

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA
POR MEIO DE MODELOS MISTOS E ABORDAGENS
MULTIVARIADAS**

Andréa Carla Bastos Andrade

Engenheira Agrônoma

2015

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA – UNESP
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA
POR MEIO DE MODELOS MISTOS E ABORDAGENS
MULTIVARIADAS**

Andréa Carla Bastos Andrade

Orientador: Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Dissertação apresentada à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP, Câmpus de Jaboticabal, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas).

2015

A553e Andrade, Andréa Carla Bastos
Estratégias de seleção de genótipos de soja por meio de
modelos mistos e abordagens multivariadas / Andréa Carla Bastos
Andrade. -- Jaboticabal, 2015
x, 43p. : il. ; 29 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista,
Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2015
Orientador: Antônio Orlando Di Mauro
Co-orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli
Banca examinadora: Antônio Sérgio Ferraudo, Viviane Formice
Vianna
Bibliografia

1. *Glycine max*. 2. REML/BLUP. 3. Análise de Fatores. 4.
Componentes principais. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 631.52:633.34

Ficha catalográfica elaborada pela Seção Técnica de Aquisição e Tratamento da Informação –
Serviço Técnico de Biblioteca e Documentação - UNESP, Câmpus de Jaboticabal.



UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA

CAMPUS DE JABOTICABAL

FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS DE JABOTICABAL

CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA POR MEIO DE
MODELOS MISTOS E ABORDAGENS MULTIVARIADAS

AUTORA: ANDRÉA CARLA BASTOS ANDRADE

ORIENTADOR: Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO

CO-ORIENTADORA: Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÉDA TREVISOLI

Aprovada como parte das exigências para obtenção do Título de MESTRE EM AGRONOMIA
(GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÉDA TREVISOLI

Departamento de Produção Vegetal / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Prof. Dr. ANTONIO SERGIO FERRÁUDO

Departamento de Ciências Exatas / Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal

Profa. Dra. VIVIANE FORMICE VIANNA

Instituto Taquaritinguense de Ensino Superior / Taquaritinga/SP

Data da realização: 27 de janeiro de 2015.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

ANDRÉA CARLA BASTOS ANDRADE – Nasceu em 13 de dezembro de 1989 no município de Bom Jesus da Lapa, Bahia. Iniciou o curso de Agronomia na Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, BA, em agosto de 2008, obtendo o título de Engenheira Agrônoma em julho de 2013. Durante a graduação, foi bolsista de iniciação científica por três anos (2010/2013), no Laboratório de Melhoramento e Produção Vegetal, atuando em diferentes projetos de pesquisa com a cultura da mandioca. Também, foi membro do Centro Acadêmico Livre de Agronomia (2010/2011) e participou da organização das V e VI SEAGRUS (Semana de Agronomia da UESB) e I EBEA (Encontro Baiano dos Estudantes de Agronomia). Em agosto de 2013 ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), na Universidade Estadual Paulista – UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias – FCAV, Jaboticabal – SP, onde atuou em projetos abrangendo o melhoramento genético da soja.

“... ponha a saia mais leve, aquela de chita, e passeie de mãos dadas com o ar. Enfeite-se com margaridas e ternura e escove a alma com leves fricções de esperança. De alma escovada e coração estouvado, saia do quintal de si mesmo e descubra o próprio jardim. Acorde com gosto de caqui e sorria lírios para quem passe debaixo de sua janela. Ponha intenções de quermesse em seus olhos e beba licor de névoa de borboletas, cada qual trazendo uma pérola falante a dizer frases sutis e palavras de galanteria.”

(Carlos Drummond de Andrade)

À minha avó, Carmen Bastos de Oliveira (*in memoriam*)

À minha madrinha, Darcy Xavier de Moura (*in memoriam*)

DEDICO

Aos meus pais, Joseni Bastos e José Andrade

À minha irmã, Juliana Bastos

Ao meu tio, João Bastos

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

A Deus, pelas maravilhas que realiza em minha vida, por ser fonte de sabedoria e ciência: “meu refúgio, minha fortaleza, meu Deus eu confio em Ti” (Salmo 91).

À minha família, que sempre acreditou e apoiou nas minhas decisões e jornadas. Com todo amor e respeito que existe entre nós, à minha mãe Joseni Bastos e minha irmã Juliana Bastos.

À Universidade Estadual Paulista – UNESP/ FCAV e ao Departamento de Produção Vegetal.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro, que tanto admiro pela sabedoria, entendimento, receptividade para com seus orientados e amizade.

À Prof. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela coorientação, amparo, conhecimentos transmitidos, amizade e integridade para com seus orientados e coorientados.

Aos professores do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas e demais professores da UNESP/FCAV, por me transmitirem conhecimentos e me ajudarem a expandi-los.

Ao Prof. Dr. Antônio Sérgio Ferraud, pela amizade, atenção e auxílio nas análises estatísticas.

Ao amigo Alysson Jalles, pelos incentivos, pela parceria que iniciamos, pela colaboração ao estudo.

Aos grandes amigos Filipe Inácio e Daniel Leite, pelos momentos de aprendizagem e de descontração, por me ajudarem a crescer como profissional e como pessoa.

À família ‘Misto-Quente’, que me ofereceu amizade sincera e momentos intensos de alegria, sempre me auxiliando através de palavras e gestos. Os levarei no meu coração para onde for: Aline Kawanami, Denise Chung, Fabrícia Filgueira, Peterson Pacheco e Jorge Morales.

Aos meus queridos amigos Perla Novais, Jonathan Manhães e Mariana Borges, por permanecerem meus amigos apesar da distância, me oferecendo carinho, conselhos e incentivos. Amo vocês.

Ao Grupo de Oração Universitária – GOU, com todo carinho à Natália Aguiar, Liziane Brito, Denise Boito, Daniel de Bortoli, Roberto Carvalheiro, Silvan Gomes e Pe. Edson Maia, pela caminhada que construímos ao longo desse ano de convivência e por me transmitirem paz, sempre.

Ao Grupo de Canto ‘Amigos Pela Fé’ e Paróquia Santa Tereza de Jesus, por me acolherem nessa comunidade, me proporcionando momentos intensos de felicidade pela escuta da Palavra e Ministério do Canto.

Aos meus padrinhos Nilza Lima e Emanuel Lima, pela atenção e por se fazerem presentes em todas as etapas da minha formação profissional.

À equipe do Laboratório de Biotecnologia Aplicada ao Melhoramento de Plantas e do Programa de Melhoramento Genético de Soja da UNESP/FCAV.

Aos membros da banca de qualificação, Prof. Dr. Rinaldo Cesar de Paula e Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro.

Aos membros da banca de defesa, Prof. Dr. Antônio Sérgio Ferraud e Prof. Dra. Viviane Formice Vianna.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior, pela concessão da bolsa de estudos.

Aos funcionários do Prédio da Fitotecnia, pelo apoio nas atividades, conversa informal e sorriso oferecido no dia-a-dia.

Ao gerente da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão – FEPE, Marcelo, e toda a sua equipe, que sempre nos auxiliam nas nossas atividades do campo.

A todos aqueles que tiveram uma participação nesta etapa da minha vida, seja através de um telefonema, uma mensagem enviada, um encontro casual, ou mesmo um ‘pequeno grande momento de paixão’, muito obrigada.

SUMÁRIO

RESUMO.....	ix
ABSTRACT.....	x
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Soja: de convencional à transgênica.....	3
2.1.1. Importância, origem e disseminação	3
2.1.2. Melhoramento genético	4
2.2. Modelos mistos na seleção de genótipos	7
2.3. Abordagens multivariadas.....	10
3. MATERIAL E MÉTODOS	13
3.1. Material genético, local do experimento e características agronômicas	13
3.2. Análises estatístico-genéticas.....	15
3.2.1. Estimativa de parâmetros genéticos por meio de modelo misto.....	16
3.2.2. Seleção de genótipos por meio de análises multivariadas	17
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	20
5. CONCLUSÕES.....	36
6. REFERÊNCIAS.....	37

ESTRATÉGIAS DE SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA POR MEIO DE MODELOS MISTOS E ABORDAGENS MULTIVARIADAS

RESUMO - No melhoramento genético, além da boa condução experimental e correta obtenção de dados, a qualidade das análises estatístico-genéticas é dada pela aplicação de metodologias que buscam potencializar o processo de seleção, através da observação das relações existentes entre as características avaliadas, bem como a obtenção de valores que estejam de acordo com a realidade. O objetivo deste estudo foi selecionar genótipos de soja, de um ensaio no ano agrícola 2013/2014, oriundos de cruzamentos entre linhagens convencionais e transgênicas (Roundup Ready), utilizando, conjuntamente, as abordagens REML/BLUP, análise de fatores e componentes principais, processadas com as características: número de dias para florescimento (NDF), altura da planta no florescimento (APF), número de dias para a maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM), Altura de inserção da primeira vagem (AIV), acamamento (AC), valor agrônômico (VA), número de ramos por planta (NR), número de nós por planta (NN), número de vagens por planta (NV), produção de grãos (PG) e peso de cem sementes (PCS). Foram identificados três processos agronômicos que contribuem na seleção para escolha de genótipos, que discriminaram os genótipos contendo propriedades mais específicas. O processo 1 (AIV, NR, NV, NN e PG) foi eficiente para a seleção de genótipos com bons componentes de produção, mais precoces, de menores portes e com resistência ao acamamento.

Palavras-chaves: *Glycine max*, REML/BLUP, análise de fatores, componentes principais.

STRATEGIES OF SELECTION OF SOYBEAN GENOTYPES THROUGH OF MIXED MODELS AND MULTIVARIATE APPROACHES

ABSTRACT - In genetic breeding, beyond good experimental conduction, and proper data collection, the quality of statistical-genetic analysis is given by the application of methodologies that seek to enhance the selection process, through observation of the relationship between the characteristics evaluated and the achievement of values that are in accordance with reality. The aim of this study was to select soybean genotypes, in an assay in the agricultural year 2013/2014, derived from crosses between conventional and transgenic lines (Roundup Ready), using jointly the REML/BLUP approaches, analysis of factors and principal components, processed with the following characteristics: number of days to flowering (NDF), plant height at flowering (APF), number of days to maturity (NDM), plant height at maturity (APM), height of the first pod insertion (AIV), lodging (AC), agronomic value (VA), number of branches (NB), number of nodes per plant (NN), number of pods per plant (NV), grain yield (PG) and one hundred seed weight (PCS). Three agronomic selection processes were identified to select genotypes that discriminate genotypes containing more specific properties. The process 1 (AIV, NR, NV, NN and PG) was efficient for the selection of genotypes with good yield components, earlier, smaller sizes and with lodging resistance.

Key words: *Glycine max*, REML/BLUP, factor analysis, principal components.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) possui importância no cenário agrícola mundial, apresentando crescente expansão de suas áreas de cultivos comerciais (CAVALCANTE et al., 2010). A espécie constitui uma complexa estrutura de produção, armazenamento, processamento e de comercialização nos países onde é cultivada em larga escala (REZENDE; CARVALHO, 2007).

No Brasil, o crescimento da produção e o aumento da capacidade produtiva da soja estão aliados aos avanços no melhoramento genético e das condições ambientais (KLAHOLD et al., 2006). O melhoramento genético tem contribuído para a produção crescente do abastecimento da soja, onde ganhos genéticos têm sido obtidos por métodos tradicionais que envolvem a hibridação e consequente seleção fenotípica. Atualmente, aliados à utilização de transgênicos e marcadores moleculares (PELUZIO et al., 2009).

A busca por cultivares com características favoráveis é um processo contínuo e necessário, para se obter ganhos de produtividade expressivos, sendo esta uma das características mais importantes nos programas de melhoramento genético da cultura da soja. Observa-se, no entanto, que os ganhos genéticos têm se tornado cada vez mais difíceis de serem alcançados, para espécies submetidas a longos processos seletivos (MAIA et al., 2009).

Reconhecida a necessidade de se obter ganhos genéticos a cada ciclo de seleção, a maior eficácia das estimativas destes será adquirida através do emprego de metodologias estatísticas mais acuradas. Logo, recursos extras, além daqueles pertinentes à escolha de delineamentos genéticos, métodos de seleção e boa experimentação agrícola, fazem parte de uma tendência recente, que é o emprego de procedimentos analíticos estatísticos mais refinados para o estudo mais detalhado dos componentes da média e da variância de um caráter (MAIA et al., 2009).

Por muitos anos, nos programas de melhoramento genético de plantas, a seleção de genótipos vem sendo realizada procedendo-se análises de cada variável agrônômica, individualmente, estimando-se parâmetros genéticos, aplicando-se índices de seleção para as características e procedendo-se análises conjuntas de

ambientes, para verificar a interação genótipo por ambiente. Mais recentemente, com os avanços dos softwares computacionais, os métodos multivariados e modelos mistos têm ganhado grande importância nos estudos genéticos, sendo aplicados, por exemplo, em avaliações de divergência genética (BIZARI et al., 2014; COSTA et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2008), seleção de genótipos e progênies (DALLASTRA et al., 2014; VIANNA et al., 2013), estudos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos (BORGES; SOARES; et al., 2010; GOMEZ et al., 2014; MAIA et al., 2006; MENDONÇA et al., 2007), na estimação de valores genotípicos e no estudo de parâmetros genéticos (DUARTE; VENCOVSKY; DIAS, 2001; LOPES et al., 2008).

Considerando-se os aspectos positivos dos modelos mistos e das análises multivariadas, o presente estudo teve por objetivo selecionar genótipos superiores de soja, oriundos de cruzamentos entre linhagens convencionais e transgênicas (Roundup Ready®), procedendo-se conjuntamente os métodos REML/BLUP, análise de fatores e componentes principais.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Soja: de convencional à transgênica

2.1.1. Importância, origem e disseminação

A cultura da soja tem grande importância no sistema de produção brasileiro e mundial (KLAHOLD et al., 2006). Seus grãos são a principal fonte de óleo vegetal comestível e os farelos são amplamente utilizados na formulação de ração. Observa-se também, uma alta demanda para produção de proteína, que possui importantes propriedades nutricionais e funcionais. Estes fatos, quando somados, culminaram em aumento crescente da busca pelo produto e na multiplicação de áreas de sua lavoura (MENEGATTI; BARROS, 2007). Atualmente, a soja é amplamente cultivada nos Estados Unidos, Brasil, Argentina, China e Índia, onde os Estados Unidos destaca-se como líder e o Brasil como segundo maior produtor mundial (TETRAULT, 2014).

A soja tem como centro de origem o continente asiático, mais precisamente a região da China Antiga, de onde se expandiu para outras partes da Ásia, por volta do século XI a.C. Há referências, que essa leguminosa constituía-se na base alimentar do povo chinês há mais de 5.000 anos, originando-se através do cruzamento natural entre duas espécies selvagens, em latitudes compreendidas entre 30° e 45°N. Foi levada para ocidente a partir do século XVIII, quando em 1739 foi introduzida experimentalmente na Europa, e disseminada, posteriormente, para a América do Norte e América do Sul (ALMEIDA et al., 1999; PRIOLLI et al., 2004; ROCHA, 2009).

Embora a cultura fosse domesticada pela primeira vez na China, estando ausente do Continente Americano antes da colonização europeia, hoje, 80% da soja do mundo é cultivada em apenas três países da América: os Estados Unidos, Brasil e Argentina. Rendimentos de soja nestes três países têm aumentado de forma constante ao longo das duas últimas décadas. A tendência crescente deste

rendimento, juntamente com o aumento da área plantada de soja, praticamente dobrou a produção global de soja desde 1990 (AINSWORTH et al., 2012).

O primeiro relato sobre o comportamento da soja no continente americano data de 1804 (ALMEIDA et al., 1999). No Brasil, a soja foi introduzida no final do século XIX (WYSMIERSKI; VELLO, 2013), desde então, e durante muitas décadas, foi cultivada somente em caráter experimental por algumas instituições de pesquisa (PRIOLLI et al., 2004). De 1882 até hoje, foi do Estado da Bahia para o Rio Grande do Sul, onde se iniciou como cultura forrageira, a partir daí, tornou-se uma importante cultura oleaginosa, sendo bastante valorizada (ROCHA, 2009).

2.1.2. Melhoramento genético

O melhoramento genético da soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares. Os programas de melhoramento possuem objetivos gerais e específicos, e buscam a solução das limitações reais ou potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da cultura. Grande parte da variabilidade genética desta cultura é mantida e conservada em Bancos de Germoplasma existentes em vários países orientais e ocidentais (ALMEIDA et al., 1999).

No melhoramento genético convencional desta cultura estão envolvidos cruzamentos ou híbridos de polinização manual seguido pela seleção de genótipos, testes, e, finalmente, lançamento de uma variedade superior (SLEPER; SHANNON, 2003). Híbridações são realizadas para desenvolver germoplasma com variabilidade genética e as populações segregantes são conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, para permitir a seleção e a avaliação de genótipos com as características agrônômicas desejadas nas novas cultivares (ALMEIDA et al., 1999).

Contudo, a soja apresenta cleistogamia, onde a polinização ocorre com o botão floral fechado. Esta característica pode ter um forte impacto na manutenção da homogeneidade e redução na variação genômica, para a espécie, a qual pode ter

sido ainda mais acentuada pelo processo de domesticação (LAM et al., 2010). Isto reflete, atualmente, no desenvolvimento de novas cultivares.

Diversos programas de melhoramento genético contribuíram para o desenvolvimento de cultivares de soja de alto rendimento e adaptadas às diferentes condições agroclimáticas do Brasil (PRIOLLI et al., 2004) e do mundo. No início do século 20, nos Estados Unidos, as variedades de soja eram os tipos forrageiros, em grande parte. Essas variedades foram àquelas introduzidas da Ásia, as seleções dessas introduções ou cruzamentos naturais que surgiram através dessas introduções. Atualmente, o desenvolvimento de novas variedades melhoradas de soja, em programas de melhoramento modernos, é realizado através de viveiros fora de época nos trópicos, utilizando viveiros de inverno em Porto Rico, México, América Central e América do Sul e em outros lugares, para se obter duas, três ou mais gerações em uma única temporada. O uso de viveiros de inverno permite entrar na fase de testes antecipadamente, sendo possível liberar novas variedades mais cedo. Também, a seleção assistida por marcadores moleculares está sendo praticada, principalmente nas primeiras gerações de reprodução para avançar plantas com as características desejadas (SLEPER; SHANNON, 2003).

Numa abordagem mais recente, a busca por genótipos superiores têm sido realizada através da Seleção Genômica Ampla, correlacionando dados fenotípicos com genotípicos. Estudos realizados com a cultura da soja permitiram, por exemplo, a associação de componentes da produção com variações alélicas, utilizando marcadores SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) (HAO et al., 2012).

No Brasil, a cultura da soja ganhou importância econômica durante os anos 1970. As primeiras cultivares foram introduzidas a partir do Sul dos Estados Unidos, como por exemplo, Bragg, Davis e Lee. Com a crescente importância desta cultura, os melhoristas começaram a cruzar essas cultivares entre si e com outras fontes, obtendo as primeiras cultivares brasileiras, tais como Industrial, Santa Rosa e Campos Gerais (WYSMIERSKI; VELLO, 2013).

Sabe-se que a soja é considerada como planta de dias curtos, estando grande parte da área mundial cultivada com essa cultura localizada em latitudes maiores que 30°, onde prevalecem condições de clima temperado. O Brasil representa uma exceção dentro desse contexto, onde a expansão da soja nas

baixas latitudes foi alavancada com o lançamento de cultivares com características agrônômicas de melhor adaptação às condições edafoclimáticas dos trópicos. E, essa tecnologia, representada pelas sementes de 'cultivares tropicais', tem permitido a exploração da soja em regiões antes consideradas inaptas para o seu cultivo econômico. Conseqüentemente, o processo contínuo de recomendação de cultivares para as regiões de médias e baixas latitudes permitiu que extensas áreas da região tropical dos Cerrados fossem incorporadas ao processo produtivo agrícola, inclusive viabilizando a exploração econômica de outras espécies de culturas (ALMEIDA et al., 1999).

Também, no Brasil, o melhoramento genético da soja tem sido direcionado para a obtenção de cultivares como fonte alternativa de combustível, sendo testado por instituições de pesquisa, como a Embrapa e várias Universidades, em diferentes cidades brasileiras (ROCHA, 2009).

Em relação ao emprego da biotecnologia no melhoramento genético, é conhecido que esta tem sido utilizada pelo homem desde que as plantas e os animais foram domesticados pela primeira vez, há milhares de anos. Em seu sentido mais simplista, é a utilização genética de organismos vivos. Por isso, todas as variedades cultivadas atualmente, incluindo a soja, tiveram seu DNA manipulado. Mais recentemente, a biotecnologia implica em uma manipulação do DNA de organismos vivos, geralmente através do uso de engenharia genética, em que os genes são transferidos através de um vetor a partir de um organismo para outro, ignorando a reprodução sexual. Na soja, os métodos podem incluir a engenharia genética, tecnologia de DNA recombinante, fusão celular e a variação somaclonal (SLEPER; SHANNON, 2003).

Logo, o cruzamento de diferentes genótipos que iniciaram transformando o comportamento primordial da soja – de rasteiro para arbustivo – culminou na incorporação de um gene exótico à soja, gene este que a torna apta a produzir novas substâncias e resistente ao princípio ativo do herbicida glifosato – Roundup Ready® (RR), além de insetos praga (MENEGATTI; BARROS, 2007).

No sistema de cultivo convencional, o glifosato é aplicado como dessecante e também na pós-emergência das plantas infestantes (ABREU; MATTA; MONTAGNER, 2008). A soja transgênica possibilita o uso do glifosato em pós-

semeadura, que facilita o manejo das plantas daninhas, reduz despesas com tratos culturais e diminui impactos ao meio ambiente (BERTAGNOLLI; TILLMANN; VILLELA, 2006).

A soja RR foi desenvolvida pela Companhia Monsanto na década de 1980, juntamente com a empresa Asgrow Seed (KLEBA, 1998; MENEGATTI; BARROS, 2007). Foi inserido em células matrizes da soja um gene da *Agrobacterium* sp., através de bombardeamento de microprojéteis, dando origem a uma soja com dupla expressão da enzima 5-enolpiruvilchiquimato-3-fosfato sintase (EPSPS): uma original, que é desativada com a aplicação do herbicida e outra da *Agrobacterium* sp., que é tolerante ao herbicida (KLEBA, 1998). A enzima EPSPS mantém ativa a via biossintética de aminoácidos aromáticos (BOHM et al., 2008), que geralmente, é inibida pela ação do glifosato. O gene codificador dessa enzima pode ser utilizado como marcador de fecundação cruzada, entre duas variedades puras e contrastantes (PEREIRA et al., 2007).

As características de primeira geração introduzidas em variedades de soja, por meio da biotecnologia foram aquelas relacionadas à resistência a herbicidas, sendo a resistência ao glifosato a de maior impacto. Contudo, é importante ressaltar que a biotecnologia moderna, não visa a substituição da pesquisa clássica em melhoramento de plantas, mas o seu aperfeiçoamento e eficiência (SLEPER; SHANNON, 2003).

2.2. Modelos mistos na seleção de genótipos

Tanto o desenvolvimento de novas cultivares bem como a recomendação de novas variedades exige uma seleção a ser feita entre um conjunto maior de genótipos candidatos, buscando-se estimar valores genotípicos (PIEPHO et al., 2008). Logo, o problema central do melhoramento genético é a predição dos valores genéticos dos vários candidatos à seleção, e esta predição necessita de componentes de variância conhecidos ou estimados com precisão (RESENDE, 2004).

Anteriormente, pelo método dos quadrados mínimos, as covariâncias foram estimadas e interpretadas em termos da sua esperança matemática, resultando em componentes de variância. Para isso, algumas suposições tiveram que ser feitas: modelo de aditividade, distribuição normal dos dados, independência e homogeneidade dos erros. Atualmente, os componentes de variância e as variâncias dos efeitos aleatórios em modelos lineares mistos podem ser estimados diretamente no conjunto de dados, em que não é necessária para atender às premissas acima (CARVALHO; FRITSCH NETO; GERALDI, 2008).

Quando o modelo apresenta todos os demais efeitos fixos ele é denominado de modelo linear fixo; quando o modelo linear apresenta, além do erro experimental, outros efeitos aleatórios em comum com outros efeitos fixos, além da média, é denominado de modelo misto. Nos modelos lineares mistos, o êxito da modelagem está diretamente ligado às estruturas de variâncias e covariâncias das variáveis aleatórias que são explicadas por fatores aleatórios, após a eliminação dos efeitos fixos, e da caracterização dos efeitos residuais. Os modelos lineares, nos parâmetros, possuem pelo menos um efeito aleatório designado por erro experimental (PEREIRA; GRAVINA; THIÉBAUT, 2012).

Os modelos mistos lineares fornecem a base para um grande segmento da análise estatística dos dados, e este tem sido um dos tópicos mais desenvolvidos e pesquisados em estatística. Sua evolução resultou em grande parte da investigação em aplicações de ciências agrárias e de saúde, combinados com os avanços da computação (LITTELL, 2002).

O modelo misto de seleção foi apresentado por Henderson, em 1973, porém, muito antes havia sido concebido por ele mesmo por volta de 1949, quando era aluno da disciplina de Matemática e estatística, ministrada por Mood, ao resolver um problema estatístico simples, utilizando a melhor predição linear não viesada (BLUP) (RESENDE, 2004, 2007a). No BLUP, a média populacional é a mesma para todos os tratamentos genéticos, uma vez que, em termos de processo de estimação, se trata de uma mesma população (GONÇALVES; FRITSCH NETO, 2012).

Por sua vez, o procedimento REML foi criado pelos pesquisadores ingleses Desmond Patterson e Robin Thompson em 1971, e hoje se constitui na metodologia padrão para a análise estatística em uma grande gama de aplicações. O REML é

uma generalização da ANOVA para situações mais complexas. Para situações simples, com balanceamento experimental, os dois procedimentos são equivalentes, mas para as situações mais complexas encontradas na prática, a ANOVA é um procedimento apenas aproximado (RESENDE, 2004, 2007a).

Tem-se, assim, o procedimento ótimo de predição de valores genéticos, como sendo o BLUP e o procedimento ótimo de estimação de componentes de variância, como sendo o REML. As principais vantagens práticas do REML/BLUP são: permite a comparação de indivíduos ou variedades através do tempo (gerações, anos) e espaço (locais, blocos); permite a simultânea correção para os efeitos ambientais, estimação de componentes de variância e predição de valores genéticos; permite lidar com estruturas complexas de dados (medidas repetidas, diferentes anos, locais e delineamentos); pode ser aplicado a dados desbalanceados e a delineamentos não ortogonais. No caso de dados desbalanceados, a ANOVA conduz a imprecisas estimativas de componentes de variância e conseqüentemente a predições não acuradas de valores genéticos (RESENDE, 2004; STURION; RESENDE, 2010).

Além disso, a utilização de modelos mistos para estimação de parâmetros melhora o entendimento de mecanismos genéticos, é necessária para predição de valores genéticos (índice de seleção/ BLUP) e para aperfeiçoar programas de melhoramento e a predição de respostas (GONÇALVES; FRITSCH NETO, 2012).

Os preditores BLUP e estimadores REML são usados nas várias situações associadas aos diferentes delineamentos experimentais. Numerosos protocolos de estudo e projetos de pesquisa experimentais e observacionais produzem dados para os quais os modelos mistos são apropriados, tais como: blocos ao acaso, látice, linha e coluna, blocos aumentados. São usados também associados aos vários delineamentos de cruzamentos, tais como progênies de polinização aberta, cruzamentos dialélicos, fatoriais, hierárquicos e testes clonais. O BLUP também tem sido importante na predição de híbridos simples de milho e de outras espécies. Os delineamentos mais complexos como os dialélicos e fatoriais permitem uma grande gama de inferências, tais quais aquelas sobre os efeitos aditivos (capacidade geral de combinação), efeitos de dominância e da capacidade específica de combinação bem como suas variâncias, tanto em nível individual quanto ao nível de famílias (LITTELL et al., 2006; RESENDE, 2002; RESENDE, 2004).

Também, os delineamentos de cruzamentos associados à autofecundações podem ser analisados via REML/BLUP. Em espécies autógamas é comum a avaliação, em várias gerações de autofecundação, de linhagens obtidas a partir de cruzamentos entre dois genitores divergentes. E, em espécies de reprodução vegetativa (como a cana-de-açúcar e espécies forrageiras) o procedimento BLUP é o ideal na seleção de indivíduos para clonagem na fase inicial do melhoramento, considerando simultaneamente as informações do indivíduo, da família, do delineamento experimental e do parentesco entre famílias e genitores (RESENDE, 2004).

No caso da análise de modelos mistos com dados desbalanceados, os efeitos do modelo não são testados via testes F, tal como se faz no método de análise de variância. Nessa situação, para os efeitos aleatórios, o teste cientificamente recomendado é o teste da razão de verossimilhança (LRT). Para os efeitos fixos, um teste F aproximado pode ser usado. Um quadro similar ao quadro de análise de variância pode ser elaborado, sendo denominado análise de deviance (ANADEV), e é estabelecido segundo os seguintes passos (RESENDE, 2007b; STURION; RESENDE, 2010):

- a) Obtenção do logaritmo do ponto de máximo da função de verossimilhança residual (L) para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- b) Obtenção da deviance $D = -2 \log L$ para modelos com e sem o efeito a ser testado;
- c) Obtenção da diferença entre as deviances para os modelos sem e com o efeito a ser testado, alcançando a razão de verossimilhança (LR);
- d) Teste via LRT da significância dessa diferença usando o teste qui-quadrado com 1 grau de liberdade.

2.3. Abordagens multivariadas

A análise multivariada se refere ao conjunto de técnicas estatísticas que analisam simultaneamente múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos de

investigação. Qualquer análise simultânea de mais do que duas variáveis pode ser considerada, a princípio, como multivariada (HAIR et al., 2007).

Os métodos estatísticos que são descritos em textos básicos são na maioria métodos univariados, tratando somente da análise de variação em uma única variável. Por outro lado, a grande vantagem de avaliar muitas variáveis relacionadas simultaneamente, está em considerá-las igualmente importantes, pelo menos inicialmente (MANLY, 2008).

Técnicas de análise multivariada são muito úteis na análise experimental, principalmente nas áreas de biometria (incluindo agrometria), psicometria, quimiometria e tecnometria (RESENDE, 2007a), isso, porque existem vários métodos de análises, com finalidades bem diversas entre si. Conseqüentemente, o passo inicial é saber que conhecimento se pretende gerar, ou seja, que tipo de hipótese se quer gerar a respeito das observações (VICINI; SOUZA, 2005).

Dentre os métodos multivariados existentes, a “análise de componentes principais” é uma ferramenta que ajuda a reduzir o número de variáveis que necessitam ser consideradas a um número menor (chamados de componentes principais) os quais são combinações lineares das variáveis originais. A “análise de fatores” tem por objetivo estudar a variação em uma quantidade de variáveis originais usando um número menor de variáveis índices ou fatores (MANLY, 2008).

No melhoramento genético, métodos multivariados têm sido aplicados na predição da diversidade genética. A escolha da técnica baseia-se na precisão desejada pelo pesquisador, bem como na facilidade da análise e na forma como as observações foram obtidas (BEZERRA NETO et al., 2010). Como exemplo, tem-se: análise de dissimilaridade, análise de componentes principais, variáveis canônicas e métodos de agrupamento como Tocher, UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), vizinho mais próximo e vizinho mais distante (SOUZA, 2011).

Análises multivariadas vêm sendo aplicadas, também, para estudo de múltiplos caracteres e em múltiplos experimentos, na avaliação da interação genótipo por ambiente. Como por exemplo, tem-se o AMMI (*Additive Main effects and Multiplicative Interaction*) e GGE Biplot (*Genotype plus Genotype by Environment*), que são os mais aplicados no melhoramento de plantas. Ainda, é possível realizar estudos utilizando abordagem multivariada e modelos mistos,

considerando os efeitos genotípicos como aleatórios. O modelo FAMM (Fator Analítico Multiplicativo Misto) e a técnica PCA (*PCAM models – Principal Component Analysis under Mixed models*) são exemplos dessa combinação (PEIXOUTO, 2013; RESENDE, 2007a).

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1. Material genético, local do experimento e características agronômicas

O presente estudo foi realizado por meio da avaliação de populações segregantes de soja provenientes do cruzamento entre linhagens convencionais pertencentes à Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP, Campus Jaboticabal, que são genótipos amplamente adaptados, e cultivares comerciais portadoras do gene RR, do grupo MSOY RR. A listagem dos cruzamentos e genitores utilizados para formação das populações encontra-se na Tabela 1.

Tabela 1. Genealogias de cruzamentos realizados entre genitores convencionais e portadores do gene de resistência ao glifosato (RR), com os respectivos números atribuídos a cada cruzamento. Jaboticabal, SP.

Número do cruzamento	Genitor convencional UNESP/FCAV		Genitor RR Monsoy
C1	JAB.04-1/5A4D	X	M 7639 RR
C2	JAB.04-1/5A4D	X	M 8230 RR
C3	JAB.04-1/5A4D	X	M 8360 RR
C4	JAB.04-1/5A4D	X	M 8921 RR
C5	JAB.03-3/1C3D	x	M 7211 RR
C6	JAB.03-3/1C3D	x	M 7578 RR
C7	JAB.03-3/1H1D	x	M 7578 RR
C8	JAB.03-3/1H1D	x	M 7908 RR
C9	JAB.03-3/1H1D	x	M 8336 RR
C10	JAB.03-3/1H2D	x	M 7211 RR
C11	JAB.03-3/1H2D	x	M 7639 RR
C12	JAB.03-3/1H2D	x	M 7908 RR
C13	JAB.03-3/1H2D	x	M 8336 RR
C14	JAB.03-3/1H2D	x	M 8360 RR
C15	JAB.01-21/4M1D	x	M 7639 RR
C16	JAB.01-21/4M1D	x	M 8230 RR
C17	JAB.01-21/4M1D	x	M 8336 RR
C18	JAB.05-5/4A2D	x	M 7578 RR
C19	JAB.05-5/4A2D	x	M 7908 RR
C20	JAB.05-5/4A2D	x	M 8221 RR
C21	JAB.05-1/5C3B	x	M 7211 RR

Continuação Tabela 1

Número do cruzamento	Genitor convencional UNESP/FCAV		Genitor RR Monsoy
C22	JAB.05-1/5C3B	x	M 7639 RR
C23	JAB.05-1/5C3B	x	M 8211 RR
C24	JAB.05-1/5C3B	x	M 8336 RR
C25	JAB.05-1/5C3B	x	M 8360 RR
C26	JAB.05-8/2D3C	x	M 7211 RR
C27	JAB.05-8/2D3C	x	M 7636 RR
C28	JAB.05-8/2D3C	x	M 7908 RR
C29	JAB.05-8/2D3C	x	M 8336 RR
C30	JAB.06-2/3I3D	x	M 8230 RR
C31	JAB.06-2/3I3D	x	M 8236 RR
C32	JAB.06-2/2C1D	x	M 7211 RR
C33	JAB.02-26/1K1B	x	M 7211 RR
C34	JAB.02-30/1G4A	X	M 8360 RR
C35	JAB.02-3/6A4D	X	M 7211 RR
C36	JAB.02-3/6A4D	X	M 8360 RR
C37	JAB.02-3/6A4D-1	X	M 8360 RR

Na geração F₆, 202 genótipos de soja foram avaliados em um ensaio no ano agrícola 2013/2014, na área experimental da Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão - FEPE da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias/UNESP, campus de Jaboticabal, SP. Utilizou-se o delineamento experimental de blocos aumentados de Federer, com parcelas compostas por fileiras de 5 m de comprimento, com espaçamento entre linhas de 0,45m. Quatro cultivares padrões foram utilizadas como testemunhas intercalares, sendo duas convencionais ('CODETEC-216' e 'Vmax') e duas portadoras do gene RR ('BMX-Força RR' e BRS 'Valiosa RR').

Foram avaliadas as seguintes características agrônômicas, em seis plantas por parcela, nos estádios R1-R2:

- Número de dias para florescimento (NDF) - definido como o período entre a data de emergência das plantas até a data em que estavam apresentando 50% das flores abertas;
- Altura da planta no florescimento (APF) - obtido pela distância do colo da planta até o ápice da haste principal, em centímetros (cm).

No estádio R8 foram avaliadas as seguintes características:

- a) Número de dias para a maturidade (NDM) (FEHR; CAVINESS, 1977) - período compreendendo o período entre a data da semeadura e a data em que 50% das plantas da área útil se encontravam com 95% das vagens maduras;
- b) Altura da planta na maturidade (APM) - distância da haste principal entre o colo e a inserção da vagem mais distal, expressa em centímetros (cm);
- c) Altura de inserção da primeira vagem (AIV) - distância desde a superfície do solo até a inserção da primeira vagem, expressa em cm;
- d) Acamamento (AC) - avaliado através de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas);
- e) Valor agrônômico (VA) - avaliado através de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agrônômicas ruins) a 5 (plantas com ótimas características agrônômicas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais adaptativos: arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens e retenção foliar na maturação;
- f) Número de ramos por planta (NR) - número total de ramos unidos à haste principal da planta;
- g) Número de nós por planta (NN) - contagem do número de internódios presentes na planta;
- h) Número de vagens por planta (NV) - número total de vagens por planta com sementes formadas;
- i) Produção de grãos (PG) - caráter obtido através do peso dos grãos das plantas individuais avaliadas, após a colheita, beneficiamento das plantas e posterior secagem dos grãos (até a umidade de 13%), sendo expressa em gramas por planta;
- j) Peso de cem sementes (PCS) - obtido por meio da pesagem de quatro amostras de cem sementes, através de uma balança de precisão de um grama.

3.2. Análises estatístico-genéticas

Foi realizada análise confirmatória das populações segregantes em estudo, procedendo-se os testes de normalidade de Shapiro e Wilk, utilizando os PROC's UNIVARIATE e TRANSREG no software SAS 9.3 (SAS INSTITUTE, 2011).

3.2.1. Estimativa de parâmetros genéticos por meio de modelo misto

Os parâmetros genéticos foram estimados via REML (máxima verossimilhança restrita), sendo as médias genótípicas (geração F₆) ajustadas e estimadas pelo procedimento BLUP (melhor predição linear não viesada).

Procedeu-se o teste de razão de verossimilhança (LRT), a ANADEV, para as características avaliadas no experimento, sendo a significância verificada pelo teste do Qui-quadrado a 5% e 1% de probabilidade (NELDER; WEDDERBURN, 1972).

Considerando-se o delineamento experimental em blocos aumentados de Federer, os dados foram analisados matricialmente com o seguinte modelo estatístico (RESENDE, 2007b):

$$y = X_f + Z_g + W_b + e$$

Onde: y é o vetor de dados; f é o vetor dos efeitos assumidos como fixos (média geral); g é o vetor dos efeitos genotípicos (assumidos como aleatórios); b é o vetor dos efeitos ambientais de blocos (assumidos como aleatórios); e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios); X , Z e W representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos (f , g , e e , respectivamente).

A distribuição e estruturas de médias e variâncias são dadas a seguir, conforme BARRETO e RESENDE (2011):

$$E \begin{bmatrix} y \\ g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} Xf \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}; \quad Var \begin{bmatrix} g \\ b \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} I\sigma^2 & 0 & 0 \\ 0 & I\sigma^2 & 0 \\ 0 & 0 & I\sigma^2 \end{bmatrix}$$

As equações de modelo misto para o modelo adotado são (BARRETO; RESENDE, 2011):

$$\begin{bmatrix} X'X & X'Z & X'W \\ Z'X & Z'Z + I\lambda_1 & Z' \\ W'X & W'Z & W'W + II\lambda_2 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{f} \\ \hat{g} \\ \hat{b} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ Z'y \\ W'y \end{bmatrix}$$

Em que:

$$\lambda_1 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_g^2} = \frac{1-h_g^2-b^2}{h_g^2}; \quad \lambda_2 = \frac{\sigma_e^2}{\sigma_b^2} = \frac{1-h_g^2-b^2}{b^2}$$

h_g^2 = herdabilidade de parcelas individuais.

b^2 = coeficiente de determinação dos efeitos de blocos.

σ_g^2 = variância genotípica entre linhagens.

σ_b^2 = variância entre blocos.

σ_e^2 = variância residual entre parcelas.

As análises estatísticas para modelos mistos foram realizadas, utilizando-se o procedimento para análise linear PROC MIXED (SAS INSTITUTE, 2011).

3.2.2. Seleção de genótipos por meio de análises multivariadas

Considerando a estrutura de dependência contida nos conjunto original das características avaliadas, a seleção de genótipos foi feita por abordagens envolvendo técnicas estatísticas exploratórias multivariadas. Adotou-se a técnica multivariada conhecida por análise de fatores, procedendo o método de componentes principais, calculado a partir da matriz de correlações. No presente estudo, utilizou-se como método de rotação dos fatores varimax.

O modelo para a análise de fatores geral é descrito (MANLY, 2008):

$$X_i = a_{i1}F_1 + a_{i2}F_2 + \dots + a_{im}F_m + e_i$$

Em que: X_i é o i-ésimo escore do teste com média zero e variância unitária; a_{i1} a a_{im} são as cargas dos fatores para o i-ésimo teste; F_1 a F_m são m fatores comuns não correlacionados, cada um com média zero e variância unitária; e e_i é

um fator específico somente para o i-ésimo teste que não é correlacionado como qualquer dos fatores comuns e tem média zero.

Um processo é identificado no fator, segundo as características com cargas mais representativas (acima de 0,50). Os processos, identificados nos fatores, podem ser denominados como processos agronômicos de seleção.

As características consideradas no processamento da análise de fatores foram as médias genóticas estimadas pelo procedimento BLUP, das características NDF, APF, NDM, APM, AIV, AC, VA, NR, NN, NV, PG e PCS, na geração F₆ estudada.

A discriminação dos genótipos, considerando todas as características, e depois para cada processo individual, foi feita por análise de componentes principais. Verificou-se as seguintes propriedades (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2012):

a) Y_{ij} como um componente principal, onde:

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

b) Y_{ij} como outro componente principal, onde:

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

e

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

$$\sum_j a_j b_j = 0$$

Ou seja, os componentes são não correlacionados.

c) Em todos os componentes, Y_{i1} apresentou a maior variância, Y_{i2} a segunda maior, e assim sucessivamente.

Em que: x_{i1} é a média padronizada do j-ésimo caráter ($j = 1, 2, \dots, n$) avaliada no i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, p$) e R a matriz de correlações entre os caracteres, com base nos valores genotípicos.

Utilizou-se o critério de Kaiser (1958) na seleção dos componentes principais, onde somente são considerados os autovalores acima da unidade, pois são os que geram componentes com quantidade relevante da informação original.

Em cada gráfico biplot, resultante da análise de componentes principais, foram geradas duas elipses: uma elipse com diâmetro menor, entre -2 e 2 ($\alpha \approx 5\%$), e outra com diâmetro maior, entre -4 e 4 ($\alpha < 0.01$). Os genótipos localizados fora de cada elipse foram considerados genótipos com propriedades específicas para seleção.

Após a padronização das variáveis (média = 0 e variância = 1), as análises foram processadas com o auxílio do software computacional STATISTICA versão 7 (STATSOFT, 2004).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise da deviance, ANADEV (NELDER; WEDDERBURN, 1972), detectou diferenças significativas pelo teste do Qui-quadrado (LRT), a 1% de probabilidade, para as seguintes características agronômicas: número de dias para o florescimento (NDF), altura de planta no florescimento (APF), altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de nós (NN), número de vagens (NV), produção de grãos (PG) e peso de cem sementes (PCS) (Tabela 2). Isto indica uma alta variabilidade para a população em estudo, em relação a essas características. Também, indica que os componentes da variância são significativamente diferentes de zero, bem como seus respectivos coeficientes de determinação (RESENDE, 2007a). Houve destaque para PG e NV que apresentaram maiores variações (LRT= 62,9 e LRT= 53,3, respectivamente).

Contudo, as características agronômicas número de dias para a maturação (NDM), acamamento (AC), valor agronômico (VA) e número de ramos (NR), não foram significativas pelo teste do Qui-quadrado a 5% de probabilidade (Tabela 2). Este resultado pode indicar um estreitamento da variação genética, como resultado de menor divergência entre os parentais, sendo pouco contrastantes para as características analisadas. Foi observado no presente estudo são os valores LRT= 0, para as variáveis NDM, AC e NR, que corresponde à ausência de variabilidade genética.

Para o caráter NDF, que apresentou variabilidade, tal fato pode ter sido devido à presença de cultivares mais precoces e mais tardias na elaboração dos cruzamentos, tendo tal caráter, igual importância a NDM, que foi não significativo. Ressalta-se que, a estimativa da data de florescimento e de outros estádios de desenvolvimento em soja é bastante relevante para o manejo da cultura, como também para uso em modelos de crescimento e produção. Tais informações podem colaborar no manejo da cultura em situações adversas, como falta de água e acamamento (RODRIGUES et al., 2001). Logo, de acordo com as condições climáticas da região, torna-se possível escalonar o plantio e a colheita (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRI, 2011).

Tabela 2. Análise de deviance (ANADEV) das variáveis agronômicas avaliadas no experimento com populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

NDF ⁽¹⁾			APF ⁽²⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1571,9 ⁺	8,6**	Genótipo	1868,1 ⁺	7,7**
Modelo	1563,3		Modelo	1860,4	
NDM ⁽³⁾			APM ⁽⁴⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1681,9 ⁺	0	Genótipo	1986,2 ⁺	21,5**
Modelo	1681,9		Modelo	1964,7	
AIV ⁽⁵⁾			AC ⁽⁶⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1430,1 ⁺	11**	Genótipo	532,5 ⁺	0
Modelo	1419,1		Modelo	532,5	
VA ⁽⁷⁾			NR ⁽⁸⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	605,4 ⁺	3	Genótipo	954 ⁺	0
Modelo	602,4		Modelo	954	
NN ⁽⁹⁾			NV ⁽¹⁰⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1182,8 ⁺	14,5**	Genótipo	2347,5 ⁺	53,3**
Modelo	1168,3		Modelo	2294,2	
PG ⁽¹¹⁾			PCS ⁽¹²⁾		
Efeito	Deviance	LRT	Efeito	Deviance	LRT
Genótipo	1765,3 ⁺	62,9**	Genótipo	1018,3 ⁺	21,3**
Modelo	1702,4		Modelo	997	

⁽¹⁾Número de dias para o florescimento; ⁽²⁾Altura da planta no florescimento (cm); ⁽³⁾Número de dias para a maturidade; ⁽⁴⁾Altura da planta na maturidade (cm); ⁽⁵⁾Altura de inserção da primeira vagem (cm); ⁽⁶⁾Acamamento; ⁽⁷⁾Valor agrônômico; ⁽⁸⁾Número de ramos; ⁽⁹⁾Número de nós; ⁽¹⁰⁾Número de vagens; ⁽¹¹⁾Produção de grãos (g.planta⁻¹); ⁽¹²⁾Peso de cem sementes (g.planta⁻¹).

**LRT (teste de razão de verossimilhança) – Qui-quadrado tabelado: 3,84 e 6,63 para os níveis de significância de 5% e 1%, respectivamente.

⁺Deviance do modelo ajustado sem o referido efeito.

A avaliação de APF está associada com a busca de cultivares mais precoces e com boa produtividade. Genótipos que apresentam maior altura no florescimento tendem a apresentar maiores produtividades e em ciclos mais curtos, caso possuam menores NDF. Carvalho et al. (2002) relataram que essa variável pode auxiliar na seleção para produtividade, sendo muito eficiente na seleção de linhagens mais produtivas. Observaram também que APM apresentou correlações positivas com

produtividade, porém APF apresentou valores ligeiramente superiores de correlações com produtividade.

Por sua vez, a AIV (altura da inserção da primeira vagem) ideal para a maioria das condições das lavouras de soja, está em torno de 15,0 cm, embora colhedoras mais modernas possam efetuar boa colheita com plantas apresentando primeira vagem a 10,0 cm (ROCHA et al., 2012). Contudo, é uma característica que não tem apresentado correlações significativas com produção de grãos (MUNIZ et al., 2002).

Em relação à NN (número de nós) e NV (número de vagens), estudos têm demonstrado correlações positivas com produção de grãos (ARSHAD; ALI; GHAFOR, 2006; DALCHIAVON; CARVALHO, 2012; MUNIZ et al., 2002), contribuindo também, na seleção indireta de genótipos.

As características PG e PCS são bastante correlacionadas (ARSHAD; ALI; GHAFOR, 2006), onde PG é a produção individual da planta e PCS está relacionada com o vigor das sementes e conseqüentemente da planta, sendo, também, um componente de produção.

Para as características estudadas, buscam-se genótipos com maiores PG, maiores VA, mais precoces (menores NDF e NDM), resistentes ao acamamento ($AC = 1$), com APM variando de 0,80 a 1,0 m e com AIV maior ou igual a 10,0 cm. Para as demais características (NDF, APF, NR, NN, NV e PCS), busca-se através dessas potencializar a seleção de genótipos, através das correlações entre essas com as outras características de maior importância.

Pela estimativa dos parâmetros genéticos e das médias genotípicas das características avaliadas, via REML/BLUP, pode-se observar coeficientes de variação genético (CVg) e ambiental (CVe), variando de 0,83 a 92,0% e 6,70 a 69,5%, respectivamente (Tabela 3). A relação CVg/CVe apresentou-se para as variáveis NDF, APF, APM, AIV, NN, NV, PG e PCS valores maiores que a unidade. Exceto, porém, para as variáveis que se mostraram, pela análise da deviance (teste do Qui-quadrado), não significativas: NDM, AC, VA e NR. Esses resultados podem indicar baixa precisão experimental ou maior número de genes controlando a característica e, por serem menores que a unidade, indica condições pouco favoráveis para a seleção de genótipos para essas características (MISTRO et al., 2004).

Tabela 3. Parâmetros genéticos e estatística descritiva das variáveis agronômicas avaliadas em experimento com populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Componentes da variância ⁽¹⁾	Variáveis agronômicas ⁽²⁾											
	NDF	APF	NDM	APM	AIV	AC	VA	NR	NN	NV	PG	PCS
σ_g^2	21,8	74,9	0,9	191,6	13,3	0,02	0,23	0,02	5,71	1080,5	95,4	2,92
σ_b^2	18,6	66,2	57,0	57,4	9,2	0,44	0,42	2,67	2,51	101,8	66,0	1,14
σ_f^2	40,4	141,1	57,9	249,1	22,5	0,45	0,66	2,69	8,23	1182,3	102,0	4,06
σ_e^2	2,32	10,54	7,6	10,92	1,98	0,04	0,0002	0,21	0,26	9,10	1,81	0,09
CVg	12,3	10,48	0,83	14,13	24,20	9,46	13,08	6,69	16,58	68,52	92,0	12,3
CVe	11,3	9,9	6,7	7,7	20,2	50,6	17,6	69,5	11,0	21,0	24,2	7,7
CVg/CVe	1,08	1,06	0,12	1,83	1,20	0,19	0,74	0,10	1,51	3,26	3,80	1,6
DPg	4,67	8,66	0,93	13,84	3,64	0,12	0,48	0,16	2,39	32,87	9,77	1,71
h ² (%)	27,0	26,54	0,75	38,47	29,50	1,69	17,77	0,46	34,73	45,69	36,0	46,8
Média Geral	38,1	82,58	112,7	97,97	15,05	1,31	3,70	2,35	14,42	47,97	10,6	13,9

⁽¹⁾ σ_g^2 = variância genotípica; σ_e^2 = variância ambiental; σ_f^2 = variância fenotípica; ⁽¹⁾ σ_g^2 = variância genotípica; σ_e^2 = variância ambiental; σ_f^2 = variância fenotípica; σ_b^2 = variância ambiental entre blocos; h² (%) = herdabilidade; DPg = desvio padrão genético; CVg = coeficiente de variação genético; CVe = coeficiente de variação ambiental; CVg/CVe = relação do coeficiente de variação genético de maturidade; APF = Altura da planta na maturidade (cm); AIV = Altura de inserção da primeira vagem (cm); AC = Acamamento; VA = Valor agronômico; NR = Número de ramos; NN = Número de nós; NV = Número de vagens; PG = Produção de grãos (g.planta⁻¹); PCS = Peso de cem sementes (g.planta⁻¹); PROD = Produtividade (kg.ha⁻¹).

⁽²⁾ NDF = Número de dias para o florescimento; APF = Altura da planta no florescimento (cm); NDM = Número de dias para a maturidade; APF = Altura da planta na maturidade (cm); AIV = Altura de inserção da primeira vagem (cm); AC = Acamamento; VA = Valor agronômico; NR = Número de ramos; NN = Número de nós; NV = Número de vagens; PG = Produção de grãos (g.planta⁻¹); PCS = Peso de cem sementes (g.planta⁻¹); PROD = Produtividade (kg.ha⁻¹).

Os coeficientes de herdabilidade (h^2) estimados foram baixos para todas as características estudadas, sendo este um aspecto não desejado dentro do programa de melhoramento. Esse é um parâmetro que demonstra o potencial para seleção dentro de experimentos (BORGES; FERREIRA; et al., 2010). Contudo, os valores aqui apresentados foram obtidos pelo método REML, que evita a superestimação da h^2 .

No geral, o que se observou no presente estudo é a presença de variáveis que isoladas apresentam pouca ou nenhuma variabilidade que caracterize uma seleção genotípica, bem como estimativas de herdabilidade muito baixas, considerando cada uma individualmente, principalmente, para as características agrônômicas de importância para a cultura da soja (NDM, VA e AC). Conseqüentemente, os ganhos genéticos obtidos serão baixos, devido à população em estudo ter sido submetida a vários processos seletivos, o que torna difícil a escolha por índice de seleção de genótipos. Mesmo com isso, a análise de fatores e componentes principais identificaram genótipos específicos e importantes para o programa de melhoramento.

Na Tabela 4, estão apresentados os resultados da análise de fatores, sendo caracterizados três processos agrônômicos com padrões distintos na seleção de genótipos, de acordo com a aptidão das informações das características agindo em conjunto no processo.

O primeiro fator (F1), responsável por 29,08% da variabilidade original, identificou um processo que agregou somente características de produção. Neste processo, NV, NR e PG se associam diretamente e inversamente com AIV. O segundo fator (F2), responsável por 29,74% da variabilidade remanescente, identificou um processo que agregou as características NDF, APF, NDM, APM e NN, associadas ao ciclo e ao porte das plantas e que se associam diretamente. O terceiro fator (F3), responsável por 12,77% da variabilidade remanescente, identificou um processo que agregou as características PCS (componente de produção), AC (acamamento), associadas de forma direta, e inversamente à VA (escore visual da qualidade do genótipo).

Tabela 4. Fatores e respectivas cargas fatoriais após rotação dos eixos fatoriais pelo método varimax para características estudadas em populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agronômicas	Cargas fatoriais após rotação*		
	F1	F2	F3
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	0,5769	0,2407	0,0187
Número de vagens (NV)	-0,9209	0,1039	0,0882
Número de ramos (NR)	-0,7949	-0,2283	0,0048
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	-0,8676	-0,1302	0,1318
Número de dias para o florescimento (NDF)	0,1668	0,7458	-0,1196
Altura da planta no florescimento (APF; cm)	0,2788	0,674	-0,1585
Número de dias para a maturidade (NDM)	0,208	0,5556	0,225
Altura da planta na maturidade (APM; cm)	0,1294	0,8198	-0,038
Número de nós (NN)	-0,1803	0,7597	0,0621
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	0,1565	-0,2682	0,5449
Acamamento (AC)	-0,1747	0,3775	0,6284
Valor Agronômico (VA)	0,2998	0,2314	-0,6812
Variância explicada (%)	29,08	29,74	12,77

*F1= primeiro fator; F2= segundo fator; F3= terceiro fator.

No gráfico biplot, gerado pela análise de componentes principais (Figura 1), vê-se que o processo formado por AIV, NV, NR e PG, discrimina os genótipos quanto à produção de grãos. Os genótipos localizados à esquerda em CP1, na parte externa da elipse maior, possuem maior produção, embora apresentem menor AIV (1, 50, 88, 165, 171, 172, 189 e 196) contrastando com o genótipo 36, localizado à direita, que é menos produtivo e que possui maior altura de inserção da primeira vagem.

Observa-se, no biplot da Figura 2, que o segundo processo (NDF, APF, NDM, APM e NN), à direita de CP1, na parte externa da elipse maior, discrimina o genótipo 126, com maior APF e NDM, contrastando com o genótipo 152, localizado à esquerda. O genótipo 184 também se localiza na região externa da elipse maior, caracterizado por menor NDF, APF e NDM e maior APM e NN. Busca-se genótipos mais precoces e altura variando de 0,80 a 1,0 m e o genótipo 152 o que mais se aproxima destas condições.

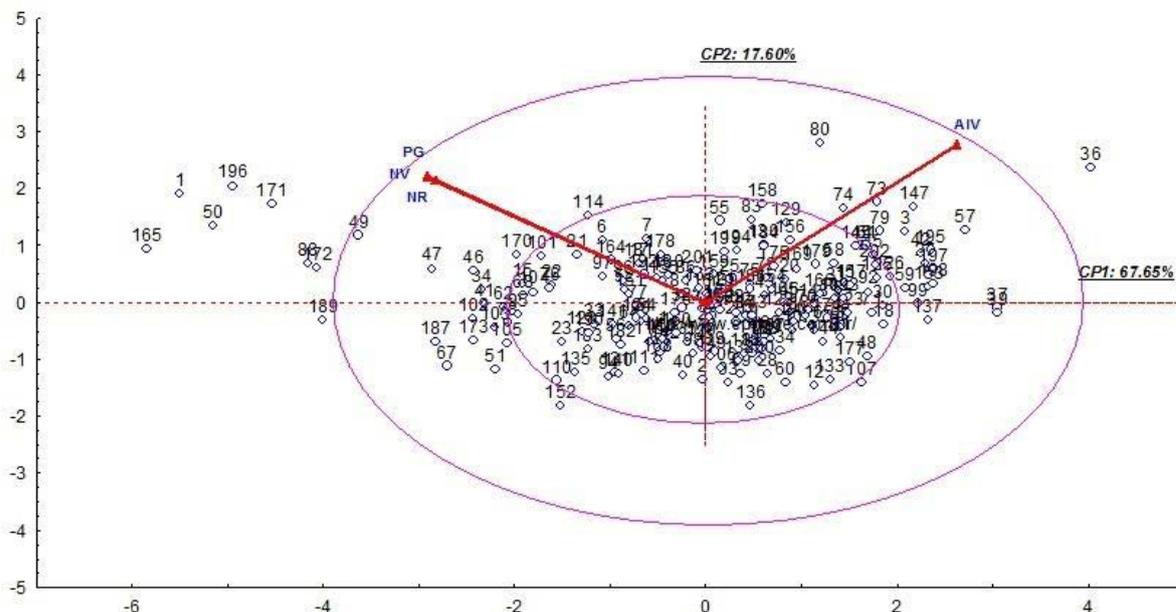


Figura 1. Análise de componentes principais das características do primeiro processo agrônomo de seleção, avaliadas em populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

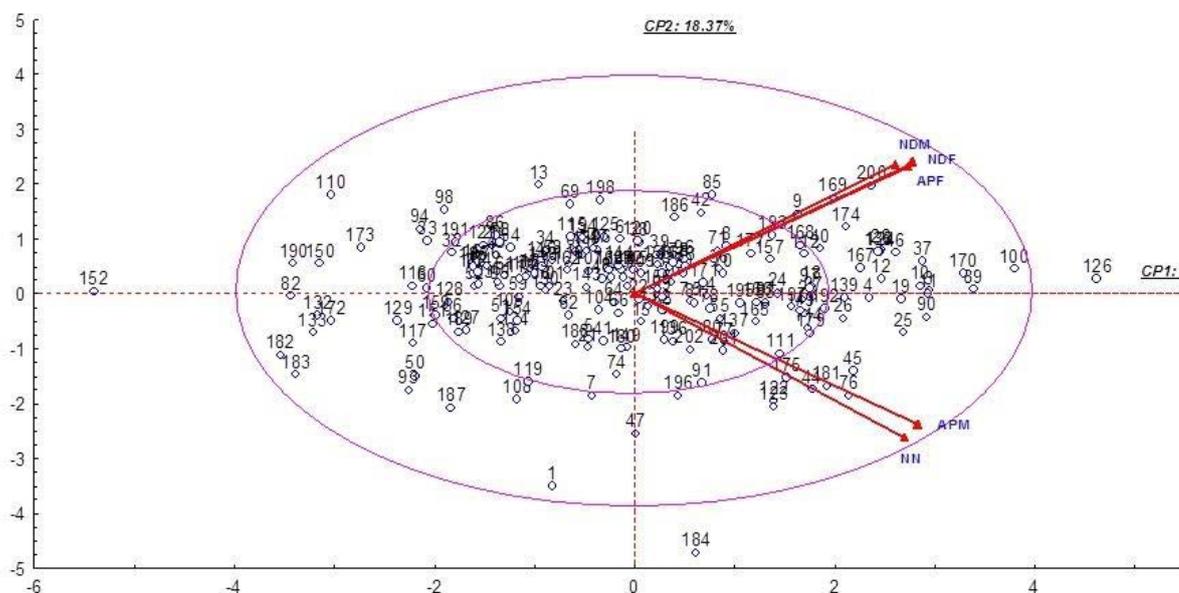


Figura 2. Análise de componentes principais das características do segundo processo agrônomo de seleção, avaliadas em populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

No biplot da Figura 3, à esquerda em CP1, na região compreendida entre as duas elipses, estão os genótipos 4, 26, 47, 56, 78, 94, 101, 112, 119 e 139, considerados como tendo propriedades específicas: mais acamados, com maiores PCS e menor escore visual. Dentre eles, se destacam os genótipos 4 e 139. Em contraste, os genótipos 31, 36, 40, 79, 126, 147 e 169 possuem boas características visuais, baixo AC, porém com menores PCS. O genótipo 118 possui alto valor de PCS, menor AC, no entanto baixo VA.

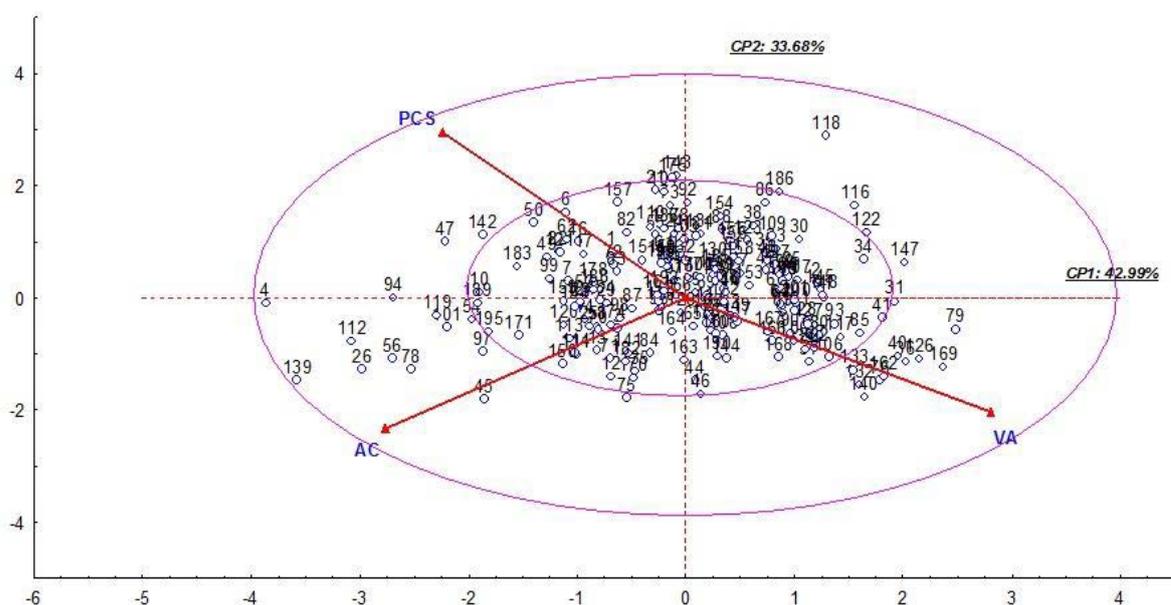


Figura 3. Análise de componentes principais das características do terceiro processo agrônomo de seleção, avaliadas em populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Uma análise de componentes principais, sem separação de processos foi processada com todas as variáveis, buscando também genótipos específicos (Figura 4). Observa-se uma discriminação em CP1, na região externa à maior elipse, dos genótipos 36, 37, 126 e 179, caracterizados por maior valor de NDF, APF, NDM, APM, NN, AC, AIV e VA e menor produção de grãos. Em contraste, os genótipos 1, 50, 88, 152, 165, 171, 172, 183 e 196 possuem maior produção de grãos, sendo

mais precoces, baixa estatura, mais resistentes ao acamamento e com valores menores para AIV e VA.

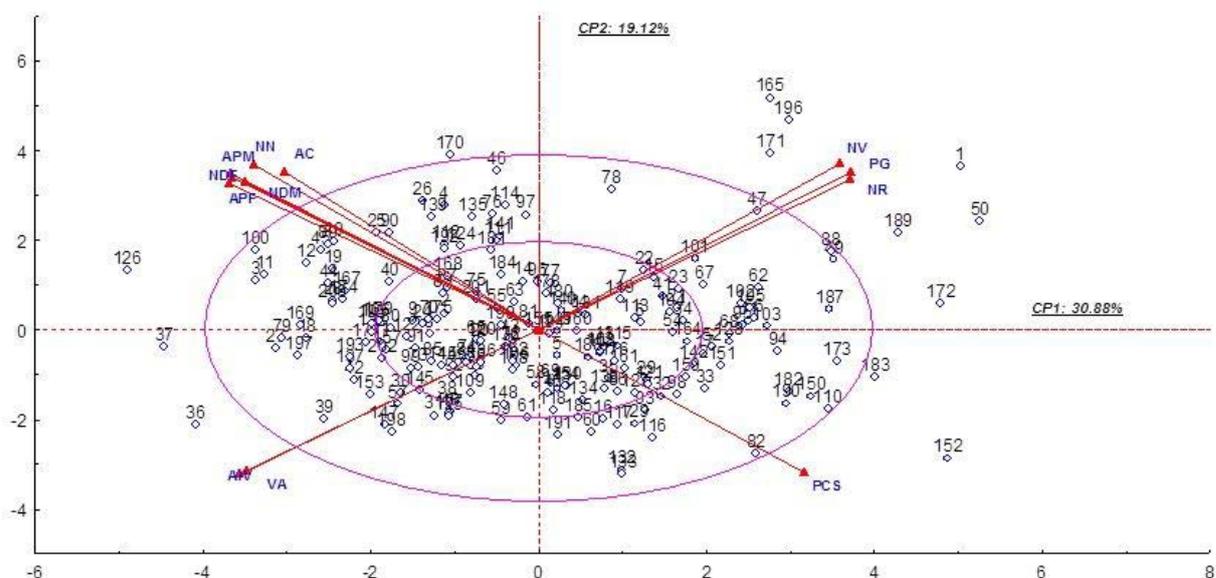


Figura 4. Análise de componentes principais das características avaliadas em populações de soja na geração F₆. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Considerando-se as características desejáveis no programa de melhoramento de soja, além da seleção dos genótipos mais produtivos, deve-se considerar também a escolha de genótipos mais precoces e de estaturas que não comprometam seu porte ereto. Contudo, corre-se o risco de selecionar genótipos com características agrônômicas ruins, desde que não use ferramentas adequadas, com menores escores para VA, bem como menores alturas de inserção da vagem, o que não é desejado, pois são características apreciadas na seleção de genótipos.

Na Tabela 5 encontram-se as médias genotípicas dos genótipos discriminados pela análise de componentes principais, considerando-se a seleção a favor das características desejáveis no programa de melhoramento. Das variáveis agrônômicas do processo 1, apenas NR é uma característica com pouca variabilidade, mas, que se encontra associada positivamente com PG. Para as

características do processo 2, NDM não apresenta variabilidade, apresentando-se com média constante para os genótipos; porém, essa característica está associada positivamente com NDF, que apresenta variabilidade nesse estudo. No processo 3, AC não apresenta variabilidade genética, enquanto VA apresenta-se com pouca variabilidade.

Tabela 5. Médias genotípicas de progênies de soja selecionados por componentes principais nas regiões externas às elipses (R1), entre as elipses (R2) e interiores à primeira elipse (R3). Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agrônômicas (Processo 1)	NG ¹	R1	NG ²	R2	NG ³	R3
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)		13,78		12,41		13,41
Número de vagens (NV)	8	137,51	11	83,08	58	59,03
Número de ramos (NR)		2,38		2,37		1,95
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)		35,09		22,10		13,87
Variáveis agrônômicas (Processo 2)	NG ¹	R1	NG ²	R2	NG ³	R3
Número de dias para o florescimento (NDF)		29,36		33,37		37,33
Altura da planta no florescimento (APF; cm)		73,49		75,71		79,62
Número de dias para a maturidade (NDM)	1	112,42	25	112,58	73	112,72
Altura da planta na maturidade (APM; cm)		29,36		33,37		37,33
Número de nós (NN)		9,64		12,16		13,66
Variáveis agrônômicas (Processo 3)	NG ¹	R1	NG ²	R2	NG ³	R3
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)		0,00		12,69		13,77
Acamamento (AC)	0	0,00	7	1,29	65	1,3
Valor Agronômico (VA)		0,00		4,27		3,89
Variáveis agrônômicas (Geral)	NG ¹	R1	NG ²	R2	NG ³	R3
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)		12,23		12,36		14,8
Número de vagens (NV)		128,59		70,75		47,5
Número de ramos (NR)		2,37		2,36		2,36
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)		35,66		20,33		10,29
Número de dias para o florescimento (NDF)		34,22		35,11		36,88
Altura da planta no florescimento (APF; cm)		76,39		77,29		79,31
Número de dias para a maturidade (NDM)	9	112,63	25	112,69	45	112,73
Altura da planta na maturidade (APM; cm)		89,96		85,61		92,26
Número de nós (NN)		14,97		12,98		13,82
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)		13,06		14,35		14,2
Acamamento (AC)		1,31		1,31		1,31
Valor Agronômico (VA)		3,40		3,47		3,67

NG¹ = número de genótipos selecionados na R1; NG² = número de genótipos selecionados na R2; NG³ = número de genótipos selecionados na R3.

Objetivando atender as necessidades do programa de melhoramento para a região de estudo, foram selecionados os genótipos, apresentados na Figura 4, com base nas variáveis do processo 1, uma vez que a seleção desses implicará em genótipos com bons componentes de produção, mais precoces e com menores portes. A seleção contrária à AIV e VA não comprometerá de forma negativa a escolha dos genótipos, pois além da baixa variabilidade observada em VA, indicando que as variações fenotípicas são em grande maioria causas de efeitos ambientais, nos genótipos selecionados, observa-se média de AIV acima do desejável para a cultura da soja.

Nas Tabelas 6, 7, 8 e 9 estão apresentadas as médias dos genótipos mais específicos, selecionados nas regiões externas às elipses, em comparação com a média geral observada para as características agronômicas avaliadas. As médias de cada genótipo são apresentadas para seleção através dos processos 1, 2, e 3, bem como para a análise simultânea das características.

Tabela 6. Médias genotípicas de progênies de soja selecionadas por componentes principais na região externa às elipses, pelo primeiro processo agronômico de seleção, em comparação com a média geral do experimento. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agronômicas	Genótipo 1		Genótipo 50		Genótipo 88		Genótipo 165		Média Geral
	Média	Dif. "*							
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	14,00	1,05	12,92	2,13	12,31	2,74	11,05	4,00	15,05
Número de vagens (NV)	149,57	101,06	154,83	106,86	148,73	100,76	214,61	166,64	47,97
Número de ramos (NR)	2,39	0,04	2,38	0,03	2,37	0,02	2,37	0,02	2,35
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	47,22	36,60	42,83	32,21	33,41	22,79	40,73	30,11	10,62
Variáveis agronômicas	Genótipo 171		Genótipo 172		Genótipo 189		Genótipo 196		Média Geral
	Média	Dif. "*							
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	14,51	0,54	12,34	2,71	9,79	5,26	15,10	0,05	15,05
Número de vagens (NV)	141,84	93,87	135,59	87,62	133,06	85,09	127,19	79,22	47,97
Número de ramos (NR)	2,38	0,03	2,38	0,03	2,36	0,01	2,40	0,05	2,35
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	42,70	32,08	29,34	18,72	36,92	26,30	41,12	30,50	10,62

*|Dif.| = Diferença, em módulo, entre a média geral e a média genotípica para as características avaliadas.

Tabela 7. Médias genotípicas de progênies de soja selecionadas por componentes principais na região externa às elipses, pelo segundo processo agronômico de seleção, em comparação com a média geral do experimento. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agronômicas	Genótipo 152		Média Geral
	Média	Dif. "	
Número de dias para o florescimento (NDF)	29,36	8,75	38,11
Altura da planta no florescimento (APF; cm)	73,49	9,09	82,58
Número de dias para a maturidade (NDM)	112,42	0,32	112,74
Altura da planta na maturidade (APM; cm)	65,03	32,94	97,97
Número de nós (NN)	9,64	4,78	14,42

*|Dif.|" = Diferença, em módulo, entre a média geral e a média genotípica para as características avaliadas.

Tabela 8. Médias genotípicas de progênies de soja selecionadas por componentes principais na região externa às elipses, pelo terceiro processo agronômico de seleção, em comparação com a média geral do experimento. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agronômicas	Genótipo 31		Genótipo 36		Genótipo 40		Genótipo 79		Média Geral
	Média	Dif. "	Média	Dif. "	Média	Dif. "	Média	Dif. "	
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	13,66	0,25	11,99	1,92	12,38	1,53	12,70	1,21	13,91
Acamamento (AC)	1,30	0,01	1,30	0,01	1,30	0,01	1,29	0,02	1,31
Valor Agronômico (VA)	4,29	0,59	4,23	0,53	4,33	0,63	4,34	0,64	3,70
Variáveis agronômicas	Genótipo 126		Genótipo 147		Genótipo 169		Média Geral		
	Média	Dif. "	Média	Dif. "	Média	Dif. "	Média	Dif. "	
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	11,55	2,36	14,67	0,76	11,86	2,05	13,91	1,31	13,91
Acamamento (AC)	1,28	0,03	1,29	0,02	1,29	0,02	1,31	0,02	1,31
Valor Agronômico (VA)	4,01	0,31	4,36	0,66	4,35	0,65	4,35	0,65	3,70

*|Dif.|" = Diferença, em módulo, entre a média geral e a média genotípica para as características avaliadas.

Tabela 9. Médias genotípicas de progênes de soja selecionadas por componentes principais na região externa às elipses, para todas as características estudadas, em comparação com a média geral do experimento. Jaboticabal, SP, 2013/2014.

Variáveis agrônômicas	Genótipo 1		Genótipo 50		Genótipo 88		Média Geral
	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	14,00	1,05	12,92	2,13	12,31	2,74	15,05
Número de vagens (NV)	149,57	101,06	154,83	106,86	148,73	100,76	47,97
Número de ramos (NR)	2,39	0,04	2,38	0,03	2,37	0,02	2,35
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	47,22	36,6	42,83	32,21	33,41	22,79	10,62
Número de dias para o florescimento (NDF)	33,18	4,93	30,86	7,25	36,68	1,41	38,11
Altura da planta no florescimento (APF; cm)	68,36	14,22	74,66	5,92	82,24	0,34	82,58
Número de dias para a maturidade (NDM)	112,63	0,11	112,64	0,10	112,70	0,04	112,74
Altura da planta na maturidade (APM; cm)	103,19	5,22	90,80	7,17	85,09	12,88	97,97
Número de nós (NN)	19,26	4,84	14,66	0,24	14,29	0,13	14,42
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	14,59	0,68	16,32	2,41	15,21	1,30	13,91
Acamamento (AC)	1,29	0,02	1,33	0,02	1,29	0,02	1,31
Valor Agronômico (VA)	3,23	0,47	3,52	0,18	3,63	0,07	3,70
Variáveis agrônômicas	Genótipo 152		Genótipo 165		Genótipo 171		Média Geral
	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	8,82	6,23	11,05	4,00	14,51	0,54	15,05
Número de vagens (NV)	37,49	10,48	214,61	166,64	141,84	93,87	47,97
Número de ramos (NR)	2,36	0,01	2,37	0,02	2,38	0,03	2,35
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	18,07	8,08	40,73	30,11	42,70	32,08	10,62
Número de dias para o florescimento (NDF)	29,36	8,75	42,37	4,26	40,49	2,38	38,11
Altura da planta no florescimento (APF; cm)	73,49	9,09	82,51	0,07	84,37	1,79	82,58
Número de dias para a maturidade (NDM)	112,42	0,32	112,73	0,01	112,74	0,00	112,74
Altura da planta na maturidade (APM; cm)	65,03	32,94	96,52	1,45	102,68	4,71	97,97
Número de nós (NN)	9,64	4,78	17,64	3,22	14,53	0,11	14,42

Continuação Tabela 9

Variáveis agronômicas	Genótipo 152		Genótipo 165		Genótipo 171		Média Geral
	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	13,75	0,16	13,83	0,08	13,23	0,68	13,91
Acamamento (AC)	1,31	0,00	1,32	0,01	1,33	0,02	1,31
Valor Agronômico (VA)	3,57	0,13	3,94	0,24	3,28	0,42	3,70
Variáveis agronômicas	Genótipo 172		Genótipo 183		Genótipo 196		Média Geral
	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	Média	Dif. "*	
Altura de inserção da primeira vagem (AIV; cm)	12,34	2,71	11,50	3,55	15,10	0,05	15,05
Número de vagens (NV)	135,59	87,62	63,09	15,12	127,19	79,22	47,97
Número de ramos (NR)	2,38	0,03	2,34	0,01	2,40	0,05	2,35
Produção de grãos (PG; g.planta ⁻¹)	29,34	18,72	22,05	11,43	41,12	30,50	10,62
Número de dias para o florescimento (NDF)	31,84	6,27	30,22	7,89	35,92	2,19	38,11
Altura da planta no florescimento (APF; cm)	77,03	5,55	70,13	12,45	80,56	2,02	82,58
Número de dias para a maturidade (NDM)	112,56	0,18	112,58	0,16	112,70	0,04	112,74
Altura da planta na maturidade (APM; cm)	79,86	18,11	79,88	18,09	106,21	8,24	97,97
Número de nós (NN)	12,68	1,74	14,13	0,29	17,60	3,18	14,42
Peso de cem sementes (PCS; g.planta ⁻¹)	13,44	0,47	14,21	0,30	3,94	9,97	13,91
Acamamento (AC)	1,29	0,02	1,29	0,02	1,30	0,01	1,31
Valor Agronômico (VA)	3,63	0,07	2,92	0,78	3,25	0,45	3,70

*|Dif.|" = Diferença, em módulo, entre a média genotípica para as características avaliadas.

5. CONCLUSÕES

As características número de dias para o florescimento, altura da planta no florescimento, altura da planta na maturidade, altura da inserção da primeira vagem, número de nós, número de vagens, produção de grãos e peso de cem sementes são adequadas ao processo seletivo, por apresentaram maiores variabilidades genéticas.

Foram identificados três processos agronômicos indicados na seleção de genótipos, permitindo a identificação de genótipos com propriedades específicas.

A estratégia de seleção contendo as variáveis altura da inserção da primeira vagem, número de ramos, número de vagens, número de nós e produção de grãos permitiu a seleção de genótipos de soja com bons componentes de produção, mais precoces, de menores portes e com resistência ao acamamento.

6. REFERÊNCIAS

ABREU, A. B. G.; MATTA, M. H. R.; MONTAGNER, E. Desenvolvimento e validação de método de análise de glifosato em grãos de soja. **Química Nova**, v. 31, n. 1, p. 5-9, 2008.

AINSWORTH, E. A.; YENDREK, C. R.; SKONECZKA, J. A.; LONG, S. P. Accelerating yield potential in soybean: potential targets for biotechnological improvement. **Plant, cell & environment**, v. 35, n. 1, p. 38-52, 2012.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. D. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. D. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIRÓZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semii-Árido, v.1, 1999. p. (online). Disponível em: < <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/> >. Acesso em: 29 dez. 2014.

ALMEIDA, R. D.; 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**, v. 42, n. 1, p. 108-115, 2011.

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

BARRETO, J. F.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genotípica de acessos de mandioca no Amazonas e estimativas de parâmetros genéticos. **Revista de Ciências Agrárias/Amazonian Journal of Agricultural and Environmental Sciences**, v. 53, n. 2, p. 131-136, 2011.

BERTAGNOLLI, C. M.; TILLMANN, M. A. A.; VILLELA, F. A. Sistema hidropônico com uso de solução de herbicida na detecção de soja geneticamente modificada resistente ao glifosato. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 28, n. 2, p. 182-192, 2006.

BEZERRA NETO, F. V.; LEAL, N. R.; GONÇALVES, L. S. A.; MORAIS RÊGO FILHO, L.; AMARAL JÚNIOR, A. T. 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.

BIZARI, E. H.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; VIANNA, V. F.; MEYER, A. S.; MAURO, A. O. Genetic diversity in early-maturing soybean genotypes based on biometric and molecular parameters. **International Journal of Food, Agriculture and Environment (Print)**, v. 12, p. 259-265, 2014.

BOHM, G. M. B.; GENOVESE, M. I.; PIGOSSO, G.; TRICHEZ, D.; ROMBALDI, C. V. Resíduos de glifosato e ácido aminometilfosfônico e teores de isoflavonas em soja BRS 244 RR e BRS 154. **Ciencia Tecnologia Alimentos, Campinas**, v. 28, p. 192-197, 2008.

BORGES, V.; FERREIRA, P. V.; SOARES, L.; SANTOS, G. M.; SANTOS, A. M. M. Seleção de clones de batata-doce pelo procedimento REML/BLUP. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 32, n. 4, p. 643-649, 2010.

BORGES, V.; SOARES, A. A.; REIS, M. S.; RESENDE, M. D. V.; CORNÉLIO, V. M. O.; LEITE, N. A.; VIEIRA, A. R. Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos. **Bragantia**, v. 69, n. 4, p. 833-841, 2010.

CARVALHO, A. D. F.; FRITSCH NETO, R.; GERALDI, I. O. Estimation and prediction of parameters and breeding values in soybean using REML/BLUP and Least Squares. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 219-224, 2008.

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

CAVALCANTE, A. K.; SOUSA, L. B.; HAMAWAKI, O. T.; ARAUJO, G. O.; ROMANATO, F. N. Variabilidade genética de genótipos de soja de ciclo precoce no município de Uberaba-MG. **Revista Verde de Agroecologia e Desenvolvimento Sustentável**, v. 5, n. 3, p. 115-119, 2010.

COSTA, M.; PEREIRA, W. E.; BRUNO, R. L. A.; FREIRE, E. C.; NÓBREGA, M. B. M.; MILANI, M.; OLIVEIRA, A. P. Divergência genética entre acessos e cultivares de mamoneira por meio de estatística multivariada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 11, p. 1617-1622, 2006.

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

DALCHIAVON, F. C.; CARVALHO, M. P. Correlação linear e espacial dos componentes de produção e produtividade da soja. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 33, n. 2, p. 541-552, 2012.

DALLASTRA, A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. D. Multivariate approach in the selection of superior soybean progeny which carry the RR gene. **Revista Ciência Agronômica**, v. 45, n. 3, p. 588-597, 2014.

DUARTE, J. B.; VENCOVSKY, R.; DIAS, C. T. S. Estimadores de componentes de variância em delineamento de blocos aumentados com tratamentos novos de uma ou mais populações. **Pesq. agropec. bras.**, v. 36, n. 9, p. 1155-1167, 2001.

FEHR, W. R.; CAVINESS, C. E. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977. p.

GOMEZ, G. M.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; PINHEIRO, J. B.; MAURO, A. O. Adaptive and agronomic performances of soybean genotypes derived from different genealogies through the use of several analytical strategies. **African Journal of Agricultural Research**, v. 9, p. 2146-2157, 2014.

GONÇALVES, M. C.; FRITSCH NETO, R. **Tópicos especiais de biometria no melhoramento de plantas**. 1ª Ed. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2012. 282 p.

HAIR, J. F.; BLACK, W. C.; BABIN, B. J.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise multivariada de dados**. Bookman, 2007. p.

HAO, D.; CHENG, H.; YIN, Z.; CUI, S.; ZHANG, D.; WANG, H.; YU, D. Identification of single nucleotide polymorphisms and haplotypes associated with yield and yield components in soybean (*Glycine max*) landraces across multiple environments. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 124, n. 3, p. 447-458, 2012.

KAISER, H. F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, n. 3, p. 187-200, 1958/09/01,1958. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1007/BF02289233> >.

KLAHOLD, C. A.; GUIMARÃES, V. F.; DE MORAES ECHER, M.; KLAHOLD, A.; CONTIERO, R. L.; BECKER, A. Resposta da soja (*Glycine max* (L.) Merrill) à ação de bioestimulante. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 28, n. 2, p. 179-185, 2006.

KLEBA, J. B. Riscos e benefícios de plantas transgênicas resistentes a herbicidas: o caso da soja RR da Monsanto. **Cadernos de Ciência & Tecnologia**, v. 15, n. 3, p. 9-42, 1998.

LAM, H.-M.; XU, X.; LIU, X.; CHEN, W.; YANG, G.; WONG, F.-L.; LI, M.-W.; HE, W.; QIN, N.; WANG, B. Resequencing of 31 wild and cultivated soybean genomes identifies patterns of genetic diversity and selection. **Nature genetics**, v. 42, n. 12, p. 1053-1059, 2010.

LITTELL, R. C. Analysis of unbalanced mixed model data: A case study comparison of ANOVA versus REML/GLS. **Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics**, v. 7, n. 4, p. 472-490, 2002.

LITTELL, R. C.; MILLIKEN, G. A.; STROUP, W. W.; WOLFINGER, R. D.; SCHABENBERGER, O. **SAS for mixed models**. 2ª Ed. Cary: SAS institute, 2006. 816 p.

LOPES, V. R.; BESPALHOK FILHO, J. C.; OLIVEIRA, R. A.; GUERRA, E. P.; ZAMBON, J. L. C.; DAROS, E. Genetic divergence and parent selection of sugarcane clones. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, n. 3, p. 225-231, 2008.

MAIA, M. C. C.; RESENDE, M. D. V.; PAIVA, J. R.; CAVALCANTI, J. J. V.; MOURA BARROS, L. Seleção simultânea para produção, adaptabilidade e estabilidade genotípicas em clones de cajueiro, via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 39, n. 1, p. 43-50, 2009.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. M.; PINHEIRO, J. B.; SILVA JÚNIOR, N. F. Adaptabilidade e estabilidade de linhagens experimentais de soja selecionadas para caracteres agronômicos através de método uni-multivariado. **Bragantia**, v. 65, n. 2, p. 215-226, 2006.

MANLY, B. F. J. **Métodos estatísticos multivariados: uma introdução**. 3º ed. Porto Alegre: Bookman, 2008. 229 p.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA JUNIOR, N. S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.

MENEGATTI, A. L. A.; BARROS, A. L. M. Análise comparativa dos custos de produção entre soja transgênica e convencional: um estudo de caso para o Estado

do Mato Grosso do Sul. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 45, n. 1, p. 163-183, 2007.

MISTRO, J. C.; FAZUOLI, L. C.; GONÇALVES, P. D. S.; GUERREIRO FILHO, O. Estimates of genetic parameters and expected genetic gains with selection in robust coffee. **Crop breeding and applied biotechnology**, v. 4, p. 86-91, 2004.

MUNIZ, F. R. S.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DE OLIVEIRA, J. A.; BÁRBARO, I. M.; ARRIEL, N. H. C.; COSTA, M. M. Parâmetros genéticos e fenotípicos em populações segregantes de soja. **Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas**, v. 6, n. 3, p. 609-616, 2002.

NELDER, J. A.; WEDDERBURN, R. W. M. Generalized Linear Models. **Journal of the Royal Statistical Society**, v. 135, n. 3, p. 370-384, 1972.

OLIVEIRA, A. C. B.; SEDIYAMA, M. A. N.; PEDROSA, M. W.; GARCIA, N. C. P.; GARCIA, S. L. R. Divergência genética e descarte de variáveis em alface cultivada sob sistema hidropônico-DOI: 10.4025/actasciagron. v26i2. 1894. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 26, n. 2, p. 211-217, 2008.

PEIXOUTO, L. S. **Proposta de análise de fatores na matriz G+ GA via modelos mistos em Multi-Ambientes**. 2013. 110 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas)-Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2013.

PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R.; FIDELIS, R. R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 21-40, 2009.

PEREIRA, É. M.; GRAVINA, G. A.; THIÉBAUT, J. T. L. Aplicações dos modelos lineares mistos na pesquisa agropecuária. **Natureza on line**, v. 10, n. 2, p. 52-58, 2012.

PEREIRA, W. A.; DEL GIÚDICE, M. P.; CARNEIRO, J. E. S.; DIAS, D. C. F. S.; BORÉM, A. Fluxo gênico em soja geneticamente modificada e método para sua detecção. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, n. 7, p. 999-1006, 2007.

PIEPHO, H.; MÖHRING, J.; MELCHINGER, A.; BÜCHSE, A. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. **Euphytica**, v. 161, n. 1-2, p. 209-228, 2008.

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

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. 1ª Ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2004. 57 p. Disponível em: < <http://www.bibliotecaflorestal.ufv.br/handle/123456789/6133> >. Acesso em: 14 dez. 2014.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e estatística na análise de experimentos e no melhoramento genético**. 1º ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2007a. 362 p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN-REML/BLUP: sistema estatístico e seleção genética computadorizada via modelos lineares mistos**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007b. p.

RESENDE, M. D. V. D. **Software SELEGEN-REML/BLUP**. 1ª Ed. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. p. Disponível em: < http://www.bibliotecaflorestal.ufv.br/bitstream/handle/123456789/6034/Documentos_77.pdf?sequence=1 >. Acesso em: 15 dez. 2014.

REZENDE, P. M.; CARVALHO, E. A. Avaliação de cultivares de soja [Glycine max (L.) Merrill] para o sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 31, n. 6, p. 1616-1623, 2007.

ROCHA, R. S. **Avaliação de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude**. 2009. 59 f. Dissertação (Mestrado em Agronomia)-Universidade Federal do Piauí, Teresina, 2009.

ROCHA, R. S.; SILVA, J. A. L.; NEVES, J. A.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C. Desempenho agrônomo de variedades e linhagens de soja em condições de baixa latitude em Teresina-PI. **Revista Ciência Agrônômica**, v. 43, n. 1, p. 154-162, 2012.

RODRIGUES, O.; DIDONET, A. D.; LHAMBY, J. C. B.; BERTAGNOLLI, P. F.; LUZ, J. D. Resposta quantitativa do florescimento da soja à temperatura e ao fotoperíodo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 36, n. 3, p. 431-437, 2001.

SAS INSTITUTE. **SAS 9. 3 Output Delivery System: User's Guide**. Cary, NC: SAS institute, 2011. p.

SLEPER, D. A.; SHANNON, J. G. Role of public and private soybean breeding programs in the development of soybean varieties using biotechnology. **AgBioForum**, v. 6, p. 27-32, 2003.

SOUSA, L. B. **Parâmetros genéticos e variabilidade em genótipos de soja. 2011.** 2011. 62 f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia)-Universidade Federal de Uberlândia, 2011.

STATSOFT, I. STATISTICA (data analysis software system), version 7. 2004. Disponível em: < <http://www.statsoft.com/> >.

STURION, J. A.; RESENDE, M. D. V. Avaliação genética e análise de deviance em um teste desbalanceado de procedência e progênie de *Ilex paraguariensis*. **Pesquisa Florestal Brasileira**, v. 30, n. 62, p. 157-160, 2010.

TETRAULT, R. **World Agricultural Production**. Washington: USDA, 2014. 26 p.

VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DESIDÉRIO, J. A.; SANTIAGO, S.; CHARNAI, K.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **Afr. J. Agric. Res**, v. 8, p. 4162-4169, 2013.

VICINI, L.; SOUZA, A. M. **Análise multivariada da teoria à prática**. Santa Maria: UFSM, CCNE, 2005. p.

WYSMIERSKI, P. T.; VELLO, N. A. The genetic base of Brazilian soybean cultivars: evolution over time and breeding implications. **Genetics and molecular biology**, v. 36, n. 4, p. 540-546, 2013.