RR
4	M 7908 RR, P98Y30 RR, P98Y51 RR, BRS Carnaúba
5	NS 6262 RR, NS 5445 IPRO
6	M 8527 RR
7	BRS Candeia
----- Outubro 2014 -----	
1	M 9144 RR, BRS Tracajá, M 8867 RR, BMX Ativa RR, P98Y51 RR, P98Y30 RR, BRS Carnaúba, P99R30 RR
2	DM 6260 RSF IPRO, BMX Potência RR, CD 2585 RR, FPS Netuno RR, NS 5445 IPRO, BMX Alvo RR, NA 7337 RR, NA 7255 RR, NS 6262 RR, DM 6563 RSF IPRO, DM 6458 RSF IPRO, FPS Júpiter RR, NA 5909 RR, BMX Velox RR, BMX Tornado RR, NS 7609 RR, NS 4823 RR

	Continuação...
3	M 8221 RR, M 8527 RR, BRS Candeia, M 8199 RR
4	M 7211 RR, P98R37 RR
5	M 7639 RR, FPS Antares RR, NS 5959 IPRO
6	M 7908 RR, BRS 271 RR
7	BRS 278 RR
8	FPS Urano RR
9	BMX Apolo RR

Houve semelhança entre os agrupamentos pelos métodos UPGMA e Tocher para a semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014. No entanto, ao contrário dos descritores quantitativos, o método Tocher formou mais grupos que o UPGMA nas três épocas de semeadura, diferenciando mais as cultivares (Figura 5 e Tabela 6). Foi possível verificar que em todas as épocas houve maior dissimilaridade dentro de cada região de adaptação, pois as cultivares de latitude semelhantes foram alocadas em diferentes grupos, o que ocorreu em menor frequência quando as mesmas foram avaliadas por meio de descritores quantitativos. Portanto, os descritores qualitativos apresentaram maior capacidade de diferenciação, sendo recomendados para uso em testes de distinguibilidade de cultivares.

Semelhantemente, em estudos de diversidade genética em soja (NOGUEIRA et al., 2008; NOGUEIRA, 2011), tomate cereja (ROCHA et al., 2010) e em pimenta (MOURA et al., 2010; NEITZKE et al., 2010) foi possível diferenciar os genótipos por meio de caracteres qualitativos. Neitzke et al. (2010) estudando a dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental, também constataram que os caracteres qualitativos apresentaram maior capacidade de diferenciar os acessos, formando mais grupos do que na análise de caracteres quantitativos. De igual modo, Nogueira (2011), empregando o método UPGMA para agrupar materiais quanto à caracteres quantitativos, obteve a formação de 6 e 8 grupos, enquanto foram formados 9 grupos quando os genótipos foram avaliados por caracteres qualitativos.

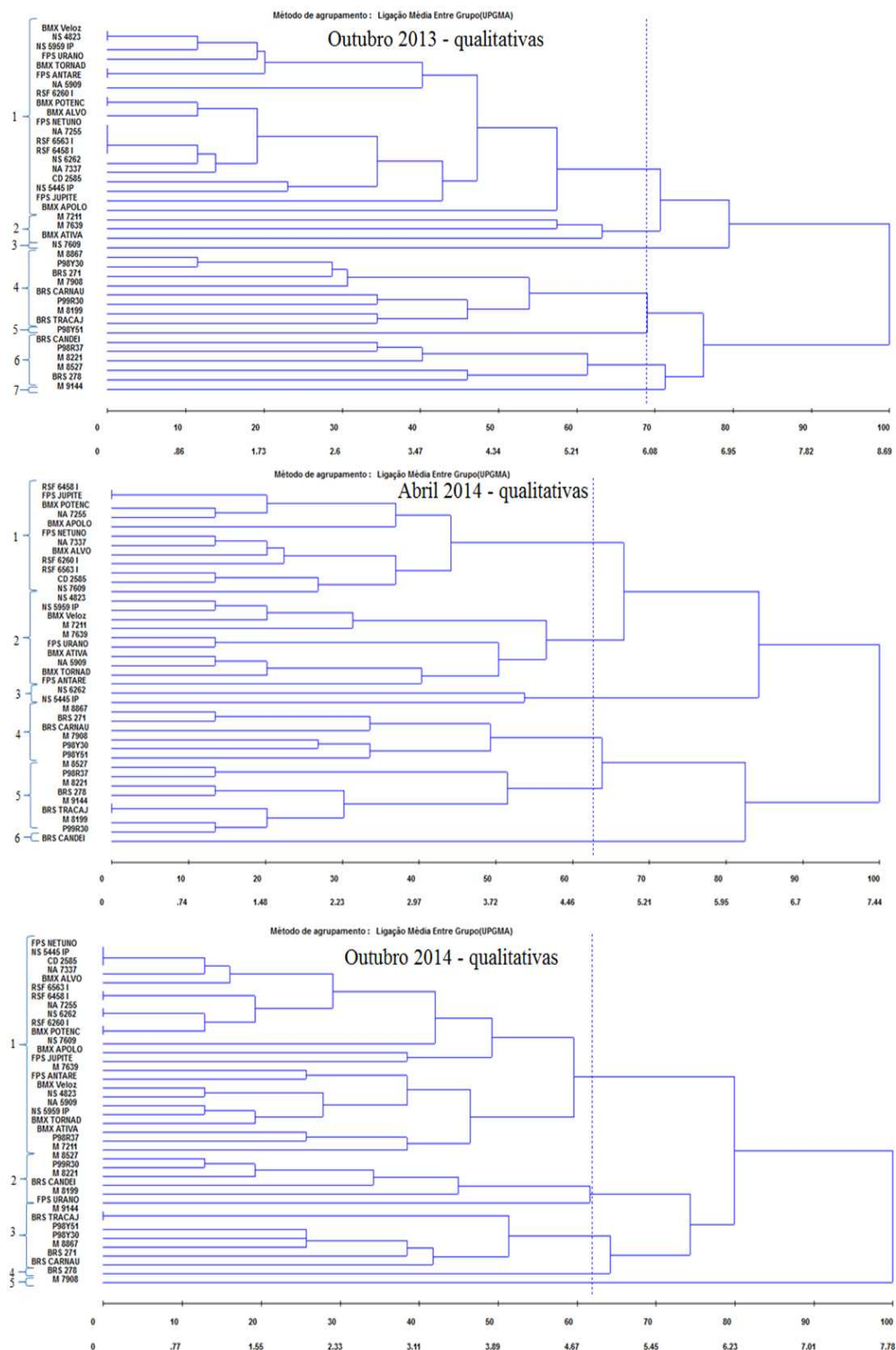


Figura 5. Dendrogramas obtidos pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) utilizando 39 cultivares de soja avaliadas por **32 descritores**

qualitativos em semeadura de outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014, na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

Na semeadura de outubro de 2013, as cultivares P98Y51 RR e NS 7609 RR foram agrupadas individualmente, tanto no Tocher como no UPGMA sendo, portanto, as mais dissimilares entre as cultivares avaliadas nesse estudo.

A maioria das cultivares da Região Sul ficaram agrupadas predominantemente no grupo 1, tanto pelo Tocher como pelo UPGMA, na semeadura de outubro de 2013 (Figura 5). É interessante ressaltar que as cultivares NA 7255 RR e NA 7337 RR, que são do Centro-Oeste, também ficaram alocadas nesse grupo por ambos métodos de agrupamento. O mesmo ocorreu com a M 7211 RR do Centro-Oeste que ficou agrupada com a cultivar do sul BMX Ativa RR em ambos os métodos. Assim, percebe-se que as características qualitativas foram pouco influenciadas pela latitude onde as plantas são cultivadas. Descritores qualitativos que sofrem pequeno efeito do ambiente e apresentam alta herdabilidade são essenciais na distinguibilidade dos genótipos, uma vez que caracteres quantitativos são bastante afetados pelas interações genótipos x ambientes (LAVIOLA et al., 2011; BORÉM; MIRANDA, 2013)

As cultivares da Região Sul também foram alocadas no grupo 2 do UPGMA e nos grupos 3, 6, 12 e 13 do Tocher na semeadura de outubro de 2013 (Figura 5 e Tabela 6). Isso mostra que, apesar da base genética da soja ser estreita, existe variabilidade entre as cultivares, mesmo dentro da região de adaptação, podendo ser explorada por programas de melhoramento. Assim, seriam indicados para essa região o cruzamento de todas as cultivares do grupo 1 do UPGMA, exceto a NA 7255 RR e a NA 7337 RR, com a cultivar BMX Ativa RR do grupo 2. Adicionalmente, é viável para a Região Sul do Brasil, segundo os resultados do Tocher, os cruzamentos das cultivares do grupo 1, exceto as cultivares NA 7255 RR e a NA 7337 RR, com a cultivar BMX Ativa RR (grupo 6), com as cultivares CD 2585 RR, NS 5445 IPRO e NA 5909 RR (grupo 3), com FPS Júpiter RR (grupo 12) e com BMX Apolo RR (grupo 13). Também pode-se efetuar cruzamentos entre as cultivares do grupo 3 com a BMX Ativa RR (grupo 6), FPS Júpiter RR (grupo 12) com o grupo 3 e com BMX Ativa RR (grupo 6), e , por fim,

cruzar a cultivar BMX Apolo RR (grupo 13) com a FPS Júpiter RR (grupo 12) e com os grupos 3 e 6. Portanto, é evidente que há variabilidade genética disponível dentro da Região Sul e mais especificamente dentro e entre programas privados de melhoramento.

Em relação as cultivares da região Centro-Oeste, na semeadura de outubro de 2013, verificou-se que todos os grupos do UPGMA contiveram pelo menos uma cultivar dessa região. (Figura 5). Nos resultados do Tocher, o mesmo ocorreu, com exceção dos grupos 3, 12 e 13 que foram compostos exclusivamente por cultivares adaptadas ao Sul do país (Tabela 6). Portanto, dentro da Região Centro-Oeste verificou-se a maior variabilidade genética, o que pode ser amplamente aproveitada no desenvolvimento de novas cultivares de soja. Nesse contexto, as cultivares mais dissimilares da Região Centro-Oeste foram a P98Y51 RR e NS 7609 RR, as quais foram alocadas em grupos isolados, tanto no UPGMA como no método de Tocher. Assim, essas cultivares podem ser indicadas para cruzamento com todas as demais cultivares do Centro-Oeste, podendo gerar materiais superiores para o melhoramento de soja. Nogueira (2011) afirmou que é indicado cruzar indivíduos de mesma região de adaptação, e que estejam alocados em grupos diferentes.

É importante salientar que as cultivares da Monsanto se alocaram em vários grupos, tanto pelo UPGMA como pelo Tocher na semeadura de outubro de 2013, denotando alta variabilidade dentro desse programa de melhoramento (Figura 5 e Tabela 6). Semelhantemente Villela (2013), estudando a diversidade fenotípica e molecular de cultivares de soja, afirmou que as cultivares da Monsanto compuseram diferentes grupos pelo método UPGMA, indicando ampla diversidade entre cultivares dessa empresa. Adicionalmente, Priolli et al. (2004), estudando a diversidade genética de 154 cultivares brasileiras de soja de seis programas de melhoramento constataram maior variabilidade genética dentro dos programas de melhoramento, sendo que o maior índice de diversidade ocorreu para o programa de melhoramento do Instituto Agrônomo de Campinas (IAC), resultado que foi explicado, entre outros fatores, pela sua própria idade, uma vez que é o programa mais antigo do Brasil podendo ter ocorrido maior número de mutações aumentando a diversidade genética dentro do programa.

Quanto as cultivares do Norte e Nordeste do país, na semeadura de outubro de 2013, verificou-se que os agrupamentos UPGMA e Tocher foram concordantes apenas para as cultivares BRS Tracajá e BRS 271 RR, as quais foram alocadas no mesmo grupo, sendo, portanto, as cultivares mais similares e que não devem ser cruzadas entre si (Figura 5 e Tabela 6). Pelo método de Tocher, as demais cultivares (BRS 278 RR, BRS Carnaúba e BRS Candeia), que foram alocadas em grupos distintos, são indicadas para serem cruzadas entre si, e, também, com a BRS Tracajá e a BRS 271 RR, por serem cultivares bastante dissimilares.

Na semeadura de abril de 2014, as cultivares do Sul ficaram agrupadas em três grupos tanto no UPGMA (grupos 1, 2 e 3) como no Tocher (grupos 2, 3 e 5) (Figura 5 e Tabela 6). Os resultados por ambos métodos foram altamente concordantes agrupando as cultivares de igual forma. A formação de vários grupos dentro da Região Sul evidencia mais uma vez que há variabilidade a ser explorada.

Semelhantemente à semeadura de outubro de 2013, na semeadura de abril de 2014, as cultivares NA 7255 RR, NA 7337 RR e NS 7609 RR que são do Centro-Oeste, foram alocadas juntamente com as cultivares do Sul do Brasil em ambos os métodos de agrupamento. Da mesma foram as cultivares M 7211 RR e M 7639 RR ficaram alocadas junto com as cultivares do sul no grupo 2 do UPGMA e no grupo 3 do Tocher, confirmando mais uma vez que os descritores qualitativos sofrem pouca ação do ambiente, especialmente no que se refere a questão da latitude. Portanto, descritores qualitativos são mais eficientes para distinguir cultivares dentro de uma região de adaptação do que entre regiões de adaptação.

As cultivares do Centro-Oeste, na semeadura de abril de 2014, novamente, apresentaram grande variabilidade, pois, foram alocadas em quase todos os grupos em ambos os métodos de agrupamento. Assim, pertenceram aos grupos 1, 2, 4 e 5 no UPGMA e nos grupos 1, 2, 3, 4 e 6 no Tocher denotando que há variabilidade para ser explorada, com cruzamentos entre cultivares de diferentes grupos. Também ficou evidente que esses descritores qualitativos apresentaram grande

potencial para diferenciação entre as cultivares, visto que dentro da Região Centro-Oeste as cultivares se dividiram em vários grupos.

Nessa mesma época, as cultivares do Norte e Nordeste, foram agrupadas em apenas três grupos tanto no UPGMA como no Tocher, sendo a cultivar BRS Candéia a mais dissimilar pois ficou alocada isoladamente nos dois métodos. Assim, essa cultivar possui potencial para compor blocos de cruzamentos no intuito de gerar materiais elite para o melhoramento (Figura 5 e Tabela 6).

Na semeadura de outubro de 2014, verificou-se que as cultivares do Sul ficaram alocadas predominantemente no grupo 1 do UPGMA e no grupo 2 do Tocher (Figura 5 e Tabela 6). Isso mostra que dentro da Região Sul há menor variabilidade genética entre as cultivares. O fato das cultivares do Sul se alocarem em poucos grupos também foi constatado nas semeaduras de outubro de 2013 e abril de 2014. Menor variabilidade entre as cultivares está relacionada à base genética estreita e isso se deve ao fato histórico do início do melhoramento de soja no país.

O melhoramento de soja no Sul do Brasil, segundo Paludzyszyn; Kiihl; Almeida (1993), teve início com introdução de linhagens do Sul dos Estados Unidos, que possuem período juvenil curto e são adaptadas à altas latitudes, ou seja, condição semelhante a faixa de latitude encontrada na região Sul do Brasil. Além disso, as cultivares de soja americanas possuem base genética estreita, fato que se assemelha às cultivares de soja do Sul. Adicionalmente, Hiromoto; Vello (1986), estudando a genealogia de 69 cultivares de soja brasileiras, concluíram que foram derivadas de apenas 26 ancestrais, sendo que apenas 11 deles contribuíram com aproximadamente 89% da base genética e, seis dos 11 principais ancestrais brasileiros estavam entre os principais ancestrais do germoplasma americano. Por outro lado, o melhoramento de soja no Brasil para baixas latitudes teve início na década de 80, quando a característica período juvenil longo foi introduzida por meio de alelos da linhagem PI 240664 obtida das Filipinas (KIIHL et al., 1983; BARROS; SEDIYAMA, 2009), conferindo às cultivares brasileiras, para baixas latitudes, base genética distinta das cultivares americanas e das cultivares brasileiras adaptadas à região Sul.

As cultivares do Centro-Oeste apresentaram grande variabilidade genética. Elas participaram de todos os grupos do UPGMA com exceção do grupo 4, na semeadura de outubro de 2014 (Figura 5). Portanto, há maior variabilidade genética disponível nessa região, que pode ser aproveitada para compor populações de soja melhoradas. A cultivar M 7908 RR ficou alocada isoladamente no grupo 5, e foi, portanto, a mais dissimilar. Logo, o cruzamento dela com todas as outras cultivares dessa região é desejável. De igual modo as cultivares do Norte e Nordeste apresentaram variabilidade genética compondo três grupos no UPGMA (grupos 2, 3 e 4) e quatro grupos no Tocher (grupos 1, 3, 6 e 7) (Figura 5 e Tabela 6). Dentre essas, a cultivar BRS 278 RR foi a mais dissimilar ficando em um grupo isolado em ambos métodos de agrupamento.

As estatísticas de eficiência das projeções gráficas, são usadas como medida de adequação da representação gráfica, sendo que, neste trabalho apresentaram valores próximos aos recomendados. Segundo Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), de maneira geral, é satisfatória a projeção gráfica quando o valor da correlação entre as medidas de distâncias originais e gráficas for maior que 0,90 e os valores de distorção e estresse forem menores que 20%. Na primeira época, obteve-se distorção = 11,05%, correlação $r = 0,85$ e estresse = 25,30% (Figura 6). Na segunda época obteve-se distorção = 3,27%, correlação $r = 0,81$ e estresse = 24,15% (Figura 7) e, por fim, na terceira época obteve-se distorção = 4,47%, correlação $r = 0,88$ e estresse = 19,71% (Figura 8).

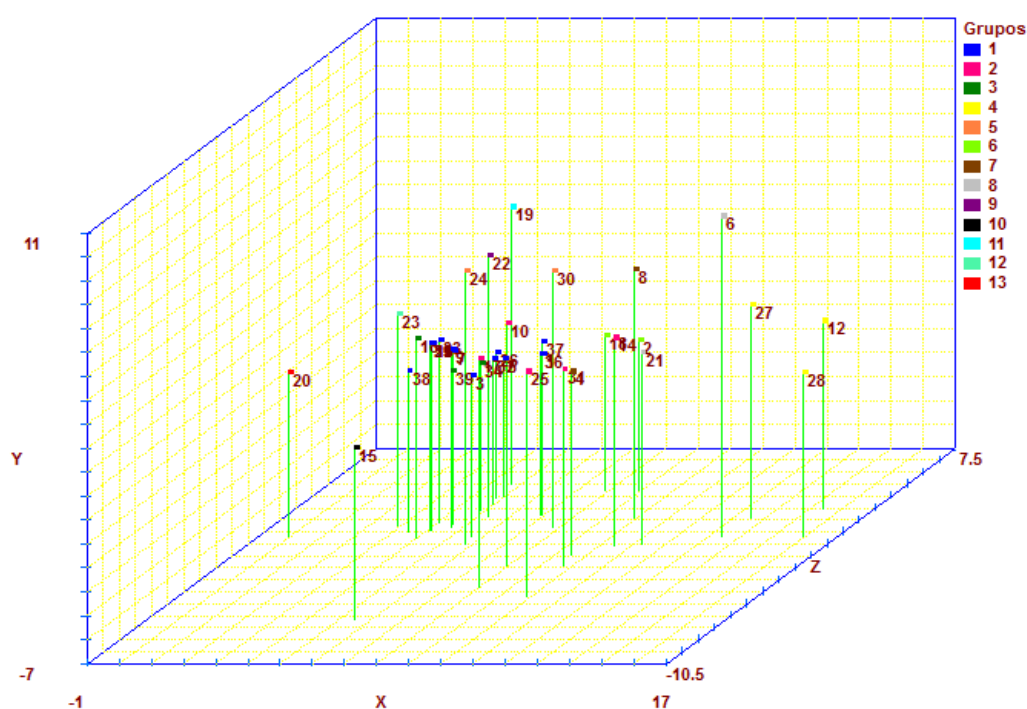


Figura 6. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares, expressa pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard, e avaliadas por 32 descritores qualitativos na semeadura de outubro de 2013. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. Distorção: 11,05%; Correlação entre distâncias originais e gráficas: 0,85; Estresse: 25,30%.

*Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

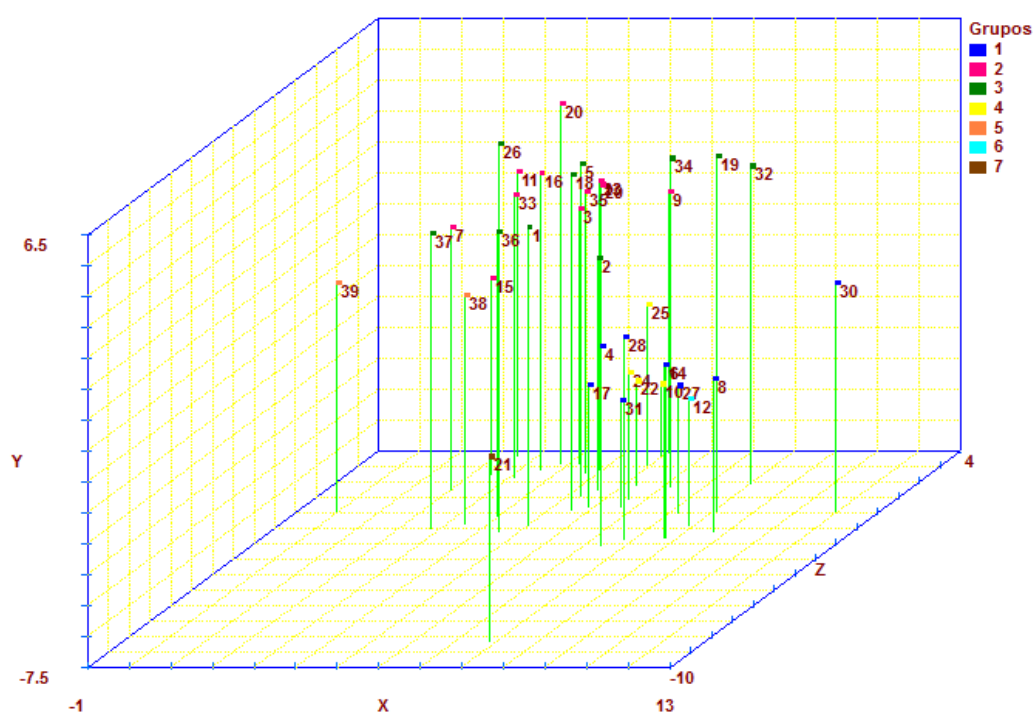


Figura 7. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares, expressa pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard, e avaliadas por 32 descritores qualitativos na semeadura de abril de 2014. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. Distorção: 3,27%; Correlação entre distâncias originais e gráficas: 0,81; Estresse: 24,15%. *Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

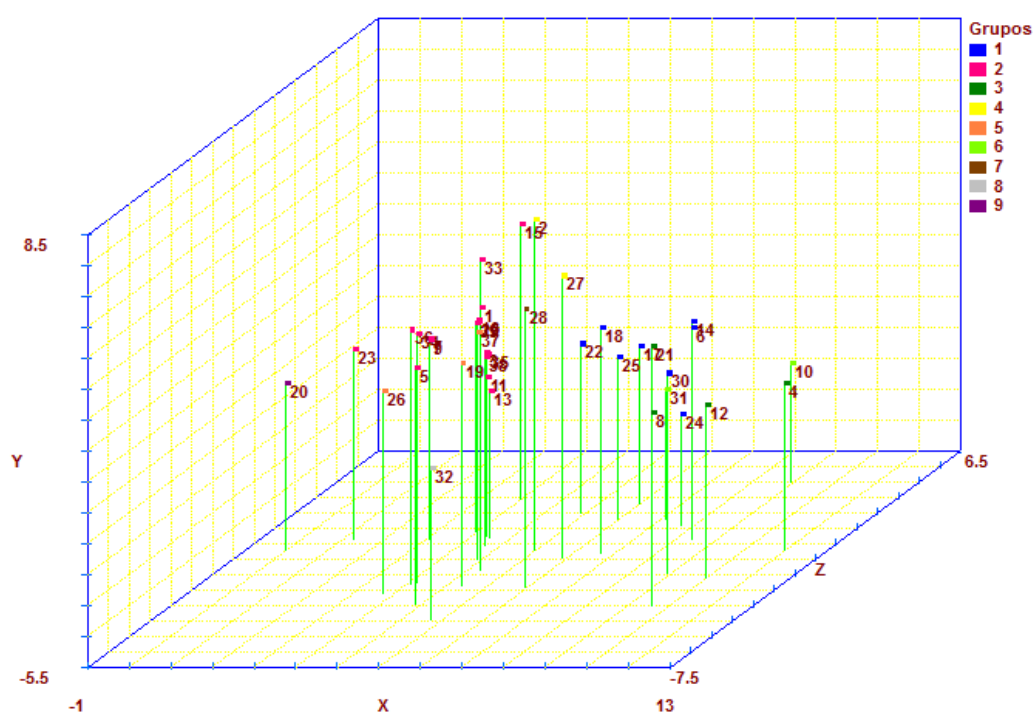


Figura 8. Projeção 3D da dissimilaridade entre 39 cultivares, expressa pelo complemento aritmético do coeficiente de Jaccard, e avaliadas por 32 descritores qualitativos na semeadura de outubro de 2014. Agrupamentos coloridos de acordo com os resultados do método de Tocher. Distorção: 4,47%; Correlação entre distâncias originais e gráficas: 0,88; Estresse: 19,71%.
 *Cultivares: 1: BMX Veloz RR; 2: M 7211 RR; 3: BMX Alvo RR; 4: M8221 RR; 5: BMX Tornado RR; 6: M 9144 RR; 7: DM 6260 RSF IPRO; 8: M8199 RR; 9: BMX Potência RR; 10: M7908 RR; 11: DM 6563 RSF IPRO; 12: M 8527 RR; 13: DM 6458 RSF IPRO; 14: BRS Tracajá; 15: M 7609 RR; 16: CD 2585 RR; 17: M 8867 RR; 18: BMX Ativa RR; 19: M7639 RR; 20: BMX Apolo RR; 21: BRS Candeia; 22: P98Y51 RR; 23: FPS Júpiter RR; 24: BRS Carnaúba; 25: P98Y30 RR; 26: FPS Antares RR; 27: P98R37 RR; 28: BRS 278 RR; 29: FPS Netuno RR; 30: P99R30 RR; 31: BRS 271 RR; 32: FPS Urano RR; 33: NA 7337 RR; 34: NA 5909 RR; 35: NA 7255 RR; 36: NS 4823 RR; 37: NS 5959 IPRO; 38: NS 6262; 39: NS 5445 IPRO.

Os grupos obtidos pela projeção 3D, nas três épocas de semeadura, ratificaram os agrupamentos do UPGMA e do Tocher, havendo semelhança nos grupos formados pelos três métodos de agrupamento. A inspeção visual é uma eficiente ferramenta a ser utilizada no estudo da diversidade genética, quando

combinada com outros métodos de agrupamento, como foi realizado neste estudo, pois facilita a visualização dos grupos de cultivares projetados no espaço tridimensional.

A análise de fingerprint por exclusão indicou alguns descritores qualitativos que não contribuíram com a diversidade genética, uma vez que quando excluídos não interferiram na variação total da diversidade genética do conjunto de dados, em cada época de semeadura (Tabela 7). Na semeadura de outubro de 2013, os descritores que poderiam ser excluídos, permanecendo a diversidade total em 100% foram os descritores 3 (filotaxia do primeiro par de trifólios), 4 (tipo de folíolo lateral no terço inferior), 6 (tipo de folíolo no terço superior), 22 (tipo de caule), 31 (depressão na vagem) e 32 (tamanho do apículo na vagem). Ao contrário do que constatado neste trabalho, Silva (2013) verificou que as características, filotaxia do primeiro par de trifólios, tamanho do apículo na vagem e depressão na vagem foram eficientes para diferenciar as cultivares de soja. Portanto, é importante salientar que a importância de uma característica na diferenciação é diretamente relacionada com conjunto de cultivares avaliadas e os resultados não podem ser generalizados, uma vez que neste trabalho a referida cultivar (TMG 401) não foi avaliada.

Ainda na análise de fingerprint da semeadura de abril de 2014 poderiam ser retirados os descritores 4 (tipo de folíolo lateral no terço inferior), 6 (tipo de folíolo no terço superior), 22 (tipo de caule), 29 (presença de inflorescência múltipla axilar na parte mediana a superior da haste principal), 31 (depressão na vagem) e 32 (tamanho do apículo na vagem), enquanto, na semeadura de outubro de 2014 podem ser eliminados os descritores 4 (tipo de folíolo lateral no terço inferior), 9 (tipo de linearidade da haste principal no terço superior), 22 (tipo de caule), 31 (depressão na vagem) e 32 (tamanho do apículo na vagem), os quais não comprometeram a variação da diversidade genética nos dados avaliados (Tabela 7).

Tabela 7. Análise de fingerprint por exclusão, com contribuição percentual de cada descritor para a diversidade total (%), e o número mínimo de repetições da característica em 39 cultivares de soja em três épocas de semeadura.

Outubro 2013			Abril 2014			Outubro 2014		
Descritor *	Diversida de (%)	Mínimo repetições	Descritor *	Diversida de (%)	Mínimo repetições	Descritor *	Diversida de (%)	Mínimo repetições
3	100	4	4	100	4	4	100	3
4	100	4	6	100	4	9	100	3
6	100	4	22	100	4	22	100	3
22	100	4	29	100	4	31	100	3
31	100	4	31	100	4	32	100	3
32	100	4	32	100	4	3	99,59	3
8	99,33	4	3	99,62	4	6	99,18	3
7	97,11	4	17	98,23	4	8	98,77	3
18	94,89	4	18	96,84	4	5	97,97	3
17	92,15	3	5	94,15	4	7	96,46	3
29	89,01	3	8	91,47	4	18	94,95	3
30	85,79	3	26	88,70	4	29	92,54	3
26	82,54	3	21	85,12	4	17	89,79	3
20	79,24	3	30	81,54	3	21	86,68	3
1	75,84	3	1	77,76	3	11	82,91	3
2	72,44	3	2	73,98	3	20	78,88	3
21	68,97	2	9	70,20	3	30	74,84	3
9	65,48	2	15	66,39	2	1	70,77	3
24	61,54	2	16	62,46	2	2	66,67	2
5	57,55	2	20	58,44	2	26	62,46	2
15	53,52	2	14	54,38	2	15	58,04	2
13	49,12	2	24	50,30	2	19	53,43	1
11	44,65	2	13	46,13	2	13	48,62	1
16	40,06	1	7	41,81	2	16	43,64	1
28	35,41	1	19	37,26	1	25	38,57	1
19	30,75	1	23	32,61	1	27	33,47	1
10	26,01	1	28	27,73	0	12	28,32	0
23	21,19	0	27	22,59	0	28	23,09	0
14	16,32	0	25	17,27	0	24	17,85	0
27	11,17	0	10	11,68	0	10	11,95	0
25	5,81	0	11	6,07	0	23	6,04	0
12	0	0	12	0	0	14	0	0

*Descritores - 1: cor do hipocótilo; 2: cor da flor; 3: filotaxia do primeiro par de folhas trifolioladas; 4: tipo de folíolo lateral no terço inferior; 5: tipo de folíolo lateral no terço médio; 6: tipo de folíolo lateral no terço superior; 7: tipo de linearidade da haste principal no terço inferior; 8: tipo de linearidade da haste principal no terço médio; 9: tipo de linearidade da haste principal no terço superior; 10: nota da linearidade da haste principal no terço inferior; 11: nota da linearidade da haste principal no terço médio; 12: nota da linearidade da haste principal no terço superior; 13: densidade da pilosidade entre nervuras na parte adaxial do folíolo; 14: densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo; 15: densidade da pilosidade sobre nervuras na parte

abaxial do folíolo; 16: densidade da pilosidade na haste principal; 17: posição da pilosidade entre nervuras na parte adaxial do folíolo; 18: posição da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo; 19: hábito de crescimento; 20: tipo de crescimento; 21: posição de início da maturação das vagens; 22: tipo de caule; 23: cor da vagem em R8; 24: formato do hilo; 25: cor do hilo; 26: intensidade do brilho do tegumento; 27: classificação visual da base da folha unifoliolada; 28: classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento; 29: presença de inflorescência múltipla axilar na haste principal; 30: presença de inflorescência racemosa terminal; 31: presença de depressão na vagem e 32: tamanho do apículo da vagem.

Por outro lado, os descritores que mais contribuíram para a diversidade genética foram aqueles que tiveram o mínimo de ocorrências repetidas igual a zero. Portanto, retirando da análise esses descritores e todos os demais acima deles, a diversidade genética do conjunto de dados caiu drasticamente para valores inferiores a 30% em todas as épocas de semeadura (Tabela 7). Na semeadura de outubro de 2013, por exemplo, descartando-se o descritor 23 (cor da vagem) e os demais acima dele, a diversidade genética caiu de 100% para 21,19%. Quando removido todos os descritores até o descritor 14 (densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo) a diversidade diminuiu para 16,32%. Usando o mesmo raciocínio, removendo-se até os descritores 27 (classificação visual da base da folha unifoliolada) e até o 25 (cor do hilo), os valores de diversidade diminuíram para 11,17% e 5,81%, respectivamente. Por fim, removendo-se todos os descritores até o descritor 12 (nota da linearidade da haste principal no terço superior) a diversidade alcançou 0%, sendo, portanto, esse descritor adicional de grande importância e com alta capacidade de diferenciar as cultivares de soja. É válido ressaltar que nesse estudo foi desenvolvida a metodologia para avaliar o tipo de linearidade da haste principal da soja, bem como a escala de notas para essa característica, sendo, portanto, uma informação inovadora e que apresenta potencial para ser usado como descritor adicional em soja.

Para diferenciar uma cultivar, atualmente são empregados 38 descritores, entre os mínimos e os adicionais (MAPA, 2014). No entanto, esses descritores têm se mostrado insuficientes para distinguir as cultivares (Nogueira et al., 2008), especialmente para os materiais aparentados. Pecchioni et al. (1996) relataram que quando a base genética é estreita, os descritores morfológicos podem não ser capazes de diferenciar os genótipos adequadamente. Por esse motivo é importante

identificar descritores adicionais para serem usados nos testes de distinguibilidade juntamente com os descritores que já estão previstos em lei.

Na semeadura de abril de 2014, o descritor 28 (classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento), quando removido da análise juntamente com os demais acima dele, causou o decréscimo de 100% da diversidade para 27,73%. Sequencialmente, a diversidade decresceu para 22,59% removendo-se todos os descritores até o 27 (classificação visual da base da folha unifoliolada); 17,27% até o descritor 25 (cor do hilo); 11,68% até o descritor 10 (nota da linearidade da haste principal no terço inferior); 6,07% até o descritor 11 (nota da linearidade da haste principal no terço médio) e 0% até o descritor 12 (nota da linearidade da haste principal no terço superior) (Tabela 7). Logo, esses foram os descritores mais importantes para a diferenciação das cultivares nessa época de semeadura, visto que tem alta capacidade de distinguir os materiais.

Na semeadura de outubro de 2014, verificou-se que o descritor 14 (densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo) quando removido da análise, juntamente com os demais acima dele, proporcionou uma queda drástica no valor da diversidade chegando a 0%. Portanto esse descritor foi o mais importante na variação total da diversidade genética nessa época de semeadura, sendo altamente eficiente para ser usado no processo de diferenciação de materiais elite. É importante destacar que a metodologia para a avaliação da densidade da pilosidade nos folíolos e na haste principal da soja foi desenvolvida neste estudo e mostrou-se eficiente para diferenciar as cultivares.

Sendo assim, os descritores selecionados com a maior capacidade de diferenciação, devido ao fato de proporcionar maior variação na diversidade total, estão contidos na Tabela 8. São os descritores 1 (tipo de linearidade da haste principal no terço superior); 14 (densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo); 23 (cor da vagem); 25 (cor do hilo) e 27 (classificação visual da base da folha unifoliolada no primeiro experimento). No segundo experimento foram os descritores 10 (nota da linearidade da haste principal no terço inferior); 11 (nota da linearidade da haste principal no terço médio); 12 (nota da linearidade da haste principal no terço superior); 25 (cor do hilo); 27 (classificação visual da base da folha unifoliolada) e 28 (classificação da base da folha unifoliolada).

baseado na razão largura/comprimento). Por fim no terceiro experimento foram selecionados os descritores 10 (nota da linearidade da haste principal no terço inferior); 12 (nota da linearidade da haste principal no terço superior); 14 (densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo); 23 (cor da vagem); 24 (formato do hilo) e 28 (classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento). Ressalta-se ainda que os demais caracteres avaliados, com exceção daqueles que foram indicados para descarte, também são importantes na diferenciação das cultivares, mesmo contribuindo em menores porcentagens que as características mais importantes na diversidade.

Tabela 8. Descritores qualitativos selecionados pela análise de fingerprint por exclusão, como sendo os mais importantes para a diversidade genética total, em três épocas de semeadura.

Experimentos	Descritores qualitativos selecionados*					
Outubro de 2013	12	14	23	25	27	
Abril de 2014	10	11	12	25	27	28
Outubro de 2014	10	12	14	23	24	28

* Descritores - 10: nota da linearidade da haste principal no terço inferior; 11: nota da linearidade da haste principal no terço médio; 12: nota da linearidade da haste principal no terço superior; 14: densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo; 23: cor da vagem; 24: formato do hilo; 25: cor do hilo; 27: classificação visual da base da folha unifoliolada; 28: classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento.

O número de vezes que os descritores foram selecionados baseados nas três épocas de semeadura está contida na Tabela 9.

Tabela 9. Número de vezes que o descritor foi selecionado, na análise de fingerprint por exclusão, nas as três épocas de semeadura.

Descritor qualitativo*	Número de ocorrência de seleção baseado nas três épocas
12	3
10	2
14	2
23	2
25	2
27	2
28	2
24	1
11	1

* Descritores - 10: nota da linearidade da haste principal no terço inferior; 11: nota da linearidade da haste principal no terço médio; 12: nota da linearidade da haste principal no terço superior; 14: densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo; 23: cor da vagem; 24: formato do hilo; 25: cor do hilo; 27: classificação visual da base da folha unifoliolada; 28: classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento.

Assim, verificou-se que o descritor 12 (nota da linearidade da haste principal no terço superior) foi selecionado nas três épocas de semeadura enquanto que os descritores 24 (formato do hilo) e 11 (nota da linearidade da haste principal no terço médio) foram selecionados apenas em um único experimento, enquanto que os demais foram selecionados em duas épocas de semeadura.

CONCLUSÕES

- 1) Apesar da base genética da soja ser considerada estreita há muita variabilidade genética a ser explorada em todas as regiões de adaptação da cultura no Brasil;
- 2) Os métodos UPGMA, Tocher e projeção gráfica foram concordantes nos agrupamentos das cultivares nas três épocas de semeadura;
- 3) Os descritores qualitativos apresentaram maior capacidade que os descritores quantitativos em diferenciar as cultivares de soja;
- 4) O descritor quantitativo número de dias para o florescimento e altura da planta em R1 foram os que mais contribuíram na variação total da diversidade genética das cultivares de soja;
- 5) Os caracteres quantitativos comprimento do pecíolo da folha unifoliolada, coeficiente da base da folha unifoliolada, posição do nó da primeira flor aberta, comprimento da inflorescência axilar na parte mediana superior da haste principal, comprimento médio dos internódios, curvatura da vagem, largura do hilo, comprimento do hilo, número de grãos por vagem, produção de grãos, número de nós em R1, espessura do acinturamento da vagem, espessura da vagem, comprimento da vagem, diâmetro da vagem, altura da primeira vagem, diâmetro da haste principal, número de vagens

de dois grãos, número de dias do florescimento à maturação, número de sementes por planta, número de vagens por planta, ângulo de inserção do pecíolo da folha unifoliolada, ângulo de abertura do pecíolo da folha unifoliolada, comprimento do hipocótilo, comprimento do epicótilo, comprimento do pecíolo do primeiro trifólio, comprimento da raque do folíolo central do primeiro trifólio, comprimento do primeiro internódio, número de nós da haste principal em R8 apresentaram potencial para serem usados como descritores adicionais em soja.

- 6) Os caracteres qualitativos tipo de linearidade da haste principal no terço superior, densidade da pilosidade entre nervuras na parte abaxial do folíolo, classificação visual da base da folha unifoliolada no primeiro experimento, nota de linearidade da haste principal no terço inferior, nota da linearidade da haste principal no terço médio, nota da linearidade da haste principal no terço superior, classificação da base da folha unifoliolada baseado na razão largura/comprimento e formato do hilo apresentaram potencial para serem usados como descritores adicionais em soja;
- 7) Os descritores mínimos cor da vagem e cor do hilo contribuíram em grande magnitude para a diversidade genética.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALMEIDA, L. A. de.; KIIHL, R. A. de S.; MIRANDA, M. A. C. de.; CAMPELO, G. J. de A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R (Eds). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro**. Versão online 1.0. Petrolina: Embrapa Semi-Árido, 1999, p.1-15.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S. Melhoramento da soja no Brasil - desafios e perspectivas. In: CÂMARA, G. M. S. (ed.). **Soja: Tecnologia da Produção**.. Piracicaba: USP-ESALQ, 1998. p. 40-54.

ALMEIDA, R. D, de.; PELUZIO, J. M.; AFFÉRI, F. S. Divergência genética entre cultivares de soja, sob condições de várzea irrigada, no sul do Estado Tocantins. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

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.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV, 2013, 523 p.

CALDWELL, B. E. ed. **Soybeans: Improvement, production and uses**. American Society of Agronomy. Madson, EUA, 1973, 681 p.

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. (4 ed). Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1981. 279 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

GHADERI, A.; ADAMS, M. W.; NASSIB, A. M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and fava bean. **Crop Science**, Madison, v. 14, n. 1, p. 24-27, 1984.

GIZLICE, Z.; CARTER, T. E.; BURTON, J. W. Genetic base for North American public soybean cultivars released between 1947 and 1988. **Crop Science**, Madison, v. 34, n. 5, p. 1143-1151, 1994.

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

KIIHL, R. A. S.; BAYS, I. A.; ALMEIDA, L. A. Soybean breeding for the Brazilian tropics. In: Soybean in tropical and subtropical cropping systems. Proceedings. Tsukuba. Japan. 1983. Revised Edition, AVRDC. 1986. p.141- 144.

LAVIOLA, B. G.; BHERING, L. L.; MENDONÇA, S.; ROSADO, T. B.; ALBRECHT, J. C. Caracterização morfo-agronômica do banco de germoplasma de pinhão manso na fase jovem. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 27, n. 3, p. 371-379, 2011.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. **Informações aos usuários de Proteção de Cultivares - “Cartas de Serviço ao Cidadão”**. Brasília, 2010.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. 2014. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/protecao-cultivares>. Acesso em 03/02/2014.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. 2016. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/protecao-cultivares/cultivares-protegidas>. Acesso em 31/10/2016.

MAPA. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Serviço Nacional de Proteção de Cultivares. 2015. Disponível em: <http://www.agricultura.gov.br/vegetal/registros-autorizacoes/protecao-cultivares>. Acesso em 21/04/2015.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, R. de C. T. Análise da repetibilidade em alguns descritores morfológicos para soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 2, p. 189-196, 2012.

MIYASAKA, S.; GUIMARAES, G.; KIIHL, R. A. S.; LOVADINE, L. A. C.; DEMATTE, J. D. Variedades de soja indiferentes ao fotoperiodismo e tolerantes a baixas temperaturas. **Bragantia**, Campinas, v. 29, n. único, p. 169-174, 1970.

MOURA, M. C. C. L.; GONÇALVES, L. S. A.; SUDRÉ, C. P.; RODRIGUES, R.; AMARAL JÚNIOR, A. T.; PEREIRA, T. N. S. Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 2, p. 155-161, 2010.

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

MULATTO, B. M. Diversidade genética em germoplasma de soja identificada por marcadores SSR, EST-SSR, e caracteres agromorfológicos. 2009. 86 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade de São Paulo “Escola Superior de Agricultura-Luiz de Queiroz” , Piracicaba, 2009.

NASS, L. L. Utilização de recursos genéticos vegetais no melhoramento. In: NASS, L. L. et al. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 29-55.

NEITZKE, R. S.; BARBIERI, R. L.; RODRIGUES, W. F.; CORRÊA, I. V.; CARVALHO, F. I. F. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 28, n. 1, p. 47-53, 2010.

NOBRE, D. A. C.; SEDIYAMA, C. S.; ARTHUR, A.; PIOVESAN, N. D.; SILVA, A. S. L. da. High gamma irradiation doses and long storage times reduce

soybean seed quality. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 37, n. 3, p. 1219-1228, 2016.

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

NOGUEIRA, A. P. O. Correlações entre caracteres, análises de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja. 2011. 126 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T; CRUZ, C. D.; REIS, M. S.; PEREIRA, D. G.; JANGARELLI, M. Novas características para diferenciação de cultivares de soja pela análise discriminante. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 9, p. 2427-2433, 2008.

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 de M. de (Ed.). **Cultura da soja nos cerrados** . Piracicaba: Potafos, 1993. p. 255-266.

PECCHIONI, N.; FACCIOLI, P.; MONETTI, A.; STANCA, A. M., TERZI, V. Molecular markers for genotype identification in small grain cereals. **Journal of Genetics and Breeding**, Islamabad, v. 50, p. 203-219, 1996.

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 do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. de.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012. 566 p.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M. da.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A.G. Dissimilaridade genética e análise de

trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

ROCHA, M. C.; GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; P. R. A. da SILVA, CARMO, M. G. F. do.; ABOUD, A. C. de S. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 3, p. 423-431, 2010.

ROHLF, F. J.; FISHER, D. R. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, Washington, v. 17, n. 4, p. 407-412, 1968.

SANTOS, E. R. dos.; BARROS, H. B.; CAPONE, A.; MELO, A. V. de.; CELLA, A. J. da S.; SANTOS, W. R. dos. Divergência genética entre genótipos de soja com base na qualidade de sementes. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**, Recife, v. 7, n. 2, p. 247-254, 2012.

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

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R de C. T.; DESTRO, D.; NOGUEIRA, A. P. O. Descritores de cultivares. In: SEDIYAMA, T. **Tecnologia de Produção de sementes de Soja**. Londrina: Mecenias, 2013. p. 163-180.

SEDIYAMA, T.; PEREIRA, M. G.; SEDIYAMA, C. S.; GOMES, J. L. L. Cultura da soja: I parte. Universidade Federal de Vicosa. Viçosa: UFV, 1985, 96 p.

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

SHIMOYA, A.; CRUZ, C. D.; FERREIRA, R. de P.; PEREIRA, A. V.; CARNEIRO, P. C. S. Divergência genética entre acessos de um banco de germoplasma de capim-elefante. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 7, p. 971-980, 2002.

SILVA, F. C. dos S. Influência do tamanho de sementes e de características agronômicas em descritores adicionais de soja. 2013. 46 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2013.

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

TULMANN NETO, A.; PEIXOTO, T.; ALVES, M. C.; OLIVEIRA, J. C. V.; MENTEN, J. O. M.; ATHAYDE, M. Indução de mutação na cultivar de soja IAC-8 visando à obtenção de precocidade. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 30, n. 2, p. 237-244, 1995.

VILLELA, O. T. Diversidade fenotípica e molecular de cultivares brasileiras de soja portadoras de gene RR. 2013. 67 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

WANG, L et al. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1032-1038, 2006.

WYSMIERSKI, P. T. Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras. 2010. 99 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento). Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2010.

CAPÍTULO 2

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE CULTIVARES DE SOJA DE DIFERENTES REGIÕES DO BRASIL POR MEIO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES

RESUMO

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2017.
Diversidade genética entre cultivares de soja de diferentes regiões do Brasil por meio de marcadores microsatélites. Orientador: Tuneo Sediyaama.

Os marcadores moleculares são importantes ferramentas no estudo da diversidade genética para a diferenciação ou identificação de cultivares de soja. Os objetivos desse trabalho foram: 1) quantificar a diversidade genética de cultivares de soja oriundas do Sul, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do Brasil, por meio de marcadores microsatélites e 2) verificar se as análises moleculares podem substituir ou complementar as análises fenotípicas na diferenciação das cultivares de soja. As avaliações fenotípicas foram feitas por meio de 68 características em 9 cultivares dispostas em delineamento de blocos ao acaso, com quatro repetições, em três épocas de semeadura. As análises de marcadores moleculares foram feitas com dezessete marcadores microsatélites. As análises estatísticas foram realizadas por meio de medidas de dissimilaridade e métodos de agrupamento. Além disso foi realizado análise de fingerprint, estudo de otimização pelo número ótimo de marcadores multialélicos, e análise de correlação entre as matrizes de

dissimilaridade dos dados moleculares e fenotípicos, testada pelo teste z de Mantel. Os resultados mostraram que o par de cultivares BRS Tracajá x M 9144 RR foi o mais similar para os marcadores estudados, enquanto, o par DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR foi o mais dissimilar, visto que as cultivares são de regiões de adaptação distintas (Sul e Centro-Oeste). Os métodos de Tocher, UPGMA e projeção bidimensional foram concordantes no agrupamento das cultivares. As cultivares da Monsanto ficaram alocadas em todos os grupos, exceto o grupo 4 do Tocher e dos grupos 5 e 6 do UPGMA. Esses resultados indicam que há variabilidade disponível dentro deste programa de melhoramento para a região Centro-Oeste. As cultivares da Embrapa, Nidera, Dom Mario, DuPont Pioneer ficaram em grupos separados, tanto pelo agrupamento de Tocher como pelo UPGMA. Portanto, há variabilidade entre esses programas de melhoramento. A análise de fingerprint mostrou que os marcadores Satt251, Satt285, Satt263 e Satt264 foram importantes para a diferenciação mínima das cultivares. A análise de otimização mostrou que é possível reduzir em 42% o número de marcadores microssatélites sem perder a confiabilidade na quantificação da diversidade genética, ou seja, reduzir de 17 marcas para apenas 10 marcas. As correlações entre matrizes de distância de dados moleculares e fenotípicos foram de baixa magnitude. Os coeficientes de correlação variaram de $r=-0,02$ a $r=0,31$, portanto, sugere-se que as análises moleculares não substituem as avaliações fenotípicas. Concluiu-se que 1) os pares de cultivares mais dissimilares foram M 9144 RR x NS 7609 RR, M 9144 RR x P98Y30 RR, BRS Tracajá x DM 6260 RSF IPRO, M 7639 RR x DM 6260 RSF IPRO, P98Y30 RR x BRS Tracajá, M 8221 RR x M 9144 RR, NS 7609 RR x M 7639 RR e DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR evidenciando que há variabilidade genética entre as cultivares de soja para os marcadores microssatélites avaliados e 2) a análise conjunta de dados moleculares e fenotípicos melhor quantifica a diversidade genética das cultivares em relação às análises isoladas dos mesmos, devido à baixa correlação entre as matrizes de dissimilaridade de dados moleculares e fenotípicos.

Palavras-chave: Glycine max (L.) Merrill, dissimilaridade, métodos de agrupamento, fingerprint, correlação entre matrizes.

ABSTRACT

ROSA, Daniele Piano. D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February, 2017.
Genetic diversity among soybean cultivars from different regions of Brazil using microsatellite markers. Adviser: Tuneo Sedyama.

Molecular markers are important tools on the study of genetic diversity for the differentiation or identification of soybean cultivars. The objectives of this work were: 1) to quantify the genetic diversity of soybean cultivars from the South, Central West, North and Northeast of Brazil, using microsatellite markers and 2) to verify if the molecular analyzes can substitute or complement the phenotypic analyzes in the differentiation of the soybean cultivars. Phenotypic evaluations were made using 68 traits in 9 cultivars arranged in a randomized complete block design with four replications at three growing seasons. Analyzes of molecular markers were done with seventeen microsatellite primers. Statistical analyzes were carried out through measures of dissimilarity and clustering methods. In addition, we performed fingerprint analysis, optimization study by the optimal number of multilevel markers, and correlation analysis between dissimilarity matrices of molecular and phenotypic data, tested by the z test of Mantel. The results showed that the pair of cultivars BRS Tracajá x M 9144 RR was the most similar for the studied markers, while the pair DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR was the most dissimilar, since the cultivars are from different regions of adaptation (South and Center-West). The Tocher, UPGMA and two-dimensional projection were concordant in the clustering of the cultivars. Monsanto's cultivars were allocated to all groups, except group 4 of the Tocher and groups 5 and 6 of the UPGMA. These results indicate that there is variability available within this

breeding program for the Midwest region. The cultivars from Embrapa, Nidera, Dom Mario and DuPont Pioneer were kept in separate groups, both by the Tocher and the UPGMA methods. Therefore, there is variability between these breeding programs. Fingerprint analysis showed that the Satt251, Satt285, Satt263 and Satt264 markers were important for the minimum differentiation of the cultivars. The optimization analysis showed that it is possible to reduce the number of microsatellite markers by 42% without losing the reliability in the genetic diversity quantification, which means, to reduce from 17 markers to only 10 markers. The correlations between distance matrices of molecular and phenotypic data were of low magnitude. The correlation coefficients varied from $r = -0.02$ to $r = 0.31$, so it is suggested that molecular analyzes do not replace phenotypic evaluations. It was concluded that 1) the pairs of most dissimilar cultivars were M 9144 RR x NS 7609 RR, M 9144 RR x P98Y30 RR, BRS Tracajá x DM 6260 RSF IPRO, M 7639 RR x DM 6260 RSF IPRO, P98Y30 RR x BRS Tracajá , M 8221 RR x M 9144 RR, NS 7609 RR x M 7639 RR and DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR showing that there is genetic variability between the soybean cultivars for the evaluated microsatellite markers and 2) the joint analysis of molecular and phenotypes data better quantifies the genetic diversity of the cultivars in relation to the isolated analyzes of them, due to the low correlation between the dissimilarity matrices of molecular and phenotypic data.

Key words: Glycine max (L.) Merrill, dissimilarity, cloustering methods, fingerprint, correlation between matrices.

INTRODUÇÃO

A soja [*Glycine max* (L.) Merrill] apresenta grande importância para a agricultura brasileira, pois o país é o segundo maior produtor mundial, com estimativa de produção 102,5 milhões de toneladas na safra 2016/2017 (CONAB, 2016), enquanto que, os Estados Unidos ocupa a primeira posição no ranking com produção equivalente a 108,9 milhões de toneladas do grão em 2016 (4,06 bilhões de bushels) (USDA, 2016). O Brasil apresenta potencial para superar a produção de soja americana nos próximos anos. Para tanto, os programas de melhoramento, tanto públicos como privados, têm focado no desenvolvimento de cultivares de soja mais produtivas e com caracteres agronômicos de interesse para cada região produtora do país.

No melhoramento de soja há um grande desafio, visto que a base genética das cultivares é considerada estreita (HIROMOTO; VELLO, 1986; PRIOLLI et al., 2004; WYSMIERSKI, 2010) e os ganhos genéticos anuais são pequenos, em torno de 2% (PIPOLO et al., 2007). Baixos ganhos genéticos podem estar relacionados à falta de avaliações de ampliação ou redução da diversidade genética, que segundo Priolli et al. (2004), não foi levada em consideração no melhoramento de soja no Brasil.

O estudo da diversidade genética pode ser realizado por meio de avaliações fenotípicas, ou por marcadores bioquímicos e/ou moleculares que acessam o próprio DNA. Segundo Ramalho et al. (2012), os marcadores moleculares são importantes ferramentas no estudo da diversidade genética objetivando a diferenciação ou identificação de genótipos. Dentre os vários tipos de marcadores moleculares existentes, os microssatélites (Simple Sequence Repeat - SSR) são bastante utilizados.

O microssatélite é um tipo de sequência de DNA repetitivo, que acontece em todos os organismos, e consistem em repetições de sequências variando de dois a seis nucleotídeos, ocupando uma extensão de até 100 pares de bases. As sequências repetidas mais comuns em plantas são (AT)_n, (GT)_n, e (AG)_n, estando distribuídas em todo o genoma e sendo flanqueadas por sequências altamente conservadas. Além disso, as sequências de microssatélites ocorrem tanto em regiões que codificam quanto naquelas que não codificam (RAMALHO et al.,

2012). A avaliação de polimorfismos moleculares em regiões não codificadoras tem fornecido informações importantes sobre os vários níveis de diversidade genética dentro e entre populações e espécies (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Vários autores têm avaliado a diversidade genética de soja por meio de marcadores microsatélites, relatando sua utilidade na conservação de germoplasma (WANG et al., 2006; MULATO et al., 2010; ZHAN et al., 2013), estrutura de população (PRIOLLI et al., 2013), evolução e domesticação (LI et al., 2010; WANG et al., 2015), identificação de variabilidade genética e seleção assistida por marcadores (VIEIRA et al., 2009; ZHAN et al., 2013). A variabilidade genética é a base para o melhoramento genético de plantas, e segundo Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), o processo de pré-melhoramento serve de elo entre a pesquisa de coleta e conservação da variabilidade dos recursos genéticos e exploração da diversidade genética disponível em programas.

Os objetivos deste trabalho foram: 1) quantificar a diversidade genética, por meio de marcadores SSR, de cultivares de soja oriundas do Sul, Centro-Oeste, Norte e Nordeste do Brasil, e 2) verificar se as análises moleculares podem substituir ou complementar as análises fenotípicas na diferenciação das cultivares de soja.

MATERIAL E MÉTODOS

Avaliações fenotípicas

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, no município de Viçosa, MG, o qual possui as seguintes coordenadas geográficas, 20°45'S e 42°51'W. Os experimentos foram instalados em três épocas de semeadura (outubro de 2013, abril de 2014 e outubro de 2014) e os tratamentos foram constituídos de 9 cultivares de soja, adaptadas a diferentes regiões de cultivo no Brasil (Tabela 1).

Tabela 1. Cultivares de soja, com seus respectivos grupos de maturidade relativa, regiões do adaptação e empresas obtentoras.

Cultivares	Grupos de maturidade	Regiões de adaptação	Empresas obtentoras
DM 6260 RSF	6.0	Sul	DonMario
NS 7609 RR	7.6	Centro-oeste	Nidera
M 7639 RR	7.6	Centro-oeste	Monsanto
M 7908 RR	7.9	Centro-oeste	Monsanto
M 8199 RR	8.1	Centro-oeste	Monsanto
M 8211 RR	8.2	Centro-oeste	Monsanto
P 98Y30 RR	8.3	Centro-oeste	DuPont Pioneer
M 9144 RR	9.1	Centro-oeste	Monsanto
BRS Tracajá	9.2	Norte e Nordeste	Embrapa

O delineamento experimental foi de blocos casualizados com quatro repetições. Foram utilizadas 36 unidades experimentais, constituídas de vasos plásticos com capacidade para 2,5 litros. As sementes foram tratadas, antes da semeadura, com fungicida carbendazin na dose equivalente a 60 mL 100 kg⁻¹ de sementes e, em seguida foram submetidas à inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Em cada vaso foram semeadas seis sementes e, após a emergência das plântulas, foi realizado o desbaste mantendo-se duas plantas. O substrato foi constituído de solo e esterco bovino curtido, na proporção 3:1. A correção da acidez do solo e a adubação foram realizadas com base nos resultados da análise de solo. O controle de pragas e doenças foi efetuado de acordo com as recomendações para a cultura da soja (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). As avaliações fenotípicas foram realizadas com base na escala de desenvolvimento da soja, proposta por Fehr e Caviness, (1977). Os caracteres foram avaliados conforme metodologia descrita por Sedyama et al. (2013), sendo assim denominados:

No estágio V1 - primeiro nó - (folhas completamente desenvolvidas nos nós das folhas unifolioladas):

Pigmentação antociânica do hipocótilo: foram classificadas em cor roxa, verde ou bronze. As notas da escala corresponderão aos valores 1, 2 ou 3, respectivamente.

No estágio V2 - segundo nó - (primeira folha trifoliolada completamente desenvolvida no nó acima dos nós das folhas unifolioladas):

Forma da base da folha unifoliolada: foram avaliadas visualmente as duas folhas unifolioladas de cada planta, sendo classificada por nota conforme o formato: (1) truncada, (2) acunheada, (3) auriculada, (4) truncada/acunheada, (5) truncada/auriculada, (6) acunheada/auriculada. Os formatos são assim denominados: truncada: quando a base da folha unifoliolada apresenta-se reta, formando um ângulo de aproximadamente 90° com o pecíolo e nervura principal; acunheada: quando a base da folha unifoliolada se prolonga em direção ao pecíolo e haste principal em forma de cunha, formando um ângulo maior que 90° em relação à base da folha e o pecíolo e auriculada: quando ocorre uma reentrância da base da folha unifoliolada da base da folha unifoliolada em forma auriculada.

Forma da base da folha unifoliolada (avaliação métrica): foi medido o comprimento máximo da nervura principal e a largura máxima da base das duas folhas unifolioladas de cada planta. A base da folha unifoliolada foi classificada em: base estreita (BE): largura do folíolo/comprimento do folíolo $< 0,6$; base média (BM): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $0,6$ a $0,8$; base larga (BL): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $0,8 < 1,0$; base muito larga (BML): largura do folíolo/comprimento do folíolo de $\geq 1,0$. Assim a seguinte escala de notas foi utilizada: nota 1: BE, nota 2: BM, nota 3: BL, nota 4: BML, nota 5: BE e BM, nota 6: BE e BL, nota 7: BE e BML, nota 8: BM e BL, nota 9: BM e BML e nota 10: BL e BML.

Coeficiente da base da folha unifoliolada: realizada por análise métrica nas duas folhas unifolioladas de cada planta. Foi medido o “Maior comprimento da inserção do folíolo até o ápice”, a “Maior distância direita a partir do ápice - DLD”; “Maior distância lateral esquerda a partir do ápice - DLE”. Com base

nesses dados foram calculados o Coeficiente da Base da Folha Unifoliolada (CBFU), em que $CBFU = (DLD + DLE) / 2 / \text{comprimento}$.

Comprimento do hipocótilo: foi medida a distância da superfície do solo até o nó cotiledonar.

Comprimento do pecíolo da folha unifoliolada: medido a partir da inserção do pecíolo na haste principal até a inserção da folha unifoliolada.

Ângulo formado pela inserção dos pecíolos da folha unifoliolada (AIPFU): medido com auxílio de transferidor.

Ângulo de abertura dos pecíolos das folhas unifolioladas (AAPFU): medido com auxílio de transferidor.

No estágio V3 - terceiro nó - (três nós sobre a haste principal com folhas completamente desenvolvidas, iniciando-se com os nós das folhas unifolioladas):

Filotaxia do primeiro par de folhas trifolioladas: foi classificado por escala de notas sendo nota 1: posição alterna e nota 2: posição oposta dos dois primeiros trifólios na haste principal

Comprimento do epicótilo: foi medido a distância entre o nó cotiledonar até o nó das folhas unifolioladas.

Comprimento do primeiro internódio: foi medido o comprimento do internódio entre o nó da folha unifoliolada e o nó da folha acima.

Comprimento do pecíolo da primeira folha trifoliolada: foi medido o comprimento do pecíolo a partir da haste principal até a base de junção dos folíolos laterais do trifólio.

Comprimento da raque da primeira folha trifoliolada: foi medido a partir da junção dos dois folíolos laterais até a base do folíolo central.

No estágio R1 - início da floração - (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal):

Cor da flor no florescimento: foi classificado por escala, sendo a nota 1: cor branca e nota 2: cor roxa.

Posição da primeira flor na haste principal: foi anotado a posição do nó na haste principal em que abriu a primeira flor.

No estágio R2 - floração plena - (flor aberta em um dos dois últimos nós da haste principal com folha completamente desenvolvida):

Comprimento da inflorescência axilar na parte mediana superior da haste principal (CIAPMSH) : foi medido o comprimento a partir da base da inflorescência axilar até a extremidade final.

No estágio R5 - início da formação da semente - (semente com 3mm de comprimento em uma vagem localizada em um dos quatro últimos nós superiores, sobre a haste principal, com a folha completamente desenvolvida):

Forma do folíolo lateral: os folíolos foram classificados pela seguinte escala de notas: nota 1: lanceolada estreita, nota 2: lanceolada, nota 3: triangular, nota 4: oval pontiaguda, nota 5: oval arredondada. O folíolo lanceolado estreito apresenta razão comprimento/ largura maior do que 2,5 e lanceolado quando essa razão for em torno de 2,5.

Inflorescência múltipla axilar: foi anotado a presença (nota 1) ou ausência (nota 0) de inflorescência axilar na parte mediana superior da haste principal.

No estágio R6 - semente completamente desenvolvida - (vagem contendo semente verde que preencha a cavidade da vagem, localizada em um dos quatro últimos nós superiores, sobre a haste principal, com a folha completamente desenvolvida):

Linearidade da haste principal: foi medido o ângulo dos entrenós na parte basal, mediana e superior da haste principal, tomando-se como referência 90° em relação à base da planta. Os ângulos foram classificados por meio de escala: nota 1- 1 a 5% de inclinação; nota 2- 6 a 10% de inclinação; nota 3- 11 a 15% de inclinação; nota 4- 16 a 20% de inclinação; nota 5- 21 a 30% de inclinação; nota

6- 31 a 40% de inclinação. A haste principal que apresentou internódios curvilíneos foi avaliada pela seguinte escala visual: 1- internódios de curvatura suave; 2- internódios de curvatura mediana; 3- internódios de curvatura acentuada.

Pilosidade entre nervuras na folha: com o auxílio de uma lupa, foi classificada a densidade da pilosidade entre nervuras, na parte adaxial e abaxial da folha, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa intensidade de pelos; 3- média intensidade de pelos; 4- alta intensidade de pelos; 5- muito alta intensidade de pelos.

Pilosidade sobre a nervura principal da folha: foi classificada a densidade da pilosidade sobre a nervura principal, na parte abaxial da folha, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa intensidade de pelos; 3- média intensidade de pelos; 4- alta intensidade de pelos; 5- muito alta intensidade de pelos.

Pilosidade da haste principal: foi classificada a densidade da haste principal, por meio do tato e de escala visual: 1- ausência de pelos; 2- baixa intensidade de pelos; 3- média intensidade de pelos; 4- alta intensidade de pelos; 5- muito alta intensidade de pelos.

Posição do pelos entre nervuras da folha: foi classificado visualmente a posição dos pelos entre nervuras, na parte adaxial e abaxial das folhas, segundo a escala: 1- prostrado; 2- semi-prostrado; 3- ereto.

Posição do pelos sobre a nervura principal da folha: foi classificado visualmente a posição dos pelos sobre a nervura principal, na parte abaxial das folhas, segundo a escala: 1- prostrado; 2- semi-prostrado; 3- ereto.

Hábito de crescimento: foi avaliado pela seguinte escala de notas: hábito ereto de crescimento da planta- as extremidades das hastes secundárias da planta estão próximas ou paralelas à haste principal (nota 1); hábito ereto a semiereto de crescimento da planta- as extremidades das hastes secundárias estão paralelas a ligeiramente afastadas da haste principal (nota 2); hábito semiereto de crescimento da planta- as hastes secundárias formam um ângulo aproximado de 30° a 45° em relação à haste principal (nota 3); hábito semiereto a horizontal de crescimento da planta- as hastes secundárias formam um ângulo aproximado de 45° a 75° em relação à haste principal (nota 4); hábito horizontal de crescimento da planta- as

hastes secundárias formam um ângulo de aproximadamente 75° a 90° em relação à haste principal (nota 5).

Florescimento terminal da haste principal: foi classificado como presença (nota 1) ou ausência (nota 0) de inflorescência racemosa terminal na haste principal.

No estágio R7 - início da maturação – (uma vagem normal sobre a haste principal que tenha atingido a cor da vagem madura):

Tipo de crescimento: foi classificado por escala de nota, sendo: nota 1: tipo determinado, nota 2: tipo semideterminado e nota 3: tipo indeterminado.

Início da maturação das vagens: foi classificado por escala de notas sendo: nota 1: início da maturação de cima para baixo, nota 2: de baixo para cima, nota 3: do meio para as extremidade e nota 4: maturação indefinida.

Tipo de caule: o tipo de caule foi classificado por escala de notas sendo, nota 1: caule normal e nota 2: caule braquítico.

No estágio R8 - maturação plena - (95% de vagens que tenham atingido a cor da vagem madura):

Ciclo: número de dias do ciclo total da emergência ate maturação em 95% das vagens.

Diâmetro da haste: foi medido acima do primeiro nó, com auxílio de paquímetro digital.

Comprimento médio dos internódios: foi obtido pela altura final da planta dividido pelo número total de nós no estágio R8.

Cor da vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por escala de notas, sendo: nota 1: em cinza claro, nota 2: cinza escuro, nota 3: marrom claro, nota 4: marrom médio e nota 5: marrom escuro.

Depressão na vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por ausência ou presença de depressão na vagem. As notas foram convertidas para 0 (ausência) e 1 (presença) da característica.

Apículo da vagem: dez vagens de cada planta foram classificadas por presença ou ausência de apículo na extremidade da vagem. As notas serão convertidas para 0 (ausência) e 1 (presença) da característica.

Comprimento da vagem: dez vagens de três grãos cada planta foram medidas com auxílio de régua.

Diâmetro da vagem: foi medido o diâmetro de dez vagens com três grãos. A medição foi feita com paquímetro digital no grãos central.

Espessura da vagem: foi medido a espessura de dez vagens com três grãos, considerando sempre o grão central da vagem. A medição foi feita com paquímetro digital.

Curvatura da vagem: foi medido o ângulo formado entre as extremidades da vagem curvada no seu vértice, baseado na junção adaxial (dorsal) em dez vagens de três grãos.

Formato do hilo: dez sementes de cada planta foram avaliadas visualmente por escala de notas, sendo nota 1: hilo alongado, nota 2: hilo oval alongado, nota 3: hilo ovalado e nota 4: hilo tipo sela.

Largura do hilo: dez sementes de cada planta foram medidas com auxílio de paquímetro digital.

Comprimento do hilo: dez sementes de cada planta foram medidas com auxílio de paquímetro digital.

Cor do hilo: as cores foram classificadas visualmente dez sementes de cada planta conforme as notas: nota 1: amarelo, nota 2: cinza, nota 3: marrom claro, nota 4: marrom médio, nota 5: preto imperfeito, nota 6: preto.

Intensidade no brilho do tegumento: foram classificadas dez sementes de cada planta de acordo com a escala visual: nota 1: tegumento brilhante, nota 2: tegumento de brilho médio e nota 3: tegumento fosco.

Peso de 100 sementes: as sementes foram pesadas com auxílio de balança de precisão de 0,01g.

Altura da primeira vagem: foi medido, após a colheita, a altura de inserção da primeira vagem, em cada planta.

Número de vagens por planta: em cada planta foi contado o número total de vagens.

Número de vagens com 2 grãos: em cada planta, foi contado o número de vagens com duas sementes.

Número de vagens com 3 grãos: em cada planta, foi contado o número de vagens com três sementes.

Número médio de grãos por vagem: foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens.

Peso médio do grão: foi obtido pela razão entre o peso das sementes de cada planta e o número total de grãos de cada planta.

Produtividade: massa média de grãos por unidade experimental.

Número de dias do período vegetativo: foi contado o número de dias da emergência até a abertura da primeira flor na haste principal.

Altura da planta: foi medida a altura das planta nos estádios R1 e R8.

Número de nós na haste principal: foi contado número e nós nos estádios R1e R8.

Na maturação de colheita as plantas foram colhidas individualmente, identificadas e, posteriormente, beneficiadas manualmente.

Avaliações moleculares

Amostragem de tecido foliar

Para cada cultivar foi coletada uma amostra de folíolos jovens oriundos de duas plantas semeadas em casa de vegetação. As amostras foram acondicionadas em microtubos em caixas de isopor com gelo, e transportadas para o laboratório no Instituto de Biotecnologia Aplicada à Agropecuária (BIOAGRO) na Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG para a realização da extração de DNA.

Extração de DNA e amplificação dos locos microssatélites

A extração de DNA empregando o protocolo de Dellaporta (1983) modificado e a quantificação do DNA extraído foi realizado em espectrofotômetro Nanodrop (NanoDrop Technologies, Wilmington, DE).

Foram selecionados 17 primers que flanqueiam regiões microssatélites (CREGAN et al., 1999) objetivando alcançar maior representação do genoma, visto que, estão posicionados em 15 grupos de ligação da soja (SONG et al., 2004) (Tabela 2).

Tabela 2. Primers polimórficos utilizados na avaliação de 9 cultivares de soja, sequência de primers (Forward e reverse), grupo de ligação da soja (GL) e cromossomo (Cr).

Primers	Primer F	Primer R	GL	Cr
Satt313	GCGCGAGGTATGGAACCTAACTCACA	GCGGTAAGTCATGGCTTTTAAATCTT	L	19
Satt022	CGGGTTTCAAAAAACCATCCTTAC	GGGGGATCTGATTGTATTTTACCT	N	3
Satt389	GCGCCAAAACCAAAGTTATATC	GCGGCTGGTGTATGGTGAAATCA	D2	17
Satt274	GCGCACGGTATATAATCGAACCTAT	GCGGGGTCAATTAGTTTTCGTCAGTT	D1b	2
Satt263	CTCATGGAATTGTCTTTTCAGTTTC	CACCCAATCATGATAGCATTTTAT	E	15
Satt063	ACTTGCATCAGTTAATAACAA	AAATGATTAACAATGTTTATGAT	B2	14
Satt277	CCACGCTTCAGTTGATTCTTACA	GGTGGTGGCGGGTTACTATTACT	C2	6
Satt578	ACAGCATCGATACCATGATCTAT	CCCACGTCATATCCACTGCTCCTTA	C1	4
Satt335	TGACCAGAGTCCAAAGTTCATC	CAAGCTCAAGCCTCACACAT	F	13
Satt632	CCCATATTGAAGATTTGAAGTAAT	GGGCTATGAAGGGAATGGAAAGGA	A2	8
Satt285	GCGGACTAATTCTATTTTACACCAACAAC	GCGACATATTGCATTAAAAACATACTT	J	16
Satt463	CTGCAAATTTGATGCACATGTGTCTA	TTGGATCTCATATTCAAACCTTTCAAG	M	7
Satt581	GCGGCACACAAGTAGTTGTGAAACTAA	GCGATCCCTTTATGTTGGTATTACATT	O	10
Satt251	GGTGATATCGCGCTAAAATTA	CCTCCACCCCCTTCCCACCCAAAA	B1	11
Satt168	CCATTCTCCAACCTCAATCTTATAT	CGCTTGCCCAAAAATTAATAGTA	B2	14
Satt468	GCGTTTTGTATTTGGTCTATCTGCTTAG	GCGTCTCTTATTTTGACCTTTTAACTT	D1a	1
Satt571	GCGGGATCCGCGGATGGTCAAAG	GGGTAGGGGTGGAATATAAG	B1	11

Fonte: SOYBASE, 2016. Disponível em: <http://soybase.org/>

As reações de amplificação foram realizadas em volume final de 15 µL com 30 ng de DNA, 2 mM de MgCl₂, 12 mM de Tris-HCl (pH=8,3), 60 mM KCl, 0,1 mM de cada uma dos dNTPs, 0,33 µM de cada primer e 1 U de Taq polimerase Phoneutria. Os produtos de amplificação foram corridos em gel de

poliacrilamida 10% por cerca de 4h a 130 V, e a visualização dos produtos no gel foi realizado através do protocolo de coloração com nitrato de prata.

Análises estatísticas

Medidas de dissimilaridade para dados moleculares

A matriz de dissimilaridade entre os pares de cultivares foi calculada a partir dos dados moleculares, por meio do complemento do índice ponderado, dado pela fórmula:

$$S_{ii'} = \frac{1}{2} \sum_{j=1}^L p_j c_j$$

Em que:

$S_{ii'}$ = similaridade entre as cultivares i e i' ;

c_j = número de alelos comuns entre os pares de cultivares i e i' .

$p_j = \frac{a_j}{A}$: peso associado ao loco j , determinado por

a_j = número total de alelos do loco j

A = número total de alelos estudados

O complemento do índice ponderado é dado por

$$D = 1 - S$$

Sendo D = dissimilaridade de entre as cultivares i e i'

Medidas de dissimilaridade para caracteres fenotípicos quantitativos

Em cada experimento foi realizada análise de variância individual e com os dados médios das cultivares para os caracteres quantitativos, obteve-se a matriz de distância entre os pares de cultivares, empregando como medida de dissimilaridade a Distância Generalizada de Mahalanobis (D^2), em que:

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

$D_{ii'}^2$ = distância de Mahalanobis entre as cultivares i e i' ;

Ψ = matriz de variâncias e covariâncias residuais;

$\delta' = [d_1 \ d_2 \ \dots \ d_v]$, sendo $d_k = \bar{Y}_{ik} - \bar{Y}_{i'k}$; e,

$\bar{Y}_{ik}$ = média da i-ésima cultivar em relação à k-ésima variável ($k = 1, 2 \dots v$).

Medidas de dissimilaridade para caracteres fenotípicos qualitativos

As categorias dos 32 caracteres fenotípicos multicategóricos foram codificados para o padrão binário, sendo que o número de categorias foi variável para os diferentes caracteres, totalizando em 139 categorias. A dissimilaridade entre as cultivares foi calculada por meio do complemento aritmético do coeficiente de Jaccard.

$$d_{ii'} = 1 - s_{ii'}$$
$$s_{ii'} = \frac{a}{a+b+c}$$

$d_{ii'}$ = complemento aritmético do coeficiente de Jaccard;

$s_{ii'}$ = coeficiente de Jaccard;

a = valor que quantifica o número de coincidência do tipo 1 – 1 para cada par de cultivares;

b = valor que quantifica o número de discordância do tipo 1 – 0 para cada par de cultivares;

c = valor que quantifica o número de discordância do tipo 0 – 1 para cada par de cultivares.

Agrupamento das cultivares

Para cada experimento, as cultivares foram agrupadas pelo método de otimização de Tocher, pelo método hierárquico da Ligação Média entre Grupos (UPGMA) e pela projeção gráfica bidimensional (2D).

Método de Tocher

Utilizando a matriz de dissimilaridade foi formado o primeiro par de cultivares, sendo esses os mais similares. A inclusão de um nova cultivar em um grupo se deu por meio da comparação entre o acréscimo no valor médio da distância dentro do grupo e o nível máximo permitido (θ) da medida de dissimilaridade encontrado no conjunto das menores distâncias envolvendo cada cultivar. Dessa forma, se:

$$\frac{d_{(\text{grupo})i}}{n} \leq \theta, \text{ incluiu-se a cultivar } i \text{ no grupo;}$$

$\frac{d_{(\text{grupo})i}}{n} > \theta$, a cultivar i não foi incluída no grupo, sendo n o número de cultivares que constituíram o grupo inicial.

Método da Ligação Média entre Grupos (UPGMA)

Essa técnica de agrupamento utiliza as médias das medidas de dissimilaridade, contornando o problema de caracterizar a dissimilaridade por valores extremos (mínimo e máximo) entre as cultivares consideradas (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). O dendrograma é inicialmente estabelecido pelo par de cultivares de maior similaridade e a distância entre uma cultivar k e um grupo, formado pelas cultivares i e j , foi calculada pela seguinte fórmula:

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

Projeção bidimensional das medidas de dissimilaridade

Para construir a representação gráfica foi calculada a coordenada das medidas mais dissimilares e, a seguir, daquelas que demonstraram, em ordem decrescente, as maiores diversidades com as cultivares já consideradas, de acordo com Cruz e Viana (1994). Sendo i e j as cultivares mais divergentes considerou-se

arbitrariamente que a coordenada de i seja igual a $(0,0)$, e a de j , igual a $(d_{ij},0)$. A próxima cultivar k que foi considerada para a representação gráfica foi aquela de maior valor $d_{(ij)k}$, fornecido por $d_{(ij)k} = d_{ik} + d_{jk}$.

A coordenada deste terceiro genótipo, dada por (X_k, Y_k) , foi estabelecida matematicamente considerando as propriedades de um triângulo. O mesmo critério foi usado para a próxima unidade l , ou seja, escolheu-se l tal que o valor $d_{(ij)l}$ fosse maior entre todos. A coordenada das demais unidades foi estimada estatisticamente, objetivando diminuir a distorção entre a distância original e a distância gráfica, conforme descrito por Cruz; Ferreira; Pessoni (2011).

Fingerprint

A análise de fingerprint, por exclusão, foi realizada com 17 marcadores microssatélites. Esta análise tem por finalidade estabelecer e identificar o número mínimo de marcadores que permite discriminar cada uma das cultivares do grupo avaliado.

Número ótimo de marcadores multialélicos

Para a simulação e estabelecimento do número ótimo de marcadores, foi estabelecido inicialmente 20 amostras por simulação. Estas se referem ao número de réplicas ($r=20$) em que se estabeleceu a adequabilidade de uma amostra, contendo m' marcadores, em representar a diversidade da população, originalmente caracterizada no experimento por m marcadores ($m' \leq m$).

O processo de simulação consistiu em estabelecer um número inicial de marcadores. Para cada tamanho, foram estabelecidas r réplicas de amostras submetidas à análise de diversidade genética utilizando-se o complemento do índice ponderado. Também foi estabelecido um incremento ($\Delta=1$) para ser dado nos sucessivos tamanhos, de forma a ser possível estabelecer amostras que variaram de um tamanho inicial m_i' até m , numa progressão aritmética de razão Δ . A análise foi feita com amostras de um tamanho inicial (m_i') até um tamanho final

(m), com incremento Δ . Após obtidas as matrizes de dissimilaridade pelo complemento do índice ponderado, elas foram comparadas com a matriz original. Os valores de cada matriz gerada foram correlacionados com os da matriz original (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

Correlação entre matrizes de dissimilaridade

A associação entre as medidas de dissimilaridade dos dados moleculares e fenotípicos (caracteres quantitativos e qualitativos) foi realizada por meio do teste z de Mantel (1967), com base em 10000 permutações. A partir de uma das matrizes, realizou-se o embaralhamento por critério de permutação aleatória. As estimativas de correlações advindas das permutações foram ordenadas e testadas a 1% de probabilidade, após excluídos os valores extremos desse conjunto de valores.

Todas as análises estatísticas foram realizadas com auxílio do Genes: Programa em Genética e Estatística (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A dissimilaridade entre os pares de cultivares foi dada pelo complemento aritmético do índice ponderado, sendo que os valores mais próximos de zero indicam maior similaridade e os valores mais próximos de 1 indicam maior dissimilaridade. As medidas de dissimilaridade obtidas por 17 SSRs apresentaram amplitude de 0,37 a 0,84, demonstrando que há variabilidade genética entre as cultivares de soja para os marcadores microssatélites avaliados (Tabela 3).

De modo semelhante, coeficientes de dissimilaridade variando de 0,07 a 0,73 foram relatadas por Villela (2013), avaliando 74 cultivares de soja RR por meio de 86 SSRs; variação nos coeficientes de 0,21 a 0,84 foi relatado por Silva (2015) avaliando 6 cultivares por meio de 16 SSRs, e amplitude de 0,26 a 0,80

nos coeficientes de dissimilaridade foi relatado por Nogueira (2011) avaliando 41 cultivares de soja por meio de 38 SSRs.

Os pares de cultivares mais similares foram BRS Tracajá x M 9144 RR ($d_{ii'}=0,37$), M 7908 RR x M 8221 RR ($d_{ii'}=0,41$), M 7908 RR x M 8199 RR ($d_{ii'}=0,41$), M 7908 RR x M 7639 RR ($d_{ii'}=0,45$), M 8221 RR x DM 6260 RSF IPRO ($d_{ii'}=0,45$) e M 8199 RR x NS 7609 RR ($d_{ii'}=0,45$) (Tabela 3).

Tabela 3. Matriz de dissimilaridade de 9 cultivares de soja avaliadas por meio de 17 marcadores microssatélites.

Cultivares	BRS Tracajá	NS 7609 RR	M 7639 RR	DM 6260 RSF IPRO	M 7908 RR	P 98Y30 RR	M 8221 RR	M 8199 RR
M 9144 RR	0,37	0,73	0,67	0,84	0,69	0,73	0,78	0,65
BRS Tracajá		0,59	0,69	0,76	0,57	0,76	0,63	0,53
NS 7609 RR			0,80	0,59	0,57	0,61	0,69	0,45
M 7639 RR				0,76	0,45	0,71	0,63	0,71
DM 6260 RSF IPRO					0,63	0,67	0,45	0,59
M 7908 RR						0,63	0,41	0,41
P 98Y30 RR							0,61	0,57
M 8221 RR								0,61

Os pares de cultivares mais dissimilares foram M 9144 RR x NS 7609 RR ($d_{ii'}=0,73$), M 9144 RR x P98Y30 RR ($d_{ii'}=0,73$), BRS Tracajá x DM 6260 RSF IPRO ($d_{ii'}=0,76$), M 7639 RR x DM 6260 RSF IPRO ($d_{ii'}=0,76$), P98Y30 RR x BRS Tracajá ($d_{ii'}=0,76$), M 8221 RR x M 9144 RR ($d_{ii'}=0,78$), NS 7609 RR x M 7639 RR ($d_{ii'}=0,80$) e DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR ($d_{ii'}=0,84$) (Tabela 3). A alta dissimilaridade entre os pares de cultivares de grupos de maturidade de diferentes regiões do Brasil ocorreu, muito provavelmente, porque as características agronômicas melhoradas diferem em cada região de acordo com os objetivos dos programas de melhoramento e as demandas locais de cada região.

O dendrograma obtido pelo UPGMA formou 6 grupos com o corte significativo a 74,97% de dissimilaridade. O coeficiente de correlação cofenética fornece informação a respeito da consistência do agrupamento, e quanto maior o valor, menor será a distorção provocada pelo agrupamento (ROHLF; FISCHER, 1968; CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Neste trabalho obteve-se correlação

cofenética de 0,72**, significativa a 1% pelo teste t, e distorção de baixo percentual (1,58%). De acordo com Cruz; Ferreira; Pessoni (2011), valores de distorção inferiores à 20% são satisfatórios para a representação gráfica dos dendrogramas.

Os agrupamentos de Tocher, do UPGMA e a projeção bidimensional foram concordantes na formação dos grupos de cultivares (Tabela 4, Figura 1 e Figura 2). As cultivares da Monsanto participaram da formação de todos os clusters, exceto do grupo 4 no Tocher e dos grupos 5 e 6 no UPGMA, mostrando que há variabilidade disponível dentro desse programa de melhoramento para a região Centro-oeste. Villela (2013) estudando a diversidade molecular de 74 cultivares de soja RR, por meio de marcadores SSR, também relatou que as cultivares da Monsanto foram distribuídas em todos os grupos formados, evidenciando maior variabilidade dentro do programa de melhoramento.

As cultivares da Embrapa, Nidera, Dom Mario e DuPont Pionner ficaram em grupos separados, ou seja, não coincidiram cultivares dessas empresas em um mesmo grupo, tanto pelo agrupamento de Tocher como pelo UPGMA, demonstrando que há dissimilaridade entre as cultivares dos programas de melhoramento (Tabela 4 e Figura 1). Isso evidencia que há variabilidade genética entre as cultivares, mesmo sendo considerada estreita a base genética da soja brasileira, uma vez que foi originada de poucos ancestrais introduzidos (HIROMOTO; VELLO, 1986; PRIOLLI et al., 2004). As cultivares P98Y31 RR e M 7639 RR formaram grupos isolados pelos três métodos de agrupamento sendo, portanto, completamente divergente das demais.

Tabela 4. Agrupamento de 9 cultivares de soja pelo método de otimização de Tocher com base em 17 marcadores microsatélites.

Grupos	Cultivares
1	M 9144 RR, BRS Tracajá
2	M 7908 RR, M 8199 RR, NS 7609 RR
3	DM 6260 RSF IPRO, M 8221 RR
4	P98Y31 RR
5	M 7639 RR

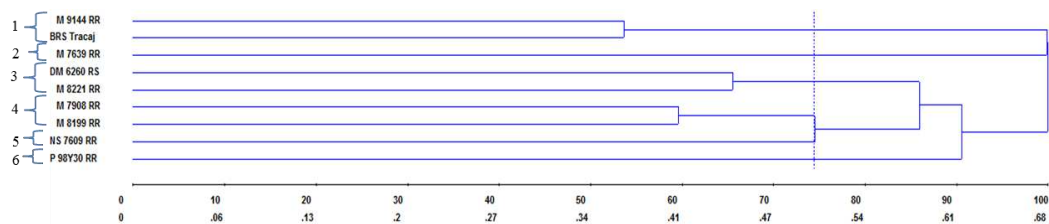


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método da ligação média entre grupo (UPGMA) utilizando 9 cultivares de soja avaliadas por 17 primers microssatélites.

Nogueira (2011), estudando a diversidade genética de 41 cultivares de soja, também verificou existência de dissimilaridade entre programas de melhoramento de soja. Da mesma forma Priolli et al. (2004), detectaram variabilidade genética entre programas de melhoramento no Brasil, com maior diversidade dentro do que entre grupos. Esses autores relataram que o programa do IAC acumulou maior variabilidade genética, provavelmente, pelo fato do acúmulo do número de mutações ao longo do tempo, uma vez que, é o programa de melhoramento mais antigo do Brasil. Vieira et al. (2009), avaliando 48 cultivares de soja de diversas empresas de melhoramento (Coodetec, Embrapa, Emgopa, FT Sementes, Monsoy, Syngenta e Pioneer), verificaram variabilidade entre as cultivares de diferentes programas de melhoramento formando 7 grupos do UPGMA, sendo que as cultivares da Coodetec apresentaram maior similaridade genética. Os autores concluíram que existe variabilidade genética no germoplasma brasileiro de soja avaliado, mesmo entre cultivares elite.

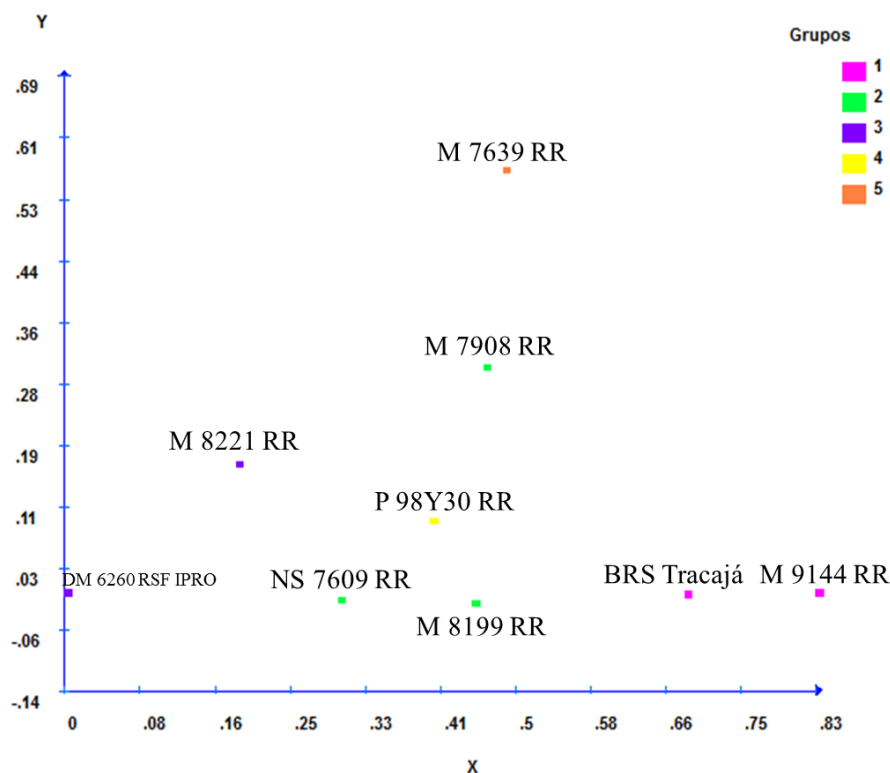


Figura 2. Projeção 2D da dissimilaridade entre 9 cultivares, expressa pelo complemento do índice ponderado e avaliadas por 17 marcadores microssatélites. Cor dos grupos de acordo com os resultados do método de Tocher. Distorção: 34%; Correlação de distâncias originais e gráficas: 0,71%; Estresse: 39,31%. *Grupo 1(rosa): M 9144 RR, BRS Tracajá; Grupo 2 (verde): M 7908 RR, M 8199 RR, NS 7609 RR; Grupo 3 (azul): DM 6260 RSF IPRO, M 8221 RR; Grupo 4 (amarelo): P98Y31 RR; Grupo 5 (laranja): M 7639 RR

As marcas que mais contribuíram para a diferenciação foram aquelas que tiveram o mínimo de ocorrências repetidas igual a zero, e retirando essas marcas da análise a diversidade genética do conjunto de dados caiu drasticamente para valores inferiores a 25% (Tabela 5). Dessa forma, as marcas 14, 11, 5 e 4 (Satt251, Satt285, Satt263, Satt274, respectivamente), formaram um conjunto eficaz na diferenciação das cultivares, não sendo redundantes na análise, pois com a remoção de Satt251 e os demais marcadores acima dele a diversidade diminuiu para 24,17%, enquanto que, retirando-se o Satt263 e os acima dele, o valor de diversidade diminuiu para 8,33%.

Por outro lado as marcas 6, 7, 12 e 15 (Satt063, Satt277, Satt463, Satt168, respectivamente), por serem redundantes aparecendo com no mínimo 5 ou 6 vezes no conjunto de dados, foram menos importantes na diversidade total, visto que, mesmo com a retirada dessas marcas a diversidade permaneceu alta variando de 86,11% a 97,78%, ou seja, apresentaram pouca contribuição na diferenciação das cultivares (Tabela 5).

Tabela 5. Fingerprint por exclusão de 17 primers em 9 cultivares de soja.

Ordem	Marca	Marca	Soma da Diversidade	Diversidade (%)	Mínimo de repetições
1	6	Satt063	352	97,78	6
2	7	Satt277	338	93,89	6
3	12	Satt463	324	90,00	5
4	15	Satt168	310	86,11	5
5	1	Satt313	292	81,11	4
6	16	Satt468	274	76,11	4
7	2	Satt022	254	70,56	4
8	8	Satt578	234	65,00	4
9	17	Satt571	214	59,44	3
10	13	Satt581	190	52,78	2
11	3	Satt389	165	45,83	1
12	9	Satt335	139	38,61	1
13	10	Satt632	113	31,39	1
14	14	Satt251	87	24,17	0
15	11	Satt285	59	16,39	0
16	5	Satt263	30	8,33	0
17	4	Satt264	0	0	0

Pela análise do número ótimo de marcadores multialélicos verificou-se correlação alta ($r = 0,80$) usando 10 marcadores, ou seja, houve correlação de 0,80 entre a matriz de dissimilaridade de dados originais e as matrizes de dissimilaridade entre as 20 amostras realizadas com aproximadamente 10 marcadores. Portanto, com 10 marcas em todas as 20 amostragens foi possível representar a diversidade genética das 9 cultivares com grau de concordância satisfatório ao obtido com as 17 marcas originais (Figura 3). De acordo com Cruz; Ferreira; Personi (2011) quanto maior o número de marcas avaliadas, maior é a

possibilidade de quantificar acertadamente a diversidade entre as cultivares, no entanto, na grande maioria das vezes, os recursos técnicos e financeiros são escassos e o estabelecimento de um número ótimo de marcadores para descrever a diversidade genética se torna uma alternativa desejável.

Assim é possível eliminar 42% dos marcadores microsatélites sem perder a confiabilidade na quantificação da diversidade genética, visto que, removendo as sete primeiras marcas (Satt063, Satt277, Satt463, Satt168, Satt313, Satt468 e Satt022) ainda permaneceu 70,56% da diversidade genética contida nesse conjunto de dados (Tabela 5).

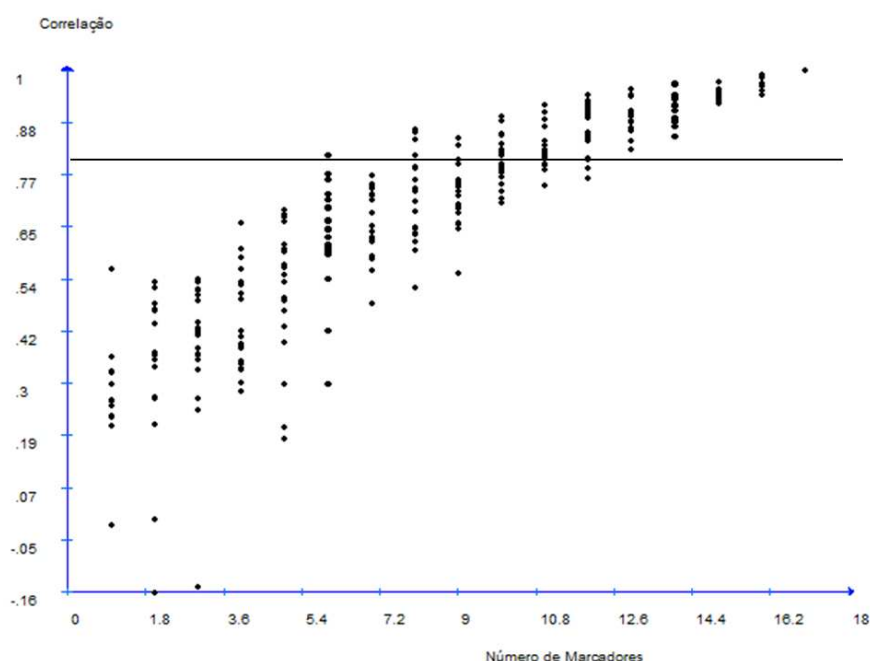


Figura 3. Análise gráfica do número ótimo de marcadores multialélicos baseado em 17 marcadores microsatélites avaliados em 9 cultivares de soja, sendo o eixo x o número de marcadores SSR e o eixo y a correlação da matriz de dissimilaridade entre cada grupo de 20 amostras com a matriz de dissimilaridade original contendo todos os indivíduos e todos os marcadores SSR.

Correlação entre as matrizes de dissimilaridade

Todos os coeficientes de correlação foram não significativos pelo teste t e pelo teste de Mantel, portanto, não houve semelhança entre a matriz de dissimilaridade dos dados moleculares e as matrizes de dados fenotípicos (Tabela 6). Isso evidencia que a análise molecular não substitui as avaliações fenotípicas das plantas para esse conjunto de cultivares nos respectivos ambientes avaliados. A análise conjunta das matrizes (molecular e fenotípicas) disponibiliza informação mais fidedigna da diversidade genética das cultivares.

Tabela 6. Correlação entre matrizes de dissimilaridade de dados moleculares e fenotípicos (quantitativos e qualitativos) avaliados em três épocas de semeadura.

Coeficientes de correlação	Épocas de semeadura		
	Outubro/13	Abril/14	Outubro/14
$r_{\text{molec/quali}}$	0,31 ^{ns}	0,11 ^{ns}	-0,04 ^{ns}
$r_{\text{molec/quant}}$	0,27 ^{ns}	-0,16 ^{ns}	-0,02 ^{ns}

^{ns} não significativo a 1 e 5% de probabilidade pelo teste t e pelo teste de Mantel baseado em 10000 permutações.

Semelhantemente, baixa correlação entre matrizes de dissimilaridade de dados moleculares (marcadores SSR) e fenotípicos foi relatado por Silva (2015) avaliando seis cultivares de soja em semeadura de verão e inverno. O autor também relatou que a análise conjunta de dados moleculares e fenotípicos é desejável para se acessar a diversidade genética total das cultivares. Silva (2016) avaliando a diversidade genética de linhagens e híbridos de sorgo, por meio de SNP e caracteres fenotípicos, também relatou baixa correlação entre as matrizes ($r=0,09$), explicada pela diferença de escala entre as medidas. Charcosset; Lefort-Buson; Gallais (1991) afirmaram que a baixa relação entre dados fenotípicos e moleculares pode ocorrer quando os marcadores avaliados não estiverem ligados aos genes que expressam os caracteres analisados.

CONCLUSÕES

Os pares de cultivares mais dissimilares foram M 9144 RR x NS 7609 RR, M 9144 RR x P98Y30 RR, BRS Tracajá x DM 6260 RSF IPRO, M 7639 RR x DM 6260 RSF IPRO, P98Y30 RR x BRS Tracajá, M 8221 RR x M 9144 RR, NS 7609 RR x M 7639 RR e DM 6260 RSF IPRO x M 9144 RR evidenciando que há variabilidade genética entre as cultivares de soja para os marcadores microsatélites avaliados.

A análise conjunta de dados moleculares e fenotípicos melhor quantifica a diversidade genética das cultivares em relação às análises isoladas dos mesmos, devido à baixa correlação entre as matrizes de dissimilaridade de dados moleculares e fenotípicos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CHARCOSSET, A.; LEFORT-BUSON, M.; GALLAIS, A. Relationship between heterosis and heterosigosity at marker loci: A theoretical computation. **Theoretical and Applied Genetics**, Heidelberg, v. 81, n. 5, p. 571-575, 1991.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos: safra 2016/2017: terceiro levantamento**. Brasília: CONAB, 2016. 156 p.

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. Na integrated genetic linkage map of the soybean genome. **Crop Science**, Madison, v. 39, p. 1464-1590, 1999.

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

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. (4 ed). Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

CRUZ, C. D.; VIANA, J. M. S. A. A methodology of genetic divergence analysis based on sample uni projection on two-dimensional space. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 17, n. 1, p. 69-73, 1994.

DELLAPORTA, S. L.; WOOD, J.; HICKS, J. B. A plant DNA minipreparation: version II. Plant Molecular Biology Report, Athens, v.1, n. 4, p.19-21, 1983.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

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

LI, Y-H.; LI, W.; ZHANG, C.; YANG, L.; CHANG, R-Z.; GAUT, B. S.; QIU, L-J. Genetic diversity in domesticated soybean (*Glycine max*) and its wild progenitor (*Glycine soja*) for simple sequence repeat and single-nucleotide polymorphism loci. **New Phytologist**, Lancaster, v. 188, n. 1, 242–253, 2010.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Resoucers**, Baltimore, v. 7, n. 2, p. 209-220, 1967.

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

NOGUEIRA, A. P. O. Correlações entre caracteres, análises de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja. 2011. 126 f. Tese (Doutorado em

Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

PIPOLO, A. E.; ARIAS, C. A. A.; CARNEIRO, G. A. S.; TOLEDO, J. F. F de. OLIVEIRA, M. F. de.; PANIZZI, M. C. C.; KASTER, M.; ABDELNOOR, R. V.; MOREIRA, J. U. V. **Desenvolvimento de germoplasma e cultivares de soja**. Embrapa Soja: Londrina, 2007, 10 p. (Circular Técnica 52)

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 do Brasil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 10, p. 967-975, 2004.

PRIOLLI, R. H. G.; WYSMIERSKI, P. T.; CUNHA, C. P da.; PINHEIRO, J. B.; VELLO, N. A. Genetic structure and a selected core set of Brazilian soybean cultivars. *Genetics and Molecular Biology*, **Ribeirão Preto**, v. 36, n. 3, p. 382-390, 2013.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos.; PINTO, C. A. B. P.; SOUZA, E. A. de.; GONÇALVES, F. M. A.; SOUZA, J. C. de. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA, 2012. 566 p.

ROHLF, F. J.; FISHER, D. R. Test for hierarchical structure in random data sets. **Systematic Zoology**, Washington, v. 17, n. 4, p. 407-412, 1968.

SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R de C. T.; DESTRO, D.; NOGUEIRA, A. P. O. Descritores de cultivares. In: SEDIYAMA, T. **Tecnologia de Produção de sementes de Soja**. Londrina: Mecenaz, 2013. p. 163-180.

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

SILVA, A. F. da. Simulação de desfolha por estresses bióticos, diversidade fenotípica e molecular e seleção em genótipos de soja. 2015. 108 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2015.

SILVA, K. J da. Diversidade genética entre linhagens de sorgo granífero utilizando descritores morfoagronômicos e marcadores moleculares. 2016. 46 f.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2016.

SONG, Q. J.; MAREK, L. F.; SHOEMAKER, 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 Genetics**, Berlin, v.109,n. 1, p.122-128, 2004.

SOYBASE. **Soybase and the Soybean Breeder's Toolbox**. 2016. Disponível em:< <http://soybase.org/>>. Acessado em: 15 Dez 2016.

USDA. United States Department of Agriculture - National Agricultural Statistics Service. **August Crop Production Executive Summary**. USDA, 2016. 26 p.

Variabilidade genética em cultivares de soja determinada com marcadores microssatélites em gel de agarose. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.44, n.11, p.1460-1466, 2009.

VIEIRA, E. S. N.; SCHUSTER, I.; SILVA, R. B. da.; OLIVEIRA, M. A. R. de.

VILLELA, O. T. Diversidade fenotípica e molecular de cultivares brasileiras de soja portadoras de gene RR. 2013. 67 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

WANG, L.; GUAN, R.; ZHANGXIONG, L.; CHANG, R.; QIU, L. Genetic diversity of Chinese cultivated soybean revealed by SSR markers. **Crop Science**, Madison, v. 46, n. 3, p. 1032-1038, 2006.

WANG, Y.; SHAHID, M. O.; GHOURI, F.; BALOCH, F. S.; YING WANG, Y.; HUANG, H. Evaluation of the geographical pattern of genetic diversity of Glycine soja and Glycine max based on four single copy nuclear gene loci: For conservation of soybean germplasm. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 62, p. 229-235, 2015.

WYSMIERSKI, P. T. Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras. 2010. 99 f. Dissertação (Mestrado em Genética e

Melhoramento). Universidade de São Paulo - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2010.

ZHANG, G.; XU, S.; MAO, W.; HU, Q.; GONG, Y. Determination of the genetic diversity of vegetable soybean [*Glycine max* (L.) Merr.] using EST-SSR markers. **Journal of Zhejiang University-Science B**, Hangzhou, v. 14, n. 4, p. 279-288, 2013.

CAPÍTULO 3

EFEITOS DIRETOS E INDIRETOS DE COMPONENTES PRIMÁRIOS E SECUNDÁRIOS SOBRE A PRODUÇÃO DE GRÃOS DE SOJA

RESUMO

ROSA, Daniele Piano. D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2017. **Efeitos diretos e indiretos de componentes primários e secundários sobre a produção de grãos de soja.** Orientador: Tuneo Sedyama. Coorientadores: Cosme Damião Cruz e Felipe Lopes da Silva.

O aumento de produtividade é um dos principais objetivos dos programas de melhoramento da soja. A identificação de caracteres que estão correlacionados com a produtividade pode ser uma alternativa para acelerar o processo de seleção de plantas promissoras. Assim, foi objetivo desse trabalho verificar os efeitos diretos e indiretos de componentes primários e caracteres secundários sobre a produção de grãos em cultivares de soja. Trinta e nove cultivares foram cultivadas em duas épocas de semeadura, em casa de vegetação, em delineamento de blocos casualizados com quatro repetições. Os caracteres avaliados foram ciclo, período vegetativo, altura da planta na maturação, número de vagens por planta, número médio de grãos por vagem, peso médio do grão e produção de grãos. Por meio das análises individuais foram obtidas as estimativas de correlações simples e realizada a análise de trilha com diagramas em cadeias. Concluiu-se que: 1) componente primário peso médio do grão é indicado para seleção indireta para produtividade de grãos de soja, independente da época de semeadura; 2) o

componente primário número de vagens por planta foi eficiente para a seleção indireta para a produtividade de grãos na semeadura de abril; 3) o caráter secundário ciclo é indicado para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de outubro; 4) os caracteres secundários altura de planta na maturação e período vegetativo são indicados para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de abril.

Palavras-chave: Glycine max (L.) Merrill, correlação linear, análise de trilha, seleção indireta.

ABSTRACT

ROSA, Daniele Piano. D.Sc. Universidade Federal de Viçosa, february, 2017. **Direct and indirect effects of primary and secondary components on soybean yield.** Adviser: Tuneo Sedyama. Co-advisers: Cosme Damião Cruz and Felipe Lopes da Silva.

One of the main objectives of soybean breeding programs is the increasing yield. The identification of characters that are correlated with productivity may be an alternative to accelerate the selection process of promising plants. Thus, the objective of this work was to study the direct and indirect effects of primary components and secondary characters on grain yield in soybean cultivars. Thirty - nine cultivars were grown in two sowing seasons, in a greenhouse, in a randomized block design with four replications. The evaluated characters were cycle, vegetative period, plant height at maturity, number of pods per plant, average number of grains per pod, average grain weight and grain yield. Through the individual analyzes, the estimates of simple correlations were obtained and the analysis of track with chain diagrams was performed. It was concluded that: (1)

the primary component mean weight of grain is indicated for indirect selection for grain yield of soybean, independent of the growing season; (2) the primary component number of pods per plant is indicated for indirect selection for grain yield at sowing in April; (3) the secondary character cycle is indicated for the indirect selection for soybean grain yield at the sowing in October; (4) the secondary characters plant height at maturation and vegetative period are indicated for the indirect selection for soybean grain yield at sowing in April..

Key words: Glycine max (L.) Merrill, linear correlation, path analysis, indirect selection.

INTRODUÇÃO

Nos últimos trinta anos houve incremento de 2000 kg.ha⁻¹ na produtividade média de soja no cerrado brasileiro (SILVA NETO; VELOSO, 2011). Isso foi possível porque, dentre vários fatores, os pesquisadores brasileiros foram pioneiros no desenvolvimento de cultivares de soja para regiões de baixas latitudes (KIIL et al., 1983). O aumento da produtividade de grãos continua sendo um dos principais objetivos dos programas de melhoramento, pode ser alcançado pelo melhor manejo da cultura ou por meio de melhoramento genético.

A produtividade de grãos é um caráter quantitativo (BERNARDO, 2002) portanto, grande número de genes atuam no seu controle além de apresentar pronunciada influência do ambiente (RAMALHO et al., 2008). Assim, o conhecimento da relação entre caracteres é relevante em um programa de melhoramento, uma vez que possibilita à seleção indireta de um caráter quantitativo através da seleção em outro caráter diretamente a ele correlacionado, de maior herdabilidade ou de fácil seleção visual (CARPENTIERI-PÍPOLO; GASTALDI; PÍPOLO, 2005).

No entanto, os coeficientes de correlação, apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não fornecem a importância relativa dos

efeitos diretos e indiretos desses fatores (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Para contornar esse problema, Wright (1921) desenvolveu a análise de trilha (path analysis), a qual permite o desdobramento dos coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável principal.

Assim, foi objetivo desse trabalho, verificar os efeitos diretos e indiretos de componentes primários e caracteres secundários sobre a produção de grãos em cultivares de soja cultivadas em casa de vegetação.

MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação do Programa de Melhoramento Genético de Soja no Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, no município de Viçosa, MG, nas coordenadas geográficas, 20°45'S e 42°51'W. Os experimentos foram instalados em duas épocas de semeadura (outubro de 2013 e abril de 2014) e os tratamentos foram constituídos de 39 cultivares de soja, assim denominadas: BMX Veloz RR, BMX Alvo RR, BMX Tornado RR, DM 6260 RSF IPRO, BMX Potência RR, DM 6563 RSF IPRO, DM 6458 RSF IPRO, CD 2585 RR, BMX Ativa RR, BMX Apolo RR, FPS Júpiter 51 RR, FPS Antares RR, FPS Netuno RR, FPS Urano RR, NA 5909 RR, NS 4823 RR, NS 5959 IPRO, NS 6262 RR, NS 5445 IPRO, M 7211 RR, M 8211 RR, M 9144 RR, M 8199 RR, M 7908 RR, M 8527 RR, NS 7609 RR, M 8867 RR, M 7639 RR, P 98Y51 RR, P 98Y30 RR, P 98R37 RR, P 99R30 RR, NA 7337 RR, NA 7255 RR, BRS Candeia, BRS Carnaúba, BRS Tracajá, BRS 278 RR e BRS 271 RR.

O delineamento experimental foi de blocos casualizados com quatro repetições. Foram utilizadas 156 unidades experimentais, constituídas de vasos plásticos com capacidade para 2,5 litros. As sementes foram tratadas, antes da semeadura, com fungicida carbendazin na dose equivalente a 60 mL 100 kg⁻¹ de sementes e, em seguida foram submetidas à inoculação com *Bradyrhizobium japonicum*.

Em cada vaso foram semeadas seis sementes e após a emergência das plântulas foi realizado o desbaste mantendo-se duas plantas. O substrato foi constituído de solo e esterco bovino curtido na proporção 3:1, respectivamente. A correção da acidez do solo e a adubação foram realizadas com base nos resultados da análise de solo. O controle de pragas e doenças foi efetuado de acordo com as recomendações para a cultura da soja (SEDIYAMA; SILVA; BORÉM, 2015). As avaliações fenotípicas foram realizadas com base na escala de desenvolvimento da soja proposta por Fehr e Caviness (1977). Os caracteres avaliados foram:

No estágio R1 - início da floração - (uma flor aberta em qualquer nó da haste principal):

-Número de dias do período vegetativo (PV): foi contado o número de dias da emergência até a abertura da primeira flor na haste principal.

No estágio R8 - maturação plena - (95% de vagens que tenham atingido a cor da vagem madura):

-Ciclo (CICLO): número de dias da emergência até a maturação.

-Altura da planta (APR8).

-Número de vagens por planta (NVP).

-Número médio de grãos por vagem (NGV): foi obtido pela razão entre o número total de grãos e o número total de vagens.

-Peso médio do grão (PMG): foi obtido pela razão entre a massa da matéria seca das sementes de cada planta e o número total de grãos de cada planta.

-Produção de grãos (PROD): massa média de grãos por unidade experimental.

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual de acordo com o seguinte modelo:

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

Y_{ij} = observação obtida na parcela com i-ésima cultivar no j-ésimo bloco;

μ = média geral;

G_i = efeito do i-ésima cultivar;

B_j = efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ij} = efeito do erro aleatório.

Os dados médios foram utilizados para a obtenção dos coeficientes de correlação fenotípica (r_f) que foram estimados pela seguinte fórmula:

$$r_f = \frac{PMT_{xy}}{\sqrt{QMT_x QMT_y}}$$

PMT_{xy} = produtos médios associados aos tratamentos (cultivares) para aos caracteres x e y;

QMT_x = quadrados médios de tratamentos (cultivares) referente ao caráter x;

QMT_y = quadrados médios de tratamentos (cultivares) referente ao caráter y.

A significância dos coeficientes de correlação foi avaliada por meio do teste t, a 1 e 5% de probabilidade, considerando (n-2) graus de liberdade, sendo n, o número de cultivares.

Em virtude do modelo matemático da produção de grãos, em relação aos componentes primários, ser multiplicativo, foi necessário adequá-lo à propriedade de aditividade da análise de trilha, realizando-se a transformação dos dados para a escala logarítmica nas variáveis produção de grãos (PROD), peso médio do grão (PMG), número de grãos por vagem (NGV) e número de vagens por planta (NVP).

Antes da análise de trilha foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade, conforme critério proposto por Montgomery e Peck (1981), a fim de retirar da análise os caracteres que porventura pudessem resultar em coeficientes viesados na análise de trilha. Esse descarte é dispensável quando se verifica número de condição (NC) inferior a 100, o que indica multicolinearidade fraca, não constituindo problema para a realização da análise.

Os desdobramentos dos coeficientes de correlação em efeito diretos e indiretos foram realizados por meio da análise de trilha com diagramas em cadeia (WRIGHT, 1921; WRIGHT, 1923; LI, 1975) descrita por Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), considerando a produção de grãos como a variável básica. As análises estatísticas foram realizadas com auxílio do Genes: programa em genética e estatística (CRUZ, 2013).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As associações lineares entre os caracteres variaram de acordo com época de semeadura, uma vez que, os pares associados NGV x NVP, NGV x APR8, NGV x PV, PROD x APR8 e PROD x PV apresentaram coeficientes de correlação não significativos na semeadura de outubro de 2013 e coeficientes de correlação significativos na semeadura de abril de 2014 (Tabela 1).

Em outros pares houve variação tanto na magnitude quanto na direção das correlações, como por exemplo (NGV x PMG: $r = 0,363^*$ em outubro de 2013 e $r = -0,513^{**}$ em abril de 2014), (PROD x NGV: $r = 0,325^*$ em outubro de 2013 e $r = -0,621^{**}$ em abril de 2014), evidenciando que as estimativas dos coeficientes de correlação tiveram alta influência do efeito de ambiente (Tabelas 1). De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), o ambiente torna-se causa de correlações quando dois caracteres são influenciados pelas mesmas diferenças de condições ambientais.

Por outro lado, os pares PMG x PROD, PROD x NVP, NVP x APR8, NVP x PV e APR8 x PV apresentaram correlações semelhantes nas duas épocas de semeadura, com os coeficientes de correlação positivos e significativos, indicando que o aumento no valor de um caráter tende a gerar o aumento no mesmo sentido para o outro caráter, ou vice versa. A correlação que é diretamente mensurada a partir de medidas de dois caracteres, em certo número de indivíduos é a fenotípica, a qual tem causas genéticas e ambientais, sendo que apenas as genéticas envolvem uma associação de natureza herdável (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012). Dessa forma verificou-se que o ambiente pouco influenciou o fenótipo, uma vez que esses caracteres apresentaram respostas semelhantes nas duas épocas de semeadura, mostrando que o genótipo foi mais importante na expressão dessas características.

Tabela 1. Coeficientes de correlação fenotípica dos caracteres número de grãos por vagem (NGV), produção de grãos por planta (PROD), peso médio do grão (PMG), número de vagens por planta (NVP), número de dias da emergência até a maturação (CICLO), altura da planta no estágio R8 (APR8) e período vegetativo (PV) em 39 cultivares de soja avaliadas em casa de vegetação em semeadura de outubro de 2013 e abril de 2014.

Pares de caracteres	Coeficientes de correlação simples (r)	
	Outubro de 2013	Abril de 2014
PMG x NGV	0,363 [*]	-0,513 ^{**}
PMG x PROD	0,555 ^{**}	0,665 ^{**}
PMG x NVP	-0,254 ^{ns}	0,157 ^{ns}
PMG x CICLO	-0,596 ^{**}	-
PMG x APR8	-0,471 ^{**}	0,513 ^{**}
PMG x PV	-0,500 ^{**}	0,479 ^{**}
NGV x PROD	0,325 [*]	-0,621 ^{**}
NGV x NVP	-0,209 ^{ns}	-0,720 ^{**}
NGV x CICLO	-0,272 ^{ns}	-
NGV x APR8	-0,181 ^{ns}	-0,817 ^{**}
NGV x PV	-0,253 ^{ns}	-0,814 ^{**}
PROD x NVP	0,631 ^{**}	0,783 ^{**}
PROD x CICLO	-0,032 ^{ns}	-
PROD x APR8	0,177 ^{ns}	0,691 ^{**}
PROD x PV	0,144 ^{ns}	0,685 ^{**}
NVP x CICLO	0,517 ^{**}	-
NVP x APR8	0,634 ^{**}	0,696 ^{**}
NVP x PV	0,639 ^{**}	0,713 ^{**}
CICLO x APR8	0,734 ^{**}	-
CICLO x PV	0,800 ^{**}	-
APR8 x PV	0,897 ^{**}	0,939 ^{**}

** e * Significativo a 1 e 5 % de probabilidade pelo test t. ns: não significativo.

Os coeficientes de correlação apesar de serem importantes na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não fornecem a importância dos efeitos diretos e indiretos desses fatores. Para contornar esse problema, a análise de trilha tem sido empregada, uma vez que, fornece os desdobramentos dos coeficientes de correlação em efeitos diretos e indiretos sobre uma variável básica. Além disso,

quando estão envolvidas inter-relações complexas, tais como em estudos de melhoramento envolvendo a produção de grãos, componentes primários e caracteres secundários, deve se optar pela análise de trilha com diagramas em cadeia (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012).

Na semeadura de outubro de 2013, o diagnóstico de multicolinearidade mostrou que o número de condição foi inferior a 100 ($NC = 39,03$), ou seja, colinearidade fraca, não constituindo problema para a realização da análise de trilha. Pela análise de trilha foi evidenciado que os componentes primários (PMG, NGV e NVP), previamente transformados para a escala logarítmica, explicaram como esperado 100% da produção de grãos ($R^2 = 1,00$), no entanto, apenas o PMG e o NVP apresentaram alto efeito direto sobre a produção, mostrando que a seleção de plantas de maior potencial produtivo via PMG e NVP pode ser uma boa estratégia (Tabela 2). Alguns trabalhos também têm mostrado que o número de vagens por planta apresenta grande potencial para a seleção indireta de genótipos de soja mais produtivos (PANDINI; VELLO; LOPES, 2002; ALCÂNTARA NETO et al., 2011; PERINI et al., 2012;). Situação semelhante também é verificado na cultura no feijão, em que Barili et al. (2011), estudando os efeitos dos componentes primários sobre a produção de grãos, no Estado de Santa Catarina, mostraram que a massa de mil grãos, número de grãos por vagem e número de vagens por planta foram bons preditores do desempenho genético e apresentaram maior efeito direto sobre a produção de grãos de feijão.

As estimativas dos efeitos dos caracteres secundários sobre os componentes primários, no experimento semeado em outubro de 2013, estão apresentadas na Tabela 3. Os três coeficientes de determinação ($R^2 = 0,358$; $R^2 = 0,090$ e $R^2 = 0,428$) apresentaram magnitudes inferiores aos dos efeitos residuais, portanto, os caracteres secundários explicam pouco da variação nos componentes primários da produção de grãos. Devido a isso, seria necessário acrescentar mais caracteres secundários em análises futuras a fim de contornar esse problema. No entanto, foi possível verificar que o ciclo apresentou alto efeito direto negativo ($-0,543$) sobre o componente primário PMG, indicando que à medida que o ciclo diminui o peso médio do grão tende a aumentar, ou vice versa (Tabela 3). Essa informação é importante, visto que, recentemente, há maior aceitação dos

produtores por cultivares de ciclo precoce, principalmente no Centro-oeste, pois possibilita a colheita antecipada da soja viabilizando a safra de inverno, a qual é predominantemente estabelecida pelo milho segunda safra.

A seleção indireta para aumento no desempenho dos componentes primários da produção é uma alternativa para tornar o processo de melhoramento mais rápido e eficiente. Nesse sentido, a utilização de caracteres secundários que possuam alto efeito direto com um ou mais componentes primários de produção pode acelerar o processo de seleção de plantas mais produtivas. É de interesse dos melhoristas identificar caracteres secundários que sejam de fácil mensuração, baixo custo e que necessitam de pouca mão-de-obra para execução do processo de seleção. De acordo com Hartwig et al. (2006), a seleção indireta em caracteres menos complexos, com maior herdabilidade, poderá resultar em ganhos genéticos em relação à seleção direta. Portanto, o caráter secundário CICLO pode ser promissor para uso na seleção indireta de plantas de soja de maior PMG.

Tabela 2. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes primários peso médio do grão (PMG), número de grãos por vagem (NGV) e número de vagens por planta (NVP) sobre a variável básica produção de grãos por planta (PROD), em 39 cultivares de soja avaliadas em casa de vegetação em semeadura de outubro de 2013.

Descrição dos efeitos		Componentes primários		
		PMG	NGV	NVP
Efeito direto	PROD	0,678	0,258	0,856
Efeito indireto	via PMG	-	0,246	-0,172
	via NGV	0,094	-	-0,054
	via NVP	-0,217	-0,179	-
TOTAL		0,555	0,325	0,631
R ²		1,000		
Efeito residual		0,000		

Apesar do APR8 ($r = -0,471^{**}$) e do PV ($r = -0,500^{**}$) apresentarem coeficiente de correlação significativo com o PMG (Tabela 1), os desdobramentos da análise de trilha mostraram que não existe relação de causa e efeito entre esses

caracteres, uma vez que o APR8 (-0,073) e PV (0,000) apresentaram baixo e nulo efeito direto sobre o PMG, respectivamente (Tabela 3). Portanto, basear a seleção em APR8 e PV para obter ganhos genéticos em PMG não é uma boa estratégia, visto que, apenas a seleção em CICLO poderá resultar em ganhos no caráter PMG.

Tabela 3. Efeitos diretos e indiretos dos três caracteres secundários, ciclo, altura da planta no estágio R8 (APR8) e período vegetativo (PV) sobre os três componentes primários peso médio do grão (PMG), número de grãos por vagem (NGV) e número de vagens por planta (NVP) em 39 cultivares de soja avaliadas em casa de vegetação em semeadura de outubro de 2013.

Descrição dos efeitos		Componentes primários		
		PMG	NGV	NVP
Efeito direto	Ciclo	-0,543	-0,204	0,000
Efeito indireto	via APR8	-0,053	0,185	0,228
	via PV	0,000	-0,252	0,289
TOTAL		-0,596	-0,272	0,517
Efeito direto	APR8	-0,073	0,251	0,311
Efeito indireto	via Ciclo	-0,398	-0,150	0,000
	via PV	0,000	-0,283	0,324
TOTAL		-0,471	-0,181	0,634
Efeito direto	PV	0,000	-0,315	0,361
Efeito indireto	via Ciclo	-0,434	-0,164	0,000
	via APR8	-0,065	0,225	0,279
TOTAL		-0,500	-0,253	0,639
R ²		0,358	0,090	0,428
Efeito residual		0,802	0,954	0,757

Os caracteres CICLO ($r = 0,517^{**}$), APR8 ($r = 0,634^{**}$) e PV ($r = 0,639^{**}$) apresentaram coeficiente de correlação positivo e significativo com o componente primário NVP (Tabela 1). No entanto, os desdobramentos dos coeficientes pela análise trilha evidenciaram ausência de causa e efeito entre esses caracteres, ou seja, a seleção indireta via CICLO, APR8 e PV não resultará em

ganhos no caráter NVP (Tabela 3). Almeida; Peluzio; Afferri et al. (2010), avaliando soja cultivada em condições de várzea no sul do Tocantins, relataram baixa correlação do CICLO e PV com o NVP, e coeficiente de média magnitude entre APR8 e NVP. Isso denota que as estimativas dos coeficientes de correlação podem variar de acordo com o local e/ou época de cultivo devido ao efeito do ambiente.

Os resultados evidenciaram que não foi possível identificar caracteres secundários que tivessem alto efeito direto sobre o NGV (Tabela 3). Nogueira et al. (2012), estudando as relações lineares entre caracteres em cultivares de soja, também não identificaram alto efeito direto de caracteres secundários, tais como ciclo, altura planta na maturação e número de nós na haste principal, sobre o componente primário número de grãos por vagem.

Tabela 4. Efeitos diretos e indiretos dos três componentes secundários (Ciclo, APR8 e PV) sobre a variável principal, produção de grãos (PROD) em 39 cultivares avaliadas em casa de vegetação em semeadura de outubro de 2013.

Descrição dos efeitos		Componentes primários			Total PROD
		PMG	NGV	NVP	
Efeito direto secundário	Ciclo	-0,368	-0,053	0,000	-0,421
Efeito indireto	via APR8	-0,036	0,048	0,195	0,207
	via PV	0,000	-0,065	0,248	0,182
TOTAL		-0,404	-0,070	0,442	-0,032
Efeito direto secundário	APR8	-0,049	0,065	0,266	0,282
Efeito indireto	via Ciclo	-0,270	-0,039	0,000	-0,309
	via PV	0,000	-0,073	0,277	0,204
TOTAL		-0,319	-0,047	0,543	0,177
Efeito direto secundário	PV	0,000	-0,081	0,309	0,228
Efeito indireto	via Ciclo	-0,294	-0,042	0,000	-0,337
	via APR8	-0,044	0,058	0,239	0,253
TOTAL		-0,339	-0,065	0,548	0,144

As estimativas dos efeitos diretos secundários e efeitos indiretos dos caracteres secundários sobre a variável básica PROD, estão apresentadas na Tabela 4. Esses resultados ratificam que os caracteres secundários (ciclo, APR8 e

PV) apresentaram baixa associação com a produção de grãos, fato também verificado pelos coeficientes de correlação linear (CICLO x PROD, $r = -0,032^{ns}$; APR8 x PROD, $r = 0,177^{ns}$; PV x PROD, $r = 0,144^{ns}$) (Tabela 1 e Tabela 4). Dessa forma, ressalta-se que em estudos futuros devem ser acrescentados outros caracteres fenológicos e morfológicos na análise de trilha, os quais poderão apresentar alto efeito direto tanto nos componentes primários de produção bem como diretamente na variável produção de grãos.

De maneira geral, na segunda época (abril de 2014), todos os pares associados apresentaram coeficientes de correlação significativos, com exceção do PMG x NVP ($r=0,157^{ns}$) (Tabela 1), mostrando que há relação linear entre esses caracteres. Estudos de correlações envolvendo componentes de produção e caracteres secundários em soja, também têm demonstrado a existência de relação linear entre esses caracteres em soja (CARVALHO et al., 2002; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012).

Tabela 5. Estimativas dos efeitos diretos e indiretos dos componentes primários peso médio do grão (PMG), número de grãos por vagem (NGV) e número de vagens por planta (NVP) sobre a variável básica produção de grãos por planta (PROD), em 39 cultivares de soja avaliadas em casa de vegetação em semeadura de abril de 2014.

Descrição dos efeitos		Componentes primários		
		PMG	NGV	NVP
Efeito direto	PROD	0,768	0,517	1,035
Efeito indireto	via PMG	-	-0,394	0,121
	via NGV	-0,265	-	-0,373
	via NVP	0,163	-0,745	-
TOTAL		0,665	-0,621	0,783
R ²		1,000		
Efeito residual		0,000		

Os resultados da análise de trilha na semeadura de abril de 2014 mostraram que em PMG e NVP os efeitos diretos tiveram o mesmo sinal das correlações e suas magnitudes foram comparativamente altas, visto que, superaram a estimativa do efeito residual (Tabela 5). Esse fato evidencia que esses

componentes primários (PMG e NVP) são os principais determinantes das variações na variável principal (PROD), denotando que a seleção indireta poderá ser uma boa estratégia. Por outro lado, o componente primário NGV, apesar de não apresentar grande influência sobre a PROD na primeira época, apresentou correlação de média magnitude e de sinal negativo com alto efeito indireto negativo via NVP, ou seja, a medida que ocorre aumento no NVP tende a ocorrer decréscimo no NGV, ou vice versa (Tabela 5). De igual modo, Perini et al. (2012), estudando cultivares de soja de tipo de crescimento determinado e indeterminado, relataram que o NVP foi um dos caracteres mais importantes para a seleção indireta de plantas de tipo determinado com maior potencial produtivo, enquanto que, o número de grãos por planta se mostrou eficiente para a seleção indireta independentemente do tipo de crescimento.

Tabela 6. Efeitos diretos e indiretos dos dois caracteres secundários, altura da planta no estágio R8 (APR8) e período vegetativo (PV) sobre os três componentes primários peso médio do grão (PMG), número de grãos por vagem (NGV) e número de vagens por planta (NVP) em 39 cultivares de soja avaliadas em casa de vegetação em semeadura de abril de 2014.

Descrição dos efeitos		Componentes primários		
		PMG	NGV	NVP
Efeito direto	APR8	0,533	-0,447	0,221
Efeito indireto	via PV	-0,020	-0,370	0,475
TOTAL		0,513	-0,817	0,696
Efeito direto	PV	-0,021	-0,394	0,506
Efeito indireto	via APR8	0,500	-0,420	0,207
TOTAL		0,479	-0,814	0,713
R ²		0,263	0,686	0,515
Efeito residual		0,859	0,561	0,697

Os efeitos dos caracteres secundários sobre os componentes primários, no experimento semeado em abril de 2014 estão apresentados na Tabela 6. Dois dos três coeficientes de determinação apresentaram magnitudes inferiores aos dos

efeitos residuais, denotando que a variação nos caracteres secundários explicam pouco da variação nos componentes primários da produção de grãos. Desta forma, seria necessário acrescentar novos caracteres secundários na análise de trilha que apresentem alto efeito direto sobre a variável básica. Esse mesmo fato também foi relatado por Nogueira et al. (2012) em estudo de correlações com soja cultivada em casa de vegetação, em que os autores salientam a necessidade de incluir no diagrama de trilha novos caracteres secundários que sejam mais explicativos dos componentes primários de produção de soja.

Ainda assim, verificou-se alto efeito direto da APR8 sobre o componente primário PMG (0,533) (Tabela 6), assim, a seleção indireta de plantas de maior altura pode ocasionar aumento no peso médio do grão, evidenciando a verdadeira relação de causa e efeito entre esses caracteres, resultado esse, que é concordante com estimativa do coeficiente de correlação ($r = 0,513^{**}$) (Tabela 1).

Tabela 7. Efeitos diretos e indiretos dos dois componentes secundários (APR8 e PV) sobre a variável principal, produção de grãos (PROD) em 39 cultivares avaliadas em casa de vegetação em semeadura de abril de 2014.

Descrição dos efeitos		Componentes primários			Total
		PMG	NGV	NVP	PROD
Efeito direto secundário	APR8	0,409	-0,232	0,229	0,405
Efeito indireto	via PV	-0,015	-0,191	0,492	0,286
TOTAL		0,394	-0,423	0,720	0,691
Efeito direto secundário	PV	-0,016	-0,204	0,524	0,304
Efeito indireto	via APR8	0,384	-0,217	0,215	0,381
TOTAL		0,368	-0,421	0,738	0,685

Além disso, também foi possível identificar que o caráter PV apresentou alto efeito direto com o NVP, mostrando a verdadeira relação de causa e efeito entre esses caracteres (Tabelas 6 e 7). Nesse sentido, a seleção indireta de plantas com maior período vegetativo pode trazer incremento no número de vagens por planta nas condições ambientais da segunda época de semeadura. Essa informação é importante, principalmente, para o melhoramento de soja para regiões de baixa latitude, em que se prioriza por seleção de plantas com período juvenil longo. De

acordo com Nogueira et al. (2009), mesmo em condições de fotoperíodo curto e baixas latitudes, a fase juvenil é insensível ao fotoperíodo em genótipos de soja de período juvenil longo. Os autores também relatam que, nesses genótipos, a indução ao florescimento só ocorre a partir da quinta a sétima folha trifoliolada, quando o fotoperíodo máximo é menor ou igual ao fotoperíodo crítico da cultivar. Devido à relação de causa e efeito entre PV x NVP, o NVP pode ser uma característica útil para a seleção indireta em programas de melhoramento de soja para regiões de baixa latitude. Por outro lado, Nogueira et al. (2012), avaliando cultivares de soja em casa de vegetação em duas épocas, mostraram a ocorrência de relação linear positiva e significativa entre esses caracteres numa época e não significativa em outra época, denotando a alta influência do efeito ambiental sobre a expressão dos fenótipos naquelas condições.

O efeito de ambiente também deve ser relatado nesse estudo, uma vez que, os efeitos dos componentes secundários sobre os componentes primários variaram de acordo com as épocas de semeadura (Tabelas 3 e 6). Enquanto que na primeira época o ciclo foi o caráter que teve maior efeito sobre o componente primário PMG, na segunda época a APR8 e o PV apresentaram importância no seu efeito sobre o PMG e NVP, respectivamente. Essa resposta é importante para ressaltar a importância de realizar a análise individual dos experimentos para a estimação dos coeficientes de correlações, conforme recomendado por Cruz; Regazzi; Carneiro (2012), uma vez que a interação genótipos x ambientes pode influenciar tanto na magnitude como na direção das relações lineares entre caracteres.

CONCLUSÕES

1) O componente primário peso médio do grão é indicado para seleção indireta para produtividade de grãos de soja, independente da época de semeadura;

2) O componente primário número de vagens por planta foi eficiente para a seleção indireta para a produtividade de grãos na semeadura de abril;

3) O caráter secundário ciclo é indicado para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de outubro;

4) Os caracteres secundários altura de planta na maturação e período vegetativo são indicados para a seleção indireta para produtividade de grãos de soja na semeadura de abril.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALCÂNTARA NETO, F.; GRAVINA, G. de A.; MONTEIRO, M. M de S.; MORAIS, F. B de.; PETTER, F. A.; ALBUQUERQUE, J. A. A. de. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, v. 2, n. 2, p 107-112, 2011.

ALMEIDA, R, D de.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.

BARILI, L. D.; VALE, N. M.; MORAIS, P. P. P.; BALDISSERA, J. N. C.; ALMEIDA, C. B.; ROCHA, F.; VALENTINI, G.; BERTOLDO, J. G.; COIMBRA, J. L. M.; GUIDOLIN, A. F. Correlação fenotípica entre componentes do rendimento de grãos de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 4, p. 1263-1274, 2011.

BERNARDO, R. **Breeding for quantitative traits in plants**. Minnessota: Stema, 2002. 369p.

CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GASTALDI, L. F.; PÍPOLO, A. E. Correlações fenotípicas entre caracteres quantitativos em soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 26, n. 1, p. 11-16, 2005.

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

CRUZ, C. D. Princípios de genética quantitativa. In: CRUZ, C. D. Caráter quantitativo. Viçosa: UFV, 2012, p. 13-68.

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

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. (4 ed). Viçosa: UFV, 2012, 514 p.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: State University of Science and Technology, 1977. 11 p. (Special report, 80).

HARTWIG, I.; CARVALHO, F. I. de.; OLIVEIRA, A. C. de.; SILVA, J. A. G. da.; LORENCETTI, C.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; BERTAN, I.; SILVA, G. O. da.; VALÉRIO, I. P.; SCHMIDT, D. A. M. Correlações fenotípicas entre caracteres agronômicos de interesse em cruzamentos dialélicos de aveia branca. **Revista Brasileira de Agrociência**. Pelotas, v. 12, n. 3, p. 273-278, 2006.

KIIHL, R. A. S.; BAYS, I. A.; ALMEIDA, L. A. (1983). Soybean breeding for the Brazilian tropics. Proceedings of a Symposium Tsukuba. p.141-143.

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

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

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; SOUSA, L. B. de.; HAMAWAKI, O. T.; CRUZ, C. D.; PEREIRA, D. G.; MATSUO, E. Análise de trilha e correlações entre caracteres em soja cultivada em duas épocas de semeadura. **Bioscience**, Uberlândia, v. 28, n. 6, p. 877-888, 2012.

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

PERINI, L. J.; FONSECA JÚNIOR, N. da S.; DESTRO, D.; PRETE, C. E. C.; Componentes da produção em cultivares de soja com crescimento determinado e indeterminado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, suplemento 1, p. 2531-2544, 2012.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B. dos; PINTO, C. A. B. **Genética na agropecuária**. Lavras: UFLA (4 ed). 2008. 212 p.

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

SILVA NETO, S. P. da; VELOSO, R. F. Sustentabilidade da soja no centro oeste e o custo financeiro. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2011. Disponível em: <<http://www.cpac.embrapa.br/noticias/artigosmidia/publicados/359/>>. Acesso em: 07 mai. 2015.

CONCLUSÕES GERAIS

Apesar do melhoramento da soja no Brasil apresentar constantes desafios, é perceptível que ao longo do tempo a pesquisa brasileira avançou e continua trazendo novas tecnologias aos produtores de soja brasileiros. Apesar da base genética das cultivares de soja brasileiras ser estreita, ainda há muita variabilidade genética a ser explorada pelos programas de melhoramento, o que torna possível a pesquisa e o desenvolvimento de cultivares de soja produtivas e adaptadas à todas as regiões de cultivo do país.

Os descritores adicionais avaliados neste estudo apresentaram alto potencial para distinguir cultivares de soja. A perspectiva futura é da realização de novos trabalhos englobando uma gama maior de cultivares de soja e ambientes a fim de verificar a estabilidade dessas características.

A análise de trilha com diagramas em cadeia se mostrou eficiente na identificação de caracteres secundários para serem usados na seleção de plantas de soja de maior potencial produtivo, podendo ser usada para acelerar e tornar a seleção de plantas superiores mais eficaz.