

UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CÂMPUS DE JABOTICABAL

ABORDAGEM MULTIVARIADA NA ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA
EM CRUZAMENTOS PARA ALTO TEOR DE ÓLEO EM SOJA

Autora: Catarina Mardegan

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadora: MSc. Fabiana Mota da Silva

Trabalho apresentado à Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias – UNESP,
Câmpus de Jaboticabal, para graduação em
AGRONOMIA.

Jaboticabal – SP

1º Semestre/2014

Mardegan, Catarina
M322a Abordagem multivariada na análise de diversidade
genética em cruzamentos para alto teor de óleo em soja /
Catarina Mardegan. – – Jaboticabal, 2014
vi, 52 f. : il.; 28 cm

Trabalho apresentado à Faculdade de Ciências Agrárias e
Veterinárias – UNESP, Campus de Jaboticabal para
graduação em Agronomia, 2011

Orientador: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientador: Fabiana Mota da Silva

Banca examinadora: Eduardo Henrique Bizari / Aretha
Arcenio Pimentel Corrêa

Bibliografia

1. *Glycine max* L. 2. Melhoramento Genético. I. Título. II.
Jaboticabal-Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.34:631.52

Dedico,
Aos meus pais, André e Hilda, e minha irmã, Carolina, que sempre me
incentivaram e nunca me deixaram desistir.

“Words can't express my boundless gratitude for you
I appreciate what you do
You've given me such security
No matter what mistakes I make you're there for me
You kill my disappointments and you heal my pain
You understand my fears and you protected me
Treasure every extraordinary memory”

DADDY (Beyonce)

AGRADECIMENTOS

Agradeço,

À professora Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela orientação, incentivo e pelos momentos de compreensão.

À Fabiana, pela coorientação, toda atenção dispensada para a realização deste trabalho e acima de tudo, pela amizade.

À Elise e Daniel, por tornarem-se grandes amigos, pela disponibilização de dados e ajuda no trabalho.

Aos amigos do departamento de Produção Vegetal, Bruno, Marcela, Eduardo, Zé Arantes, Paulo, Renata, que muito me ensinaram e apoiaram.

Aos funcionários do departamento de Produção Vegetal, Geraldo, Faro, Mauro, Mônica e Marcelo da FEPE pelos conhecimentos compartilhados e auxílios nos trabalhos.

Aos todos os funcionários da faculdade, pelos serviços dispensados, que foram essenciais para a minha formação.

À PROPe, pelo auxílio financeiro.

Aos familiares, que sempre acreditaram no meu sucesso.

Ao meu namorado, Victor, pelo amor e companheirismo, e toda sua família que me acolheram tão bem.

Às amigas, Andréa, Gabriela, Sara, Kristina e Natália, por todos os momentos importantes de descontração e por serem verdadeiras irmãs.

À toda turma LXIV de Agronomia, pela família que formamos.

E principalmente, à Deus, por todos os passos guiados.

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	iii
RESUMO.....	v
ABSTRACT	vi
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA.....	3
2.1 Cultura da soja	3
2.2 Importância econômica	4
2.3 Melhoramento genético	6
2.3.1 Hibridação.....	9
2.4 Caracteres de interesse agrônomo	10
2.5 Análise multivariada	12
2.5.1 Diversidade genética.....	14
2.5.2 Metodologias para estimativa da diversidade genética.....	15
2.5.3 Análise de componentes principais	18
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	21
3.1 Local e condução do experimento	21
3.2 Material genético.....	22
3.3 Caracteres avaliados.....	23
3.4 Análise de teor de óleo	23
3.5 Análises Estatísticas.....	24
3.5.1 Distância euclidiana	25
3.5.2 Análises de agrupamento.....	25
3.5.3 Análise de componentes principais	27
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	28
5. CONCLUSÕES	40
6. REFERÊNCIAS.....	41

RESUMO

ABORDAGEM MULTIVARIADA NA ANÁLISE DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM CRUZAMENTOS PARA ALTO TEOR DE ÓLEO EM SOJA

A soja é considerada uma cultura de grande expressão em todo o mundo. Nos programas de melhoramento de plantas, o conhecimento da diversidade genética é de extrema importância e dentro deste contexto, são utilizadas com frequência as análises multivariadas. Desta forma, objetivou-se com o presente estudo avaliar a divergência genética entre cruzamentos de soja por meio de técnicas multivariadas. No total, foram avaliados 16 cruzamentos, os quais encontravam-se na geração F₂ de endogamia. Os caracteres agrônômicos avaliados foram altura da planta na maturidade, altura de inserção da primeira vagem, número de ramos por planta, número de vagens por planta, número de nós por planta, peso de cem sementes, produção de grãos, e teor de óleo. Para as análises foram utilizados a distância euclidiana, os métodos de agrupamento hierárquicos UPGMA e de Ward e a análise de componentes principais. As distâncias genéticas estimadas por meio da distância euclidiana, oscilaram entre 1.24 a 8.13, sendo a menor distância observada entre os cruzamentos C1 e C4 e a maior distância entre os cruzamentos C2 e C6. Os métodos de agrupamento UPGMA e Ward reuniram os cruzamentos em cinco grupos distintos. A análise de componentes principais explicou 86,2% da variância contida nas oito variáveis originais com três componentes principais. Os caracteres APM, NV, NR, NN, PG e %Óleo foram os que mais contribuíram para a divergência genética entre os caracteres avaliados. As técnicas multivariadas foram determinantes para a análise da diversidade genética, sendo que os métodos de agrupamento UPGMA e de Ward e os componentes principais tiveram resultados congruentes, desta forma, é indicado o uso simultâneo destas ferramentas em análises genéticas de cruzamentos.

Palavras-chave: *Glycine max*, Análise de Agrupamento, Componentes Principais.

ABSTRACT

MULTIVARIATE APPROACH FOR THE ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY IN CROSSINGS TO HIGH OIL CONTENT IN SOYBEAN

The soybean crop is considered a high expression around the world. In plant breeding programs, knowledge of genetic diversity is extremely important and in this context, are frequently used multivariate analyzes. Thus, the aim of the present study was to evaluate the genetic divergence between soybean crosses through multivariate techniques. In total, 16 crosses were evaluated, which were in the F₂ generation of inbreeding. The evaluated characteristics were plant height at maturity, height of the first pod, number of branches per plant, number of pods per plant, number of nodes per plant, hundred seed weight, grain yield and oil content. For the analyzes was used Euclidean distance, methods of hierarchical clustering UPGMA and Ward and principal component analysis. Genetic distances estimated using Euclidean distance ranged from 1.24 to 8.13, with the smallest distance observed between crosses C1 and C4, and the greatest distance between the C2 crosses and C6. The methods UPGMA clustering and Ward met crossings in five different groups. The principal component analysis explained 86.2% of the variance contained in the original eight variables with three main components. The APM characters, NV, NR, NN, PG% and oil were the main contributors to genetic divergence among traits. Multivariate techniques were crucial to the analysis of genetic diversity, and the methods of Ward and UPGMA clustering and principal components have consistent results in this way, the simultaneous use of these tools in genetic analysis of crosses is indicated.

Keywords: *Glycine max*, Cluster Analysis, Principal Components.

1. INTRODUÇÃO

A soja é considerada uma cultura de grande expressão, por ser a oleaginosa de maior produção em todo o mundo. Atualmente, o Brasil é o segundo maior produtor dessa leguminosa com uma produção de aproximadamente 87 milhões de toneladas (CONAB, 2014).

Além da cultura da soja (REINA et al., 2014; PRIOLLI et al., 2013; SALIMI, 2013), estes estudos têm sido empregados para várias culturas como alface (SILVA; SILVA-MANN; CARVALHO, 2010), feijão (DINIZ, 2012), pimentas (FARIA et al., 2012) e café (SILVA et al., 2013), entre outras.

A diversidade genética entre os genótipos de soja é muito estudada nos programas de melhoramento, principalmente para que os melhoristas identifiquem parentais divergentes para serem usados nas hibridações (GOUVÊA, 2009). Desta forma, são utilizados parentais com bons atributos agrônômico e contrastantes, gerando variabilidade genética na população.

Para estudo da diversidade genética as técnicas de análises multivariadas são muito utilizadas. Conforme Ferraudo (2014), as análises multivariadas referem-se a métodos estatísticos que analisam simultaneamente múltiplas variáveis. Dentre estes métodos destacam-se a distância euclidiana como medida de dissimilaridade, os métodos hierárquicos de agrupamento de Ward e

UPGMA e a análise de componentes principais. Os métodos de agrupamento dividem grupos de amostras em subgrupos de acordo com a semelhança ou diferença entre eles, originando um dendrograma, os quais são estruturas hierárquicas formadas pela união dos elementos similares (VICINI, 2005; LINDEN, 2009).

A diversidade genética quando estudada através dos caracteres agronômicos e técnicas multivariadas, fornece orientações para hibridações que resultam em combinações de maior heterozigosidade, assim aumenta-se a possibilidade de obtenção de genótipos superiores (CLEMENTE; CAHOON, 2009).

Desta forma, com o presente trabalho objetivou-se avaliar a diversidade genética entre cruzamentos de soja oriundos de parentais contrastantes para alto teor de óleo por meio de caracteres agronômicos e análises multivariadas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Cultura da soja

A soja, pertence à ordem Fabales, família *Fabaceae*, subfamília *Faboidea* e espécie *Glycine max* (L.) Merrill. Caracteriza-se por ser uma espécie leguminosa e autógama, com $2n=40$ cromossomos (CAPELLARI JÚNIOR; RODRIGUES; SOUZA, 2006). É uma planta herbácea, anual, ereta e de crescimento morfológico diversificado, podendo ser classificado como determinado, semideterminado ou indeterminado.

Originária do leste da China (BORÉM, 1998), é reconhecida como uma das mais antigas plantas cultivadas e sua evolução iniciou-se com o resultado de cruzamentos naturais entre duas espécies de soja selvagem, que foram domesticadas e melhoradas por cientistas chineses (EMBRAPA, 2014). Seu surgimento no Ocidente só ocorreu no século XV, chegando à América apenas no século XVIII (COSTA, 2008). Por sua vez, Sanches (2005) afirma que o grão chegou ao Brasil em 1882, no Estado da Bahia. Porém Rio Grande do Sul, local em que a cultura melhor se adaptou às condições edafoclimáticas, surgiu apenas em 1914. A partir da década de 1980 tornou-se apta às regiões de Cerrado graças ao desenvolvimento de cultivares adaptadas para este bioma.

O ciclo da cultura é dividido em duas fases estabelecidas a saber: vegetativa e reprodutiva (FEHR; CAVINESS, 1977). A fase vegetativa compreendida entre a germinação e o florescimento e a fase reprodutiva refere-se ao período entre o florescimento e a maturidade (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005). Dependendo da cultivar e das condições ambientais, o ciclo da soja pode variar de 75 a 210 dias.

Atualmente uma nova classificação de ciclo é proposta. Neste sistema, os grupos de maturidade variam de 0 a 10, ou seja, quanto maior é o seu número, mais próximo ao Equador é sua região de adaptação. No Brasil, os grupos indicados variam de 5.5 a 10, sendo que para cada aumento de número depois do ponto tem-se de 1.5 a 2 dias a mais de ciclo (PENARIOL, 2000; ALLIPRANDINI et al, 2009). Devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar é alterada à medida que varia a latitude.

Todos estes caracteres são importantes sob o ponto de vista de melhoramento genético da cultura (CÂMARA, 1998; SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

2.2 Importância econômica

No último ano agrícola registrou-se uma produção aproximada de 87 milhões de toneladas de soja, com um incremento de 5,6% em relação à produção anterior (2012/2013). Esta produção é derivada de uma área aproximada de 30 milhões de hectares (CONAB, 2014).

No Brasil, as maiores áreas cultivadas com soja encontram-se nas regiões Centro-Oeste e Sul, respectivamente. No Centro-Oeste, no ano agrícola

2013/2014 houve um incremento de 8,6% em relação à produção anterior, chegando a quase 14 milhões de hectares. Na região Sul, a área cultivada atingiu aproximadamente 10,5 milhões de hectares, apresentando assim, crescimento de 6,2% em relação ao ano anterior (CONAB 2014). Devido a isto, a soja é considerada a cultura agrícola que mais cresceu nas últimas três décadas no Brasil (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO, 2014a).

Do total produzido no país, 6 milhões de toneladas de soja são destinadas a produção de óleo comestível e 23 milhões de toneladas de farelo proteico (MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO, 2014b). Devido a elevada qualidade e teores de proteína nos grãos, a soja brasileira torna-se apreciada no mercado externo, principalmente pelos mais exigentes como União Europeia e Japão.

De acordo com o Departamento de Agricultura dos Estados Unidos (USDA) (2014), o preço da soja na Bolsa de Valores de Chicago chegou a ser cotado em US\$ 557,99/t, evidenciando a importância dessa *commodity*.

Devido ao alto valor nutritivo da soja e as diversas formas de refino (óleo de soja refinado, óleo de soja bruto, farelo de soja, soja em grãos, entre outros) há uma grande demanda por esta oleaginosa, sendo destinada ao consumo humano e animal e como matéria prima de produtos da indústria farmacêutica e alimentícia.

Pela abundância em termos de oferta, o óleo de soja tornou-se a principal matéria-prima para a produção do biodiesel, um combustível renovável, o qual é composto por uma mistura de diesel de petróleo e óleo extraído de oleaginosas.

O óleo de soja representa atualmente cerca de 80% da demanda total de matérias primas para a produção de biodiesel no Brasil (APROSOJA, 2014).

O cenário brasileiro é otimista e projeta um crescimento produtivo para mais de 40% até 2020, enquanto que nos Estados Unidos o crescimento no mesmo período deverá ser de 15%. Esta diferença entre os maiores produtores mundiais é explicada pelo potencial de expansão da área cultivada no Brasil (VENCATO, 2010).

Para Freitas (2011), o crescimento da cultura da soja em todo o Brasil está associado aos progressos tecnológicos e científicos ocorridos, como a mecanização, criação de cultivares altamente adaptadas a diferentes condições edafoclimáticas e o desenvolvimento de pacotes tecnológicos.

2.3 Melhoramento genético

Alguns dos principais objetivos nos programas de melhoramento genético de soja consistem na obtenção de genótipos com porte baixo, precocidade, plantas eretas, ampla adaptação a diferentes regiões edafoclimáticas, resistência às principais doenças e pragas, melhoria das qualidades nutritivas, e principalmente, maior produtividade de grãos. Também são buscados genótipos com alto teor de óleo e com qualidade nutricional. Um progresso considerável tem sido feito no sentido de alcançar os três objetivos.

O melhoramento genético é um processo contínuo de desenvolvimento de novos genótipos (COSTA, 2008). Para a cultura da soja, como ocorre na maioria das espécies, o aumento da produção de grãos e o sucesso do programa

depende em grande parte da escolha dos parentais com capacidade de produzir genótipos superiores (ALLARD, 1971).

No Brasil, na década de 60, o Rio Grande do Sul foi o primeiro Estado a lançar uma cultivar melhorada geneticamente, denominada Pioneira (SILVEIRA, 2007). A partir daí, diversos programas de melhoramento genético contribuíram para o desenvolvimento e adaptação de cultivares de alto rendimento às diferentes condições edafoclimáticas do Brasil (PRIOLLI et al., 2004).

O primeiro passo no melhoramento de soja é o cruzamento de indivíduos geneticamente divergentes. Várias estratégias de melhoramento podem ser utilizadas, para o melhorista obter o maior ganho em um menor período de tempo e com custos baixos. O melhoramento da soja pode ser subdividido em quatro etapas principais: escolha dos genitores, realização da hibridação, avanço de gerações e seleções das linhagens com base em teste de desempenho agrônômico (MUNIZ, 2007).

Diversos métodos de melhoramento genético são utilizados na cultura da soja, sendo os mais utilizados aqueles que exploram a variabilidade existente através das hibridações, por exemplo o método genealógico, bulk ou método da população e o “Single Seed Descent” (SSD), dentre outros, como relatado por Carvalho (2008).

O método genealógico consiste na seleção das plantas nas gerações F_2 até F_5 . Após a seleção da F_5 , realiza-se a seleção apenas entre as progênies até não existir mais variabilidade dentro do genótipo. Após identificadas as linhagens superiores, estas formarão uma nova cultivar (VELLO, 1992).

No método da população, ou bulk, uma amostra de sementes forma a geração posterior, até as gerações F₅ ou F₆, a partir daí, abre-se o *bulk*, ou seja, plantas individuais são colhidas dando origem às progênies que serão avaliadas em campo, até que se identifiquem as melhores linhagens (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2001).

O SSD pode ser feito em campo ou casa de vegetação, consiste no avanço rápido das gerações (de F₂ a F₅) sem que haja seleção até atingir a homozigose. Como desvantagem há perda de variabilidade genética e perdas de progênies devido à baixa taxa de germinação (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001).

Nos programas de melhoramento de soja, também são buscados genótipos com alto teor de óleo e com qualidade nutricional. Na indústria de biodiesel, a composição ideal do óleo é atribuída à presença ideal de ácidos graxos monoinsaturados, presença reduzida de ácidos poli-insaturados e controlado conteúdo de ácidos saturados. Assim, o balanço entre estes ácidos graxos influenciará na qualidade e no rendimento do biodiesel. (Knothe, 2010). Daí a razão da genética ser ferramenta valiosa para o desenvolvimento de óleos com perfis de ácidos graxos mais adequados à esta finalidade (Pinzi et al., 2009).

Vale destacar que novas pesquisas e seleções de características estão surgindo, e com elas a obtenção de melhores genótipos e o avanço da cultura para todas as regiões do Brasil, incluindo os aspectos de adaptabilidade, sanidade e altos índices de produtividade.

2.3.1 Híbridação

Híbridação é a fusão de gametas geneticamente diferentes, que resulta em indivíduos híbridos heterozigóticos para um ou mais locos. As híbridagens reúnem em uma nova linhagem pura alelos favoráveis presentes em dois ou mais parentais com acentuada divergência genética entre si, e possibilitam a exposição da variabilidade genética nesta nova população (BESPALHOK; GUERRA; OLIVEIRA, 2007). Sendo assim, o cruzamento de dois ou mais genótipos elites é feito para a obtenção de populações que reúnam novas e melhores características.

De acordo com Nascimento Filho et al. (2001), a escolha dos progenitores é uma etapa fundamental nos processos de híbridagens. Quando estes apresentam bom desempenho agrônomico e ampla divergência genética, há acréscimo suficiente da variabilidade genética para obter-se ganhos com a seleção.

As híbridagens artificiais em plantas autógamas, em grande parte, são realizadas por cruzamentos entre dois genitores (cruzamentos biparentais). As maiores limitações dos cruzamentos biparentais estão na variação genética e no baixo potencial de recombinação devido ao “*pool*” gênico, ou seja, a base genética restrita, e também devido aos processos de autofecundações, que vão restringindo a recombinação genética na medida que a população tende à homozigose (MUNIZ, 2007). Devem ser escolhidas visando o aumento da variabilidade, caracteres de interesse agrônomicos e a herança dos caracteres escolhidos.

Nos cruzamentos múltiplos ocorre a combinação de vários genótipos, obtendo-se mais facilmente a variabilidade desejada e a ampliação da base genética, que não seria possível de se obter com a combinação de apenas dois genitores, como nos biparentais. O cruzamento quádruplo (quatro genitores) é realizado através da combinação de dois híbridos simples, na geração F_1 . Os óctuplos (oito genitores) são realizados através da combinação de dois híbridos quádruplos, na geração F_1 (MUNIZ, 2007).

2.4 Caracteres de interesse agronômico

Na obtenção de novas cultivares pelos programas de melhoramento genético de soja alguns caracteres agronômicos são altamente desejados.

Entre estes caracteres o ciclo da cultivar, que refere-se ao número de dias para a maturidade, em média, podem variar de 75 a 210 dias (MEDEIROS, 2009). Atualmente uma nova classificação de grupos de maturidade é proposta. Os grupos de maturidade variam de 0 a 10, ou seja, quanto maior é o seu número, mais próximo ao Equador é sua região de adaptação. No Brasil, os grupos indicados variam de 5.5 a 10, sendo que para cada aumento de número depois do ponto tem-se de 1.5 a 2 dias a mais de ciclo (PENARIOL, 2000; ALLIPRANDINI et al, 2009). Devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar é alterada à medida que varia a latitude.

A altura é muito dependente de fatores ambientais e do genótipo da planta. Quando considera-se a colheita mecanizada a altura da planta e a altura de inserção da primeira vagem são caracteres de extrema importância. No Brasil as variedades comerciais apresentam altura média de 60 a 120 cm de altura e a

primeira vagem de 10 a 12 cm são desejáveis, pois as perdas na colheita são reduzidas (MARQUES, 2007). Do mesmo modo, as plantas muito altas tendem ao acamamento (BORÉM, 1999). O acamamento pode estar relacionado ao tipo de solo, época de semeadura, população de plantas e clima da região (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Um dos principais objetivos nos programas de melhoramento da soja é a seleção de genótipo com elevada produtividade de grãos, sendo esta uma característica quantitativa, controlada por diversos genes. Portanto altamente influenciado pelas condições ambientais (REIS et al., 2002). A produtividade da planta é dependente do tamanho, peso dos grãos e o número de grãos por planta, os quais, por sua vez, dependem do vigor da mesma (MEDEIROS, 2009).

O teor de óleo da soja tem associação positiva com a produtividade de grãos, o que possibilita ganhos adicionais no conteúdo de óleo simultaneamente aos ganhos em outros caracteres agronômicos desejáveis, diferentemente do teor de proteína, o qual tem associação negativa com a produtividade de grãos, dificultando os processos de melhoramento genético (BONATO et al., 2000). O alto teor de óleo também pode estar associado ao florescimento e maturação precoce (MARQUES, 2007).

Os programas de melhoramento de soja têm selecionado linhagens com bons atributos agronômicos e além disso, com diferenciado teor de óleo, o que potencializa esses genótipos (CUNHA; ESPINDOLA, 2009).

A busca de baixos índices de ácidos graxos poli-insaturados no óleo de soja, principalmente em relação aos ácidos linoleico e linolênico, parte tanto da indústria alimentícia, quanto da indústria de biodiesel. Devido à alta capacidade

oxidativa destes ácidos, a vida de prateleira do óleo e do biodiesel é diminuída com o aumento de suas concentrações. Reduções do índice de saturação no óleo de soja podem melhorar a sua competitividade comercial frente aos óleos de canola, girassol e milho, os quais apresentam, em ordem crescente, menores índices de ácidos graxos saturados (TYSON; McCORMICK, 2006).

Vale destacar, que frequentemente os anos novos desafios estão surgindo a pesquisadores, melhoristas, técnicos e agricultores que trabalham com a cultura.

2.5 Análise multivariada

Os métodos estatísticos são divididos em dois grupos para a análise das variáveis: o primeiro denominado de estatística univariada, trata as variáveis de maneira isolada; o segundo trata as variáveis de forma conjunta, consistindo na estatística multivariada (VICINI, 2005).

As análises multivariadas se referem a todas as técnicas estatísticas que analisam múltiplas medidas sobre os objetos de investigação simultaneamente, desta forma, qualquer análise de mais de duas variáveis simultaneamente pode ser considerada como multivariada (HAIR et al., 2009).

As análises multivariadas são formadas por um conjunto de métodos estatísticos que estudam variáveis dependentes ou independentes entre si e suas relações (SOUZA, 2006).

São classificadas como técnicas de dependência ou de independência, podendo ser medidas em diferentes escalas e para os indivíduos mais variados. As análises multivariadas são adaptações das análises univariadas (análise das

distribuições de cada variável) ou bivariadas (cruzamento de variáveis, correlações, regressão simples) (CORRAR; PAULO; DIAS FILHO, 2012).

Estas técnicas têm sido aplicadas em várias áreas do conhecimento, nas mais diversas pesquisas científicas, com maior ou menor frequência. São amplamente utilizadas em estudos genéticos devido à possibilidade de integrar simultaneamente, múltiplas informações e quantificar a variância dos vários caracteres de interesse agrônômico.

Até algumas décadas, estas aplicações eram reduzidas. Devido aos avanços tecnológicos e desenvolvimento de softwares, atualmente consegue-se analisar inúmeros dados complexos com relativa facilidade, sendo muito utilizados por indústrias, governos e pesquisadores por todo o mundo (HAIR et al., 2009).

No estudo de diversidade genética, as técnicas de análise multivariada mostram-se eficientes em fornecer informações sobre a variabilidade genética de várias culturas, como soja (SALIMI et al., 2012), feijão (BERTINI et al., 2010), arroz (BENITEZ et al., 2011), milho (DOTTO et al., 2010), seringueira (GOUVÊA et al., 2010), pinhão-mansão (PAZETO, 2013), entre outras.

Constituem-se em ferramentas de grande utilidade, por conseguir unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres de interesse no melhoramento genético (CRUZ; REGAZZI, 2001; FONSECA et al., 2006). A escolha do método mais adequado tem sido determinada de acordo com os objetivos do pesquisador, pela facilidade de análise e pelas informações disponíveis, sejam elas características morfológicas, agrônômicas ou moleculares (DINIZ FILHO, 2000).

2.5.1 Diversidade genética

A diversidade genética implica na consideração conjunta de todos os genes que controlam os caracteres dentro de cada espécie (PARRA, 2011).

Nos programas de melhoramento de plantas, o conhecimento da diversidade genética é de extrema importância para a realização dos cruzamentos. O estudo da diversidade, conforme Gouvêa (2009) possibilita o conhecimento sobre a variação genética existente entre os genótipos e proporciona ao melhorista a identificação dos parentais divergentes para serem usados nas hibridações, buscando-se diminuir a endogamia e aumentar a heterose, gerando genótipos superiores.

No melhoramento de plantas, o uso da divergência genética é fundamental, pois permite ampliar a base genética de uma cultura (CUI et al., 2001).

A diversidade genética no germoplasma de diferentes programas de melhoramento brasileiro manteve, em geral, um nível constante nos últimos 30 anos, além de relativa heterogeneidade dentro de alguns desses programas. Os autores relacionam este fato à introdução de diferentes fontes de germoplasma para resistência a patógenos ao longo dos anos (PRIOLLI et al., 2004).

O estudo da diversidade genética por meio de caracteres agronômicos, possui grande interesse no melhoramento genético, tendo em vista sua importância econômica e a necessidade de se obter êxito na escolha adequada de combinações híbridas superiores.

Diversos trabalhos que visam estimar a diversidade genética em soja vêm sendo realizados utilizando-se análises multivariadas baseadas em dados

fenotípicos. Rigon et al. (2012) avaliaram 18 cultivares de soja por meio de caracteres quantitativos e observaram que as variáveis de maior contribuição para a divergência genética foram a altura de inserção da primeira vagem e o número de dias para a maturação fisiológica. Liu et al. (2011), observaram que nove caracteres agronômicos foram suficientes para diferenciar 91 linhagens de soja, agrupando em dois grupos distintos, os quais correspondiam às suas origens geográficas. Santos et al. (2011) estimaram a diversidade genética entre 48 genótipos de soja, utilizando 17 caracteres fenotípicos, identificaram hibridações promissoras visando maior produção de grãos e teor de óleo.

2.5.2 Metodologias para estimativa da diversidade genética

Dentre as técnicas multivariadas, as mais empregadas na predição da diversidade genética são os métodos de agrupamento e as análises de componentes principais. Em soja estas análises têm sido utilizadas com frequência para estimar a diversidade genética em soja a partir de caracteres agronômicos (PELUZIO et al., 2009; RIGON et al., 2012; SANTOS et al., 2011).

Carvalho (2010) estudou por meio de análises multivariadas, a divergência genética nas populações de *Jatropha curcas* L., para isto submeteu os caracteres avaliados a análise de componentes principais, e de agrupamentos pelo método UPGMA a partir da matriz da distância euclidiana.

Almeida; Peluzio; Afférri (2011), avaliaram 12 cultivares de soja sob condições de várzea irrigada no Estado de Tocantins utilizando o método de agrupamento de otimização de Tocher e método UPGMA. Com isto,

identificaram hibridações promissoras para obtenção de populações segregantes.

Bizari et al. (2014) estimando a diversidade de genótipos precoces de soja, utilizando o método de agrupamento UPGMA, concluíram que os caracteres porcentagem de óleo e produtividade contribuíram para a diversidade genética.

2.5.2.1 Métodos de agrupamento

Os métodos de agrupamentos têm por finalidade identificar e dividir grupos de amostras em subgrupos de acordo com as semelhanças ou diferenças entre eles. A técnica é realizada após a obtenção de uma matriz de dissimilaridade, e com base nesta matriz os grupos são identificados, obtendo-se homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (CRUZ, 2008).

Os métodos de agrupamento são divididos em dois grupos: os hierárquicos e os não-hierárquicos, sendo o primeiro grupo o mais utilizado. Conforme Malhotra (2001), o método de agrupamento hierárquico caracteriza-se, como o próprio nome diz, pelo estabelecimento de uma hierarquia, ou simplificada, uma estrutura em forma de árvore. As estruturas hierárquicas formadas pela união dos elementos similares consistem em diagramas chamados dendrogramas. Entre os hierárquicos, os métodos mais utilizados são o método de ligação simples (single linkage), ligação completa (complete linkage), ligação média entre grupos (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean – UPGMA) e o método de Ward. Por sua vez, nos métodos de

não hierárquicos, a aglomeração dos indivíduos tende a formar grupos mutuamente exclusivos (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011).

No método da ligação média entre grupos (UPGMA), a distância entre dois grupos é definida como a média das distâncias entre todos os pares de objetos de um grupo com o outro, e tende a combinar grupos com pequena variação interna, bem como grupos com a mesma variância (FERRAUDO, 2014).

Este método tem sido muito utilizado em estudos de diversidade genética, pois apresenta duas grandes vantagens em relação a outros métodos: considera médias aritméticas das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os considerados e ainda produz menor distorção quanto a representação das similaridades entre indivíduos de um dendrograma (SILVA, 2012). Com base em caracteres agronômicos e morfológicos, o método UPGMA é mais comumente utilizado, de acordo com Mohammadi; Prasanna (2003).

No método de Ward a distância entre dois grupos é definida como a soma de quadrados entre os dois grupos sobre todas as variáveis. Em cada estágio do procedimento de agrupamento, a soma interna de quadrados é minimizada sobre todas as partições que podem ter sido obtidas pela combinação de dois grupos anteriores. Este método tende a combinar grupos com um pequeno número de observações (FERRAUDO, 2014).

Portanto, em cada passo do agrupamento, o método de Ward combina os dois conglomerados que resultam no menor valor da soma de quadrados total dentro dos grupos. Este processo gera um dendrograma com diferentes grupos.

Para a utilização dos métodos de agrupamento são necessárias medidas de distância ou dissimilaridade entre os genótipos. A medida de dissimilaridade é entendida como um critério que quantifique a distância entre dois objetos (SILVA, 2012). De posse das estimativas de distância entre cada par de genótipo estudado, os dados são apresentados em uma matriz simétrica, e a partir desta, a visualização e interpretação das distâncias pode ser facilitada pela utilização de um método de agrupamento ou dispersão gráfica (VILLELA, 2013).

As medidas de dissimilaridades mais utilizadas nos estudos genéticos com base em caracteres quantitativos são: distancia euclidiana, quadrado da distância euclidiana, distância euclidiana média e distância generalizada de Mahalanobis (SILVA, 2012).

A distância euclidiana é uma medida de dissimilaridade de grande importância utilizada para a análise de agrupamentos (VICINI, 2005).

Shadakshari et al. (2011) estimando a diversidade genética de soja, baseado em 12 características agronômicas e utilizando análise de agrupamento, concluíram que o método foi eficiente em quantificar a diversidade genética existente entre os genótipos analisados.

2.5.3 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais é uma técnica que consiste em transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de mesma dimensão (VASCONCELOS et al., 2007). É portanto, uma técnica de transformação de variáveis. Se cada variável medida pode ser considerada como um eixo de variabilidade, estando usualmente correlacionada com outras

variáveis, esta análise transforma os dados de tal modo a descrever a mesma variabilidade total existente, com o mesmo número de eixos originais, porém não mais correlacionados entre si.

Graficamente pode ser descrita como a rotação de pontos existentes num espaço multidimensional originando eixos, ou componentes principais, que dispostos num espaço à duas dimensões representem variabilidade suficiente que possa indicar algum padrão a ser interpretado (LANDIM, 2002).

Os componentes principais apresentam importantes propriedades: cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, são independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo de informação, em termos da variação total contida nos dados (VASCONCELOS et al., 2007).

A análise de componente principal avalia a importância relativa das variáveis em estudos de diversidade genética. Inferindo quais os caracteres responsáveis pela maior divergência entre cruzamentos, é possível descartar aqueles com baixa contribuição da diferenciação, e assim, reduzir tempo e custos nos programas de melhoramento genético (MULATO et al., 2010).

O emprego desta técnica para estudos sobre divergência genética em plantas tem sido realizado com o propósito de avaliar a dissimilaridade entre genótipos e identificar parentais divergentes para hibridação. Além disso, a análise permite inferir quais caracteres são responsáveis pela maior parte da divergência encontrada, possibilitando o descarte de caracteres que pouco contribuem para a divergência genética dos genótipos em estudo, reduzindo

significativamente o tempo e o custo de avaliação destas características (CRUZ, 2008).

Salimi (2013) utilizando a análise de componentes principais para estimar a diversidade genética em soja sob estresse hídrico, concluiu que sete componentes principais explicaram 82% da variação total dos dados em condições de estresse. As características número de dias para o florescimento, número de sementes, produtividade e teor de óleo foram eficientes na discriminação da diversidade genética.

3. MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Local e condução do experimento

O trabalho foi conduzido na área experimental do Departamento de Produção Vegetal pertencente à Universidade Estadual “Júlio de Mesquita Filho”, Campus de Jaboticabal, localizada ao norte do Estado de São Paulo, a 21°15' de latitude sul e 48°18' de longitude oeste, com altitude aproximada de 600 m.

O experimento foi semeado manualmente no ano agrícola 2012/2013 e conduzido em área homogênea, com espaçamento de 0,5 m entre linhas, e com número variável de linhas para cada população, a depender do número de sementes da geração anterior. Esta estratégia foi adotada em função do número de sementes disponíveis em cada cruzamento, estando de acordo com a metodologia utilizada por Carvalho; Lanza; Fallieri (2003) e Chiorato et al., (2007).

Durante a condução do experimento, foram realizados todos os tratamentos culturais recomendados para a cultura da soja (EMBRAPA, 2011).

3.2 Material genético

Para a realização do trabalho, foram avaliadas populações de geração F₂ sintetizadas por meio de hibridações em casa-de-vegetação. Como parentais foram utilizadas cultivares comerciais com elevado teor de óleo (Tucunaré e Carajás) em todos os cruzamentos, com genótipos contrastantes (baixos teores de óleo), no entanto, portadores de caracteres de interesse agrônomo tais como: precocidade, boa resistência às principais doenças, além de adaptação plena às áreas canavieiras e alta produtividade.

No total, foram avaliadas 256 plantas, sendo avaliadas 16 progênes em cada um dos cruzamentos, os quais encontravam-se na geração F₂ (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogias dos dezesseis cruzamentos de soja avaliados no ano agrícola 2012/13.

CRUZAMENTOS		GENEALOGIA	
C1	Carajás	X	Linhagem 54 (JAB.00-06-2/2C4A)
C2	Carajás	X	Linhagem 62 (JAB.00-02-26/3D3D)
C3	Carajás	X	Linhagem 02 (JAB.00-03-11/1H1C)
C4	Carajás	X	Linhagem 53 (JAB.00-06-2/2C1D)
C5	Carajás	X	IAC – Foscarin 31
C6	Tucunaré	X	Linhagem 69 (JAB.00-02-3/6A4D)
C7	Tucunaré	X	Linhagem 54 (JAB.00-06-2/2C4A)
C8	Tucunaré	X	Linhagem 02 (JAB.00-03-11/1H1C)
C9	Tucunaré	X	Linhagem 52 (JAB.00-06-2/3I3D)
C10	Tucunaré	X	Linhagem 53 (JAB.00-06-2/2C1D)
C11	Tucunaré	X	Linhagem 70 (JAB.00-02-1/8C1A)
C12	Tucunaré	X	IAC – Foscarin 31
C13	Tucunaré	X	IAC 23
C14	Tucunaré	X	Conquista
C15	Tucunaré	X	Renascença
C16	Tucunaré	X	BRS 231

3.3 Caracteres avaliados

Para avaliar o desempenho agronômico das progênes F₂, foram utilizados os seguintes caracteres:

- **Altura da planta na maturidade (APM):** distância do colo da planta até o ápice da haste principal, em centímetros.

- **Altura de inserção da primeira vagem (AIV):** distância do colo da planta até a altura da primeira vagem, em centímetros.

- **Número de ramos por planta (NR):** obtido após a colheita contando-se a quantidade de ramos de todas as plantas colhidas na parcela.

- **Número de nós por planta (NN):** obtido após a colheita contando-se a quantidade de nós de todas as plantas colhidas na parcela.

- **Número de vagens por planta (NV):** obtido após a colheita contando-se a quantidade de vagens de todas as plantas colhidas na parcela.

- **Peso de 100 sementes (PCS):** peso obtido de uma amostra de 100 sementes após a debulha das vagens, em gramas por planta.

- **Produção de grãos (PG):** peso das sementes colhidas, após a debulha das vagens, em gramas.

- **Teor de óleo (%Óleo):** foi obtido através do método de espectroscopia por Infravermelho Próximo (NIR), utilizando um Espectrofotômetro modelo TANGO, da marca Bruker.

3.4. Análise de teor de óleo

Para a determinação do teor de óleo, a partir das sementes F₃, que foram colhidas em abril de 2013, foram retirados os espectros de reflectância das

sementes de cada planta individual utilizando o equipamento da Empresa Bruker, modelo Tango. Cada espectro foi medido com uma média de 64 *scans* com resolução de 16cm^{-1} , sem portanto haver necessidade de destruição das sementes.

Esta leitura foi realizada com o auxílio de uma curva de calibração existente no equipamento de que utiliza a metodologia de Espectroscopia por Infravermelho Próximo (NIR), fornecida pelo Fabricante Bruker, enriquecida com valores de leituras de genótipos pertencentes ao Programa de Melhoramento de Soja da FCAV-UNESP Jaboticabal.

3.5 Análises Estatísticas

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa Statistica (STATSOFT, 2004).

Para as análises multivariadas realizadas a partir dos oito caracteres agronômicos foram utilizados a distância euclidiana, os métodos de agrupamento hierárquicos UPGMA e Ward e a análise de componentes principais. A distância euclidiana foi a medida de dissimilaridade escolhida, por não exigir experimentos que envolvam delineamentos com repetições.

Todos os dados foram padronizados de forma que as variáveis contribuam com o mesmo peso no cálculo do coeficiente de semelhança entre os objetos. A função de padronização adotada pelo software Statistica é:

$$Z_{ij} = \frac{X_{ij} - \bar{X}_j}{S_j}$$

Em que:

j = caracteres (1,2,...,p);

i = cruzamentos (1,2,...,n);

Z_{ij} = valor padronizado de X_{ij} e $\bar{X}_j$;

S_j = média e o desvio padrão da coluna j .

3.5.1 Distância euclidiana

O cálculo da distância euclidiana foi feito a partir dos dados originais padronizados, em virtude das diferentes escalas de mensuração.

Após a padronização, a distância euclidiana entre os pares de cruzamentos foi calculada utilizando-se a expressão

$$d_{ii'} = \sqrt{\sum_j (y_{ij} - y_{i'j})^2}$$

em que:

y_{ij} = valor do i -ésimo cruzamento, em relação ao j -ésimo caráter avaliado.

3.5.2 Análises de agrupamento

A diversidade genética foi estimada entre os cruzamentos de soja utilizando a análise de agrupamento pelos métodos hierárquicos de Ward e UPGMA.

Calcula-se a soma de quadrados dentro de cada aglomerado, isto é:

$$SS_i = \sum_{k=1}^{n_t} (X_{ik} - \bar{X}_i)'(X_{ik} - \bar{X}_i)$$

Em que:

N_i : número de elementos no aglomerado A_i quando se está no passo s do processo de agrupamentos;

X_{ik} : vetor de observações do k -ésimo elemento amostral que pertence ao i -ésimo conglomerado;

$\bar{X}_i$: centroide do conglomerado A_i ;

SS_i : soma de quadrados correspondente ao aglomerado A_i .

No passo S , a soma de quadrados total dentro dos grupos (SSR) é definida como:

$$SSR = \sum_{i=1}^{g_s} SS_i$$

Em que:

G_s : número de grupos existentes quando se está no passo S .

A distância entre os aglomerados A_i e B_l é, então, definida como:

$$d(A_i, B_l) = \left[\frac{n_i n_l}{n_i + n_l} \right] (\bar{X}_i - \bar{X}_l)' (\bar{X}_i - \bar{X}_l)$$

que é a soma de quadrados entre os *clusters* A_i e B_l . Em cada passo do algoritmo de agrupamento, os dois conglomerados que minimizam a distância, são combinados.

O método da ligação média entre grupos (UPGMA) utiliza as médias aritméticas das medidas de distância, evitando caracterizar a distância por valores extremos entre os indivíduos considerados. Assim, a estrutura do dendrograma é constituída pelos indivíduos de maior similaridade e a distância entre um indivíduo k e um grupo formado é fornecida por:

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

3.5.3 Análise de componentes principais

A análise de componentes principais permite visualizar a dispersão das cultivares a partir de um plano cartesiano, obtido pelos scores dos primeiros componentes, nos quais o aproveitamento da variabilidade disponível seja maximizado. Para a realização da análise, feita com dados padronizados, considera-se que X_{ij} é a média padronizada do j -ésimo carácter ($j = 1, 2, \dots, n$) avaliado no i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, g$) e R a matriz de covariâncias ou de correlação fenotípica entre esses caracteres.

A técnica dos componentes principais consiste em transformar o conjunto de variáveis quantitativas iniciais ($x_{i1}, x_{i2}, \dots, x_{iv}$) em um novo conjunto ($Y_{i1}, Y_{i2}, \dots, Y_{iv}$), que são funções lineares dos x_i ,^s e independentes entre si, denominadas de componentes principais. Cada componente principal (Y_{ij}) representa uma combinação linear de variáveis do primeiro conjunto, de tal forma que não haja correlação entre estes novos componentes. Na análise, o primeiro componente é o de maior variância, seguido pelo segundo de maior variância, e assim sucessivamente para os demais componentes.

A técnica baseia-se apenas nas informações individuais de cada acesso sendo indicada quando o delineamento não possui repetições, como é o caso do presente estudo.

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As distâncias genéticas estimadas entre os pares de cruzamentos por meio da distância euclidiana, baseada nos caracteres agronômicos, oscilaram entre 1.24 a 8.13, com média de 3.70, sendo a menor distância observada entre os cruzamentos C1 e C4 e a maior distância entre os cruzamentos C2 e C6, como demonstrado na Tabela 2. Tal fato indica a existência de variabilidade genética entre os cruzamentos.

Tabela 2. Matriz de dissimilaridade com base na distância euclidiana dos dezesseis cruzamentos.

	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16
C1	0															
C2	7.59	0														
C3	3.56	6.35	0													
C4	1.24	7.22	3.07	0												
C5	5.00	5.47	2.51	4.70	0											
C6	3.87	8.13	4.52	4.20	5.25	0										
C7	2.48	6.32	3.48	2.22	4.10	5.35	0									
C8	3.27	5.98	2.24	2.54	2.99	4.15	2.63	0								
C9	4.22	6.29	4.03	3.85	4.17	7.01	2.05	3.76	0							
C10	3.40	5.57	2.94	3.01	3.30	5.93	1.54	2.73	1.62	0						
C11	1.27	6.62	3.04	1.27	4.36	3.65	2.26	2.46	4.09	2.93	0					
C12	4.18	5.53	3.33	3.69	2.71	4.62	3.00	1.64	3.82	3.06	3.43	0				
C13	3.78	5.89	4.06	3.25	4.74	6.71	2.07	3.45	2.21	1.67	3.34	3.90	0			
C14	2.86	6.54	4.20	2.65	5.44	4.88	3.50	3.61	5.01	3.72	2.15	4.49	3.35	0		
C15	2.76	6.79	3.95	1.90	5.13	5.37	2.14	2.61	3.52	2.89	2.38	3.44	2.32	2.70	0	
C16	2.33	5.79	2.91	2.11	3.69	4.38	1.99	2.20	3.53	2.10	1.34	2.88	2.59	2.07	2.41	0

Resultados semelhantes foram obtidos por diversos autores (ALMEIDA; PELUZIO; AFFÉRRI, 2011; PELUZIO et al., 2012; RIGON et al., 2012; BIZARI et al., 2014).

Villela et al. (2014) estimando a diversidade genética em cultivares de soja RR, observaram distâncias genéticas entre 0.46 a 9.79, obtidas por meio dos caracteres agronômicos e estimadas a partir da distância euclidiana, indicando a presença de variabilidade genética entre as cultivares de soja RR avaliadas, pertencentes a diferentes programas de melhoramento genético de soja do Brasil.

4.1 Análise de agrupamento

A análise de agrupamento pelo método UPGMA encontra-se representada pelo dendrograma (Figura 1), onde verificou-se que os 16 cruzamentos foram agrupados em cinco grupos. O corte no dendrograma foi efetuado a 30%, ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível, conforme recomendação de Cruz (1990).

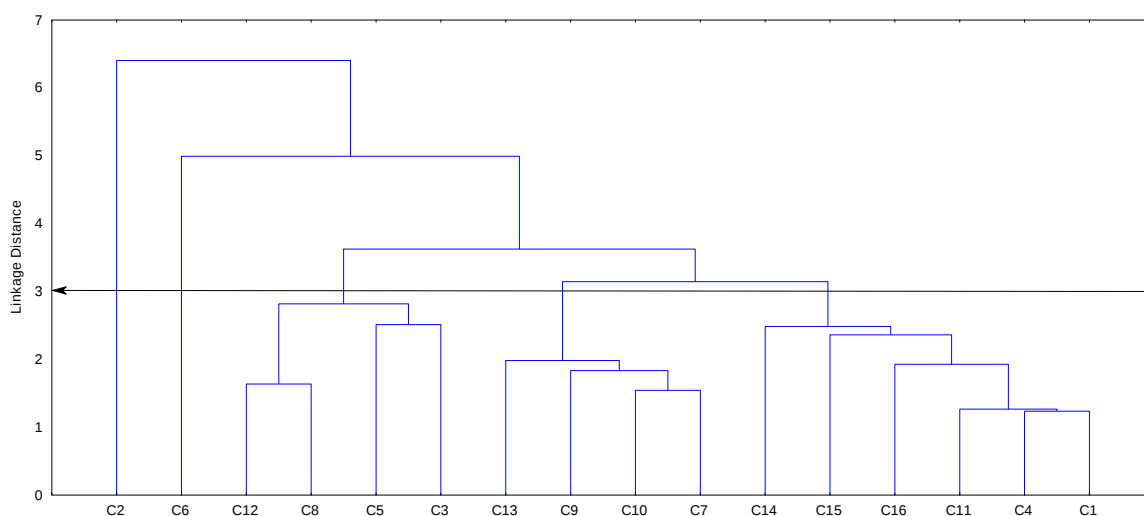


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método UPGMA dos 16 cruzamentos com base nos caracteres agronômicos.

Resultados semelhantes foram obtidos por Santos et al. (2011) estimando a diversidade genética pelo método de UPGMA em genótipos de soja, obtiveram a formação de quatro grupos distintos, com base nos caracteres agronômicos.

Os cruzamentos C2 e C6 foram isolados em I e II, respectivamente, indicando que possuem características específicas (Figura 1). O cruzamento C6 apresentou elevado número de ramos, vagens e nós e produção de grãos e teor de óleo, com valores acima da média geral para essas características, como demonstrado pela Tabela 3. Enquanto o cruzamento C2 apresentou alta inserção da primeira vagem, baixa produção de grãos e teor de óleo.

Tabela 3. Médias originais dos cruzamentos baseado nas unidades das variáveis: altura da planta na maturidade, em cm (APM); altura da inserção da primeira vagem, em cm (AIV); acamamento (Ac); valor agronômico (VA); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de nós (NN); peso de cem sementes, em gramas (PCS); teor de óleo (% óleo); e produção de grãos, em gramas (PG).

Cruzamentos	APM	AIV	NR	NV	NN	PCS	PG	% óleo
C1	63,50	12,63	8,69	238,13	14,94	14,49	69,87	23,25
C2	107,06	23,00	6,00	162,00	18,00	15,06	41,06	20,14
C3	93,13	14,06	5,44	223,00	19,25	13,29	59,22	23,07
C4	71,25	11,19	7,94	245,75	15,13	14,75	64,52	22,48
C5	116,88	17,75	6,06	165,50	19,75	13,16	44,24	23,03
C6	103,06	14,50	10,38	284,13	21,56	15,44	79,31	23,82
C7	64,88	13,56	8,00	176,56	14,69	15,73	46,64	22,19
C8	93,94	12,94	7,50	213,19	19,25	13,67	52,50	21,64
C9	67,44	13,19	6,31	122,06	13,50	16,69	34,67	22,31
C10	73,38	15,50	6,38	162,13	14,75	15,69	46,85	22,04
C11	70,00	14,44	8,38	245,25	16,19	16,28	66,92	22,42
C12	107,69	14,38	8,44	170,38	19,19	15,02	43,59	21,53
C13	61,50	14,06	6,44	154,19	13,19	17,58	54,82	20,86
C14	71,19	15,75	7,94	250,50	14,06	17,53	84,54	20,99
C15	68,80	10,40	8,07	207,53	14,80	16,13	60,92	20,84
C16	76,88	16,50	7,81	215,06	15,75	14,72	63,29	21,80
Média Geral	81,91	14,62	7,49	202,21	16,50	15,33	57,06	22,03

O grupo III agrupou os cruzamentos C12, C8, C5 e C3 (Figura 1). A relação próxima destes cruzamentos ocorreu por possuíam como ancestrais comuns, a linhagem 2 e as cultivares IAC-Foscarin 31, Carajás e Tucunaré. Porém, vale ressaltar que houve mudanças na ordem dos genitores em cada cruzamento, como observado na Tabela 1. É possível identificar também que entre os cruzamentos deste grupo pode-se relacionar os pares C12 e C8 pelo parental Tucunaré, os cruzamentos C5 e C3 pelo parental Carajás, os cruzamentos C5 e C12 que compartilham do parental IAC Foscarin 31 e, da mesma forma, os cruzamentos C3 e C8 pela Linhagem 2. Além disso, esses cruzamentos apresentaram elevado número de nós como característica comum, sendo superior à média geral (Tabela 3).

O grupo IV integrou os cruzamentos C13, C9, C10 e C7 (Figura 1), devido ao fato de que todos possuem a cultivar Tucunaré como parental em comum (Tabela 1). As linhagens 52, 53 e 54, genitores dos cruzamentos C9, C10 e C7, são definidas como irmãs, tendo em vista que possuem o genótipo JAB.00-06-2 como um ancestral comum entre elas, o que reafirma a proximidade que as reuniu no grupo. Makino (2010), estudou anteriormente para fracionamento de óleo, os genótipos JAB.00-06-2 pertencentes ao programa de melhoramento genético da Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal. As características que reuniram esse grupo foram reduzida altura de planta da maturidade, alto peso de cem sementes e reduzidos valores de número de nós (Tabela 3).

O grupo V agrupou o maior número de cruzamentos, sendo estes: C14, C15, C16, C11, C4, C1 (Figura 1). A cultivar Tucunaré apresenta-se como

genitora dos cruzamentos C11, C14, C15 e C16, gerando semelhança e explicando o seu agrupamento (Tabela 1). Esse grupo foi originado por apresentar plantas baixas e elevado número de vagens, como demonstrado pela Tabela 3. Tais coincidências indicam similaridade entre as cultivares de soja, mesmo quando oriundas de hibridações com diferentes ancestrais.

Miranda et al. (2007) avaliando a estrutura genética de 90 cultivares de soja elite pelo método UPGMA, demonstraram que várias cultivares possuem ancestrais comuns, concluindo o alto grau de similaridade entre as principais cultivares de soja do Brasil.

Outros autores também estimaram a diversidade genética por meio do método de agrupamento UPGMA (MIKEL et al., 2010; VAL et al., 2013).

O dendrograma construído através do método de Ward (Figura 2) formou cinco grupos, com características semelhantes às dos grupos obtidos pelo método UPGMA, obedecendo à mesma relação de similaridade entre os genótipos.

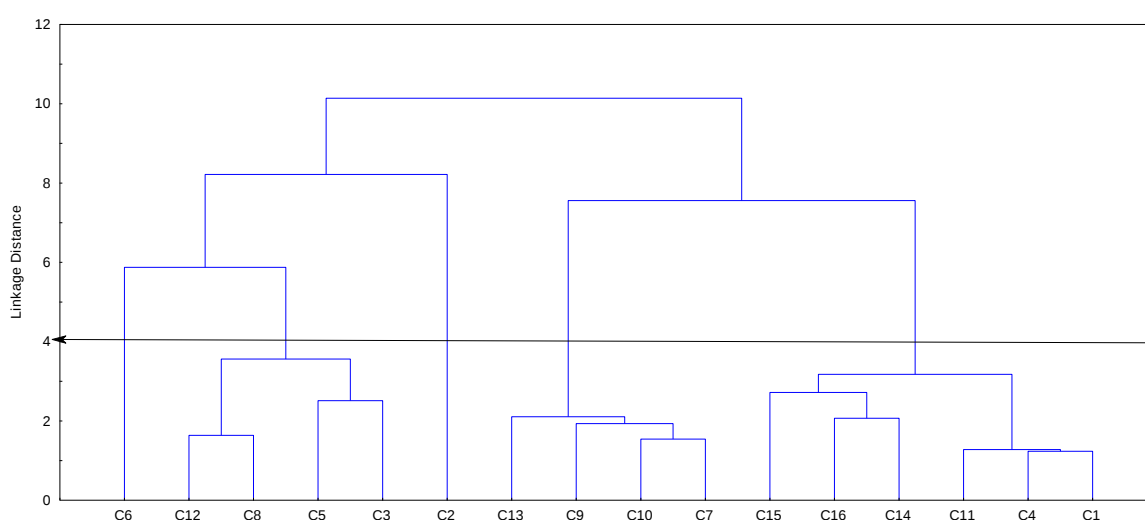


Figura 2. Dendrograma obtido pelo método de agrupamento de Ward, dos 16 cruzamentos com base nos caracteres agronômicos.

Para análise do dendrograma, levou-se em consideração um corte a 40%, onde havia pontos de alta mudança de nível. O cruzamento C6 permaneceu isolado no primeiro grupo (Figura 2), apresentando características específicas, sendo assim, pela Tabela 3, foi possível verificar que apresentou elevado número de ramos, nós e vagens e alta produção de grãos e teor de óleo, permanecendo com valores acima da média geral, como relatado anteriormente na análise realizada pelo método de UPGMA.

No grupo II foram alocados os cruzamentos C12, C8, C5 e C3, sendo similares (Figura 2). A similaridade foi devida à semelhança nas genealogias, já que possuem a linhagem 2, e as cultivares Carajás, Tucunaré e IAC-Foscarin 31 como parentais, mudando-se apenas as ordens dos pais dentro dos cruzamentos (Tabela 1). Também todos os cruzamentos deste grupo apresentaram elevado número de nós (Tabela 3).

O cruzamento C2 permaneceu isolado, apresentando alta inserção da primeira vagem e baixa produção de grãos e teor de óleo (Tabela 3).

O grupo IV foi constituído pelos cruzamentos C13, C9, C10 e C7 (Figura 2). A similaridade desses cruzamentos dentro do grupo, é explicado por ter a cultivar Tucunaré como parental de todos os cruzamentos e por possuir o genótipo JAB.00-06-2 como ancestral de C7, C9 e C10. As características que os reuniram esse grupo foram plantas baixas, elevado peso de cem sementes e baixo número de nós (Tabela 3).

O grupo V aglomerou seis cruzamentos (C15, C16, C14, C11, C4 e C1) (Figura 2). Neste grupo a classificação foi baseada nos seguintes caracteres: plantas baixas e elevado número de nós (Tabela 3).

Verificou-se semelhança na constituição dos dendrogramas entre as metodologias UPGMA e de WARD, porém estas se diferenciaram pela ordem dos cruzamentos dentro dos grupos e na ordem dos grupos formados.

As considerações observadas de cada grupo são as mesmas realizadas para o agrupamento pelo método UPGMA, sabendo-se que dentro dos grupos formados, os cruzamentos que pertencem ao mesmo grupo compartilham de um ancestral comum e características específicas semelhantes. Os grupos formados apresentam alta homogeneidade interna e alta heterogeneidade externa na análise da divergência genética, ou seja, os conjuntos mais próximos são mutuamente similares e, preferencialmente, distintos dos demais para maior probabilidade de sucesso nos cruzamentos (LINDEN, 2009).

Vianna et al. (2013) avaliando genótipos de soja, identificaram pelo método de Ward, que, a maioria dos genótipos foram alocados no mesmo grupo, indicando a similaridade entre eles. Ferreira Junior et al. (2013) verificaram a presença de variabilidade genética entre os genótipos de soja através de agrupamentos pelo método de Ward.

Sarti (2007) estudando a divergência genética entre linhagens e cultivares de soja com resistência ao nematoide de cisto utilizando os métodos de Ward e UPGMA, observou a congruência dos resultados em ambas as metodologias.

Os poucos grupos gerados em ambos os dendrogramas se deve pela estreita estrutura genética da cultura da soja, similarmente à base genética dos EUA, sendo ainda menor quando comparada as da China e Japão e isto se deve à frequência com que cada ancestral está presente nas genealogias das cultivares. A base genética da soja é formada basicamente por apenas quatro

ancestrais, sendo necessário a incorporação de novos genótipos, para aumentar a base genética, visando um incremento na produtividade e soluções de problemas pontuais, como por exemplo, resistência a doenças (WYSMIERSKI, 2010).

4.2. Análise de Componentes Principais

Na análise dos componentes principais, do total de oito autovalores gerados, os três primeiros componentes foram superiores a um, explicando 86,2% da variância contida nas oito variáveis originais (Tabela 4).

Tabela 4. Autovalores da matriz de correlação, variâncias totais (%) e acumuladas para cada número de autovalor a serem determinados na análise da média dos cruzamentos.

Número do autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	3.281644	41.02055	3.281644	41.0206
2	2.270992	28.38740	5.552637	69.4080
3	1.339765	16.74707	6.892402	86.1550
4	0.502131	6.27664	7.394533	92.4317
5	0.359136	4.48920	7.753669	96.9209
6	0.190365	2.37957	7.944034	99.3004
7	0.035400	0.44249	7.979434	99.7429
8	0.020566	0.25708	8.000000	100.0000

De acordo com Cruz; Regazzi; Carneiro (2004) estimativas mínimas de 80% da variação total, entre os componentes iniciais, permitem explicar satisfatoriamente a variabilidade manifestada entre os genótipos. Resultado semelhante foi obtido por Benin et al. (2003) em que os três primeiros componentes foram responsáveis por reter 89,7% dos dados.

Na Tabela 5, estão relacionadas as variáveis que contribuíram para a diversidade genética entre os cruzamentos estudados, considerando-se como

caraterísticas que mais contribuíram aquelas com valores maiores ou próximos a 0.600. Sabe-se que o maior valor das variáveis, em módulo, representa maior contribuição da característica atuando naquele componente principal (VILLELA, 2013).

O primeiro componente principal reteve 41,02% da variação total dos dados (Tabela 4), tendo como características de maiores contribuições o NV (0.806), seguido por PG (0.788), NR (0.748), AIV (-0.706), PCS (-0.699) e %ÓLEO (0.572) (Tabela 5). O segundo componente principal reteve 28,39% do total de dados (Tabela 4), e os caracteres com maiores contribuições foram NN (0.951) e APM (0.884) (Tabela 5).

Tabela 5. Importância relativa das oito características nos três componentes principais. Altura da planta na maturidade, em cm (APM); altura da inserção da primeira vagem, em cm (AIV); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de nós (NN); peso de cem sementes, em gramas (PCS); produção de grãos, em gramas (PG) e teor de óleo (%Óleo).

Características	CP1	CP2	CP3
APM	-0.371	0.884	-0.166
AIV	-0.706	0.458	0.349
NR	0.748	0.216	0.280
NV	0.806	0.381	0.379
NN	-0.004	0.951	-0.220
PCS	-0.699	0.191	0.595
PG	0.788	0.147	0.509
%ÓLEO	0.572	0.355	-0.553

O terceiro componente absorveu 16,75% (Tabela 4) da variação dos dados e a característica de maior contribuição foi PCS (0.595) (Tabela 5).

A dissimilaridade entre os cruzamentos pode ser facilmente observada individualmente pela dispersão gráfica dos componentes principais. O plano bidimensional formado pelos componentes (CP1 x CP2) distingue os

cruzamentos C2 e C6 como os mais divergentes, devido ao seu distanciamento (Figura 3). O cruzamento C6 destacou-se por suas características específicas relacionadas com as características número de vagens (NV), número de ramos (NR), produção de grãos (PG) e teor de óleo (% Óleo), como observado na Figura 3, cujas médias são apresentadas na Tabela 3. Também foi possível discriminar o cruzamento C5 para altura da inserção de vagem (AIV) (Figura 3).

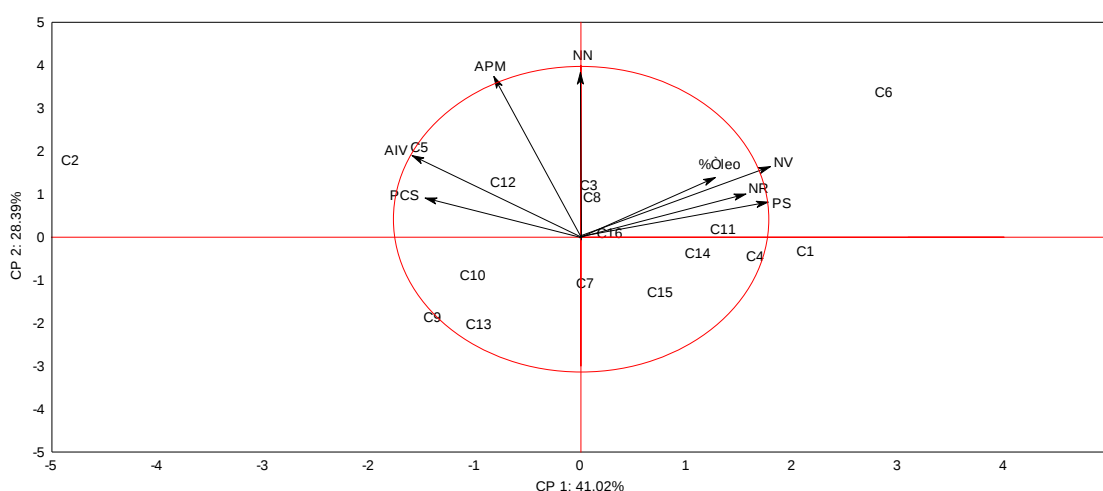


Figura 3. Dispersão gráfica dos 16 cruzamentos de soja, considerando os componentes principais (CP1 x CP2) referentes aos oito caracteres agrônômicos avaliados.

A projeção dos componentes (CP1 x CP3), observada na Figura 4, confirma os dados da primeira projeção para os cruzamentos C2 e C6, sendo considerados como os mais divergentes. O cruzamento C6 foi caracterizado pelas características NR, NV e PG. O C2 se destacou para característica específica relacionada com AIV.

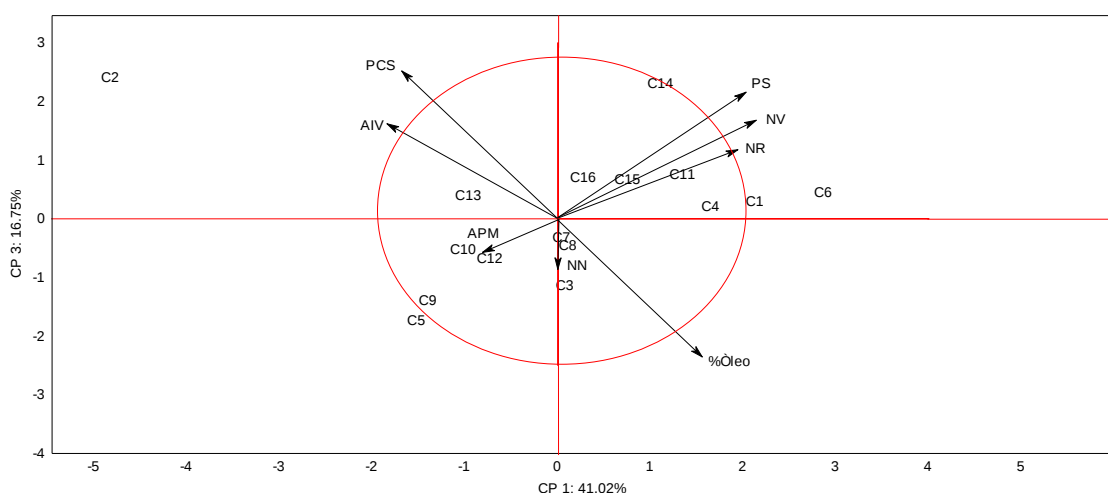


Figura 4. Dispersão gráfica dos 16 cruzamentos de soja, considerando os componentes principais (CP1 x CP3) referentes aos oito caracteres agrônômicos avaliados.

A individualização dos cruzamentos mais divergentes na análise dos componentes principais reforça os dados obtidos pelos agrupamentos UPGMA e de Ward.

Pela análise das dispersões gráficas dos componentes principais é possível verificar também que os cruzamentos mais similares entre si ficaram em posições próximas, formando grupos semelhantes aos dos dendrogramas. Desta forma, os resultados são congruentes aos relatados por Ferraudo (2014), que reforça a ideia de que embora a análise de agrupamentos seja uma metodologia bastante simples e a análise de componentes principais uma metodologia mais complexa, espera-se uma boa concordância entre os resultados, devendo ser utilizada uma como complemento à outra.

Vale ressaltar que, de acordo com a formação dos grupos, é possível distinguir os vários cruzamentos avaliados por meio dos caracteres agrônômicos avaliados. De acordo com os valores médios obtidos para cada cruzamento, observa-se que podem ser destacados genótipos superiores a partir da seleção nas gerações seguintes de progênie superiores dentro dos cruzamentos em

referência, dando continuidade ao processo seletivo com possibilidade de obtenção de novas cultivares produtivas e portadoras de bons atributos agronômicos.

Os caracteres APM, NV, NR, NN, PG e %Óleo foram os que mais contribuíram para a diversidade genética observada no presente estudo.

5. CONCLUSÕES

Verificou-se a presença de variabilidade genética entre os cruzamentos de soja estudados.

Com os caracteres agronômicos avaliados, é possível identificar cruzamentos divergentes e com características complementares dentro do grupo avaliado.

As técnicas multivariadas são determinantes para a análise da diversidade genética, sendo que os métodos de agrupamento UPGMA e Ward, além dos componentes principais, apresentam resultados congruentes.

8. REFERÊNCIAS

ALLARD, R.W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. Tradução de A. Blumenschein; E. Paterniani; J. T. A. Guergel; R. Vencovsky. Rio de Janeiro: Usaid, 1971. 381 p.

ALLIPRANDINI, L.F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; MATSUMOTO, M. N.; OLIVEIRA, A. R.; PITOL, C.; PRADO, L. C.; STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, vol 49, p 801-808, 2009.

ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M. AFFÉRRI, 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.

APROSOJA BRASIL. **Uso da Soja**. 2014. Disponível em: <<http://aprosojabrasil.com.br/2014/sobre-a-soja/uso-da-soja/>>. Acesso em: 24 jan. 2014.

BENIN, G. CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; MARCHIORO, V. S.; LORENCETTI, C.; KUREK, A. J.; SILVA, J. A. G.; CRUZ, P. J.; HARTWIG, I. SCHMIDT, D. A. M. Comparações entre medidas de dissimilaridade e estatísticas multivariadas como critérios no direcionamento de hibridações em aveia. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 4, p. 657-662, ago, 2003.

BENITEZ, L. C.; RODRIGUES, I. C. S.; ARGE, L. W. P.; RIBEIRO, M. V.; BRAGA, E. J. B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 42, n. 2, p. 409-416, 2011.

BERTINI, C. H. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; SILVA, J. W. L.; TEÓFILO, E. M. Análise multivariada e índice de seleção na identificação de genótipos superiores de feijão-caupi. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v. 32, n. 4, p. 613-619, 2010.

BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Híbridos em espécies autógamas. In: BESPALHOK F., J.C.; GUERRA, E.P.; OLIVEIRA, R. Melhoramento de Plantas. Disponível em www.bespa.agrarias.ufpr.br, p.1-9. 2007.

BIZARI, E.H.; UNEDA-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. **Journal of Food, Agriculture & Environment**, v.12, n.1, p. 259-265, 2014.

BONATO, E.R.; BERTAGNOLLI, P.F.; LANGE, C.E.; RUBIN, S. de A.L. Teor de óleo e de proteína em genótipos de soja desenvolvidos após 1990. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 12, p.2391-2398, dez. 2000.

BORÉM, A. (Ed.). **Hibridação artificial de plantas**. Viçosa: UFV, 1999. 548 P.

BORÉM, A. **Melhoramento de Plantas**. 2.ed. Viçosa: Editora UFV, 1998. 453p.

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

CÂMARA, G.M.S. Origem, difusão geográfica e importância da soja. In: CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia da produção**. Piracicaba: USP, 1998. p. 1-25.

CAPELLARI JR, L.; RODRIGUES, R.R.; SOUZA, V.C. **Botânica sistemática aplicada aos cursos de Engenharia Agrônômica e Engenharia Florestal**. Piracicaba: Departamento de Ciências Biológicas, ESALQ/USP, 2006.101 p.

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

CARVALHO, L. P.; LANZA, M. A.; FALLIERI, J.; SANTOS, J. W. Análise da diversidade genética entre acessos de banco ativo de germoplasma de algodão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n. 10, p. 1149-1155, 2003. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2003001000003>>.

CARVALHO, Diego dos Santos. **Comportamento Genético de Progenies de Meio-Irmãos de Pinhão Manso no Recôncavo Baiano**. 2010. 42 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Agrárias) – Universidade Federal do Recôncavo Baiano, Cruz das Almas, 2010.

CHIORATO, A. F.; CARBONELL, S. A. M.; BENCHIMOL, L. L.; CHIAVEGATO, M. B.; DIAS, L. A. S.; COLOMBO, C. A. Genetic diversity in common bean accessions evaluated by means of morpho-agronomical and RAPD data. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 64, n. 3, p. 256-262, 2007. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-90162007000300007>>.

CLEMENTE, T. E.; CAHOON, E. B. Soybean oil: genetic approaches for modification of functionality and total content. **Plant physiology**, v. 151, n. 3, p. 1030-1040, 2009.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da safra brasileira: grãos safra 2013/2014, nono levantamento, junho/2014**. Brasília, 2012. 30 p. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/14_06_10_12_12_37_boletim_graos_junho_2014.pdf>. Acesso em: 14 jun. 2014.

CORRAR, L.J.; PAULO, E; DIAS FILHO, J.M. **Análise Multivariada**. São Paulo: Atlas, 2012.

COSTA, M. M. **Herança quali-quantitativa e marcadores moleculares para seleção assistida de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática**. Jaboticabal, 2008, 77 p. Tese (doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, 2008.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 1990.

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

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. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 2001. 390 p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2004. v. 1.

CUI, Z.; CARTER, T. E.; BURTON, J. W.; WELLS, R. Phenotypic Diversity of Modern Chinese and North American Soybean Cultivars. **Crop Science**, Raleigh, s.v., s.n., p.1954-1967, 2001.

CUNHA, G. A. F.; ESPINDOLA, G. C. S. Avaliação e seleção de linhagens produtivas de soja com potencialidade para produção de biodiesel. In: **VIII Jornada Científica da Fazu**. Uberaba. 2009.

DINIZ, Augusto Lima. **Diversidade genética entre acessos cultivados de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.): uma abordagem *in silico* a partir dos genes α -Phs e FRO1**. 2012. 90p. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.

DINIZ-FILHO, J. A. F. **Métodos filogenéticos comparativos**. Ribeirão Preto: Holos, 2000. p. 120.

DOTTO, M. A.; AFFÉRI, F. S.; PELUZIO, J. M.; MELO, A. V.; CARVALHO, E. V. Divergência genética entre cultivares comerciais de milho em baixas altitudes no Tocantins, safra 2007/2008. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 41, n. 4, p. 630-637, 2010.

EMBRAPA. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema de produção 13: Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil 2009 e 2010**. Londrina: EMBRAPA SOJA, 2011. 262 p.

EMBRAPA. Tecnologias de Produção de Soja – Região Central do Brasil. Disponível em: <http://www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm>. Acesso em: 10 jan. 2014.

FARIA, P. N.; CECON, P. R.; SILVA, A. R.; FINGER, F. L.; SILVA, F. F.; CRUZ, C. D.; SÁVIO, F. L. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, Viçosa, v. 30, n. 3, p. 428-432, jul. 2012.

FEHR, W. R.; CAVINESS, J. A. **Stages of soybean development**. Ames: Iowa State University, 1977. 11p. (Special Report, 80).

FERRAUDO, A.S. **Técnicas de Análise Multivariada – uma introdução**. Treinamento. Jaboticabal, SP, 2014.

FERREIRA JÚNIOR, J. A.; VAL, B. H. P.; BIZARI, E. H.; VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DI MAURO, A. O. Divergência Genética Entre Linhagens Avançadas De Soja Portadoras De Genes Para Resistência À Ferrugem Asiática. In: **Simpósio de Tecnologia Sucroenergética e de Biocombustíveis**. Ciência & Tecnologia, Jaboticabal, v. 5, 2013.

FONSECA, A. F. A. da; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAIYAMA, N. S.; FERRÃO, M. A. G.; FERRÃO, R. G.; BRAGANÇA, S. M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 4, p. 599-605, 2006. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2006000400008>>.

FREITAS, M. C. M. A cultura da soja no brasil: o crescimento da produção brasileira e o surgimento de uma nova fronteira agrícola. **Enciclopédia Biosfera**, Goiânia, v. 7, n. 12, p.1-12, 2011.

GOUVÊA, L. R. L.; RUBIANO, L. B.; CHIORATO, A. F.; ZUCHI, M. I.; GONÇALVES, P. S. Genetic divergence of rubber tree estimated by multivariate techniques and microsatellite markers. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 33, n. 2, p. 308-318, 2010.

GOUVÊA, L. R. L. **Divergencia genética da seringueira estimada através de técnicas multivariadas e marcadores moleculares microssatélites**. 2009. Dissertação (Mestrado em Agricultura Tropical e Subtropical) – Instituto Agrônomo de Campinas, Campinas, 2009.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W.C. 2009. **Análise multivariada de dados**. 6. ed. Porto Alegre: Bookman, 2009. 688 p.

KNOTHE, G. Biodiesel Derived from a Model Oil Enriched in Palmitoleic Acid, Macadamia Nut Oil. **Energy & Fuels**, Washington, v. 24, n. 3, p.2098-2103, fev. 2010.

LANDIM, P.M.B. **Análise estatística de dados geológicos multivariados**. Lab. Geomatématica, DGA, IGCE, UNESP/Rio Claro, Texto Didático 03, 128pp. 2000. Disponível em <<http://www.rc.unesp.br/igce/aplicada/textodi.html>> Acesso em julho de 2002.

LINDEN, Ricardo. Técnicas de Agrupamento. **Revista de Sistemas de Informação da FSMA**. n. 4, p. 18-36. 2009.

LIU, M.; ZHANG, M.; JIANG, W.; SUN, G.; ZHAO, H.; HU, S. Genetic diversity of Shaanxi soybean landraces based on agronomic traits and SSR markers. **African Journal of Biotechnology**, Victoria Island, v. 10, n. 24, p. 4823-4837, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.5897/AJB10.2272>>.

MAKINO, J. G. D. **Teor de óleo em sementes de linhagens precoces de soja**. 2010. Trabalho de Conclusão de Curso (Tecnólogo em Biocombustíveis) – Faculdade de Tecnologia, Jaboticabal, 2010.

MALHOTRA, N. K. **Pesquisa de marketing**: uma orientação aplicada. Porto Alegre: Bookman, 2001.

MEDEIROS, A. G. **Parâmetros genéticos e potencial agrônomo de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática**. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de plantas) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2009.

MIKEL, M. A.; DIERS, B. W.; NELSON, R. A.; SMITH, H.H. Genetic diversity and agronomic improvement of North American soyben germplasm. **Crop Science**, Madison, v. 50, n. 4, p. 1219-1229, July-Aug. 2010.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Soja**. 2014a. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/soja>>. Acesso em: 24 jan.2014a.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA PECUÁRIA E ABASTECIMENTO. **Saiba Mais**. Soja. 2014b. Disponível em: <<http://www.agricultura.gov.br/vegetal/culturas/soja/saiba-mais>>. Acesso em: 24 jan. 2014b.

MARQUES, M. C.; ROCHA, J. E. S.; HAMAWAKI, O. T. **Avaliação do Teor de óleo de Cultivares de soja UFU visando a produção de Biodiesel**. 2007. Instituto de Ciências Agrárias – Universidade Federal de Uberlândia. 2007.

MIRANDA, Z. F. S.; ARIAS, C. A. A.; KIHIL, R. A. S.; ALMEIDA, L. A. A.; TOLEDO, J. F. F. de; DESTRO, D. Genetic characterization of ninety elite soybean cultivars using coefficient of parentage. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 3, p. 363-396, 2007.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of Genetic Diversity in Crop Plants—Salient Statistical Tools and Considerations. **Crop Science**, New Delhi, v. 43, s.n., p. 1235-1248, 2003.

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**, v. 45, n. 3, p. 276-283, 2010.

MUNIZ, F. R. S. **Análise da variabilidade genética em populações segregantes de soja**. 2007. 93 f. Tese (Doutorado em Concentração e Melhoramento Genético de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

NASCIMENTO FILHO, F. J.; ATROCH, A. L.; SOUZA, N, R.; GARCIA, T. B.; CRAVO, M, S.; COUTINHO, E. F. Divergência genética entre clones de guaranazeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 3, p. 501-506, mar. 2001.

PARRA, Rosa Maria Alvarez. **Variabilidade e divergência genética em cruzamentos dialélicos de soja**. 2011. 98 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2011.

PAZETO, M. S. R. **Estudo da diversidade genética em acessos de *Jatropha* spp. por meio de caracteres morfológicos e marcadores moleculares ISSR**. 2013. 69f. Tese (Doutorado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, São Paulo, 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**, Guarapuava, v. 2, n. 3, p. 21-29, 2009.

PELUZIO, J. M.; PIRES, L. P. M.; CANCELLIER, L. L.; AFFÉRRI, F. S.; COLOMBO, G. A.; TEIXEIRA JÚNIOR, T.; RIBEIRO, G. R. S. Genetic divergence among soybean cultivars in irrigated lowland in the State of Tocantins. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 3, p. 395-400, 2012.

PENARIOL, A. 2000. **Soja: Cultivares no lugar certo**. Informações Agrônomicas 90:13–14.

PINZI, S.; GARCIA, I. L.; LOPEZ-GIMENEZ, F. J.; LUQUE DE CASTRO, M. D.; DORADO, G.; M. P. The Ideal Vegetable Oil-based Biodiesel Composition: A Review of Social, Economical and Technical Implications. **Energy & Fuels**, Washington, v. 23, n. 5, p. 2325-2341, abr. 2009.

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, p.967-975, 2004.

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

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B. Melhoramento de espécies autógamas. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S. VALADARES-INGLIS, M. C. **Recursos Genéticos e Melhoramento** – plantas. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. Cap. 9, p. 201-230.

RIGON, J. P. G.; CAPUANI, S.; BRITO NETO, J. F.; ROSA, G. M.; WASTOWSKI, A. D.; RIGON, C. A. G. Dissimilaridade genética e análise de trilha de cultivares de soja avaliada por meio de descritores quantitativos. **Revista Ceres**, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

REINA, E.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S.; OLIVEIRA JUNIOR, W. P.; SIEBENEICHLER, S. C. Genetic divergence and phosphorus use efficiency in the soybean with a view to biodiesel production. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 2, p.344-350, jun, 2014.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D. Estimativa de variâncias e herdabilidades de algumas características primárias e secundárias da produção de grãos em soja (*Glycine max* (L.) Merrill). **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v.26, n.4, p.749-761, 2002.

SALIMI, S.; LAHIJI, H. S.; ABADI, G. M.; SALIMI, S.; MORADI, S. Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. **World Applied Sciences Journal**, Dubai, v. 16, n. 4, p. 474-478, 2012.

SALIMI, Sarkaut. Genetic diversity in soybean genotypes under water stress and normal condition using factor analysis and cluster analysis. **African Journal of Agricultura Research**, Mariwan, v.8, n.49, p.6529-6536, 2013.

SANCHES, A, C. As perspectivas da expansão da soja. In: XLIII CONGRESSO DA SOBER, 2005.

SANTOS, E. R.; BARROS, H. B.; FERRAZ, E. C.; CELLA, A. J. S.; CAPONE, A.; SANTOS, A. F.; FIDELIS, R. R. Divergência entre genótipos de soja, cultivados em várzea irrigada. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 58, p. 755-764, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2011000600012>>.

SARTI, Daniela Garcia Penha. **Avaliação da base genética de genótipos de soja resistentes ao nematoide de cisto (raça 3) por marcadores microssatélites**. 2007. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista. 2007.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (Ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Ed. UFV, 2005. 969p.: il.; 23 cm.

SHADAKSHARI, T. V.; KALAIMAGAL, T.; SENTHIL,N.; BORANAYAKA, M. B.; KAMBE GOWDA, R.; RAJESHA, G. Genetic diversity studies in soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] based on morphological characters. **Asian Journal of Bio Science**, Tokyo, v. 6, n. 1, p. 7-1, 2011.

SILVA, S. S.; SILVA-MANN, R.; CARVALHO, S. V. A. Diversidade Genética e Seleção Assistida por Marcadores moleculares RAPD em populações de alface. **Scientia Plena**. São Cristóvão. v. 6 n. 3 s.p. 2010.

SILVA, Anderson Rodrigo. **Métodos de agrupamento: avaliação e aplicação ao estudo de divergência genética em acessos de alho**. 2012. 67 f. Dissertação (Mestrado em Estatística Aplicada e Biometria) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2012.

SILVA, F. L.; BAFFA, D. C. F.; OLIVEIRA, A. C. B.; PEREIRA, A. A.; BONOMO, V. S. Integração de dados quantitativos e multicategóricos na determinação da divergência genética entre acessos de cafeeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 3, p. 224-229, ago, 2013.

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. 2007. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

SOUZA, P.F.C.; ALVES, E.; CASTRO, H.A. Influência da temperatura no desenvolvimento de teliósporos de *Phakopsora pachyrhizi* em folíolos de soja. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v. 32, n. 3, p. 227-231, 2006.

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

TYSON, K. S.; McCORMICK, R. L. **Biodiesel Handling and Use Guidelines**. 3. ed. Golden: National Renewable Energy Laboratory, 2006. Disponível em: <http://www.osti.gov/bridge>. Acesso em: 12 de dezembro de 2010.

USDA. United State Department of Agriculture. World Agricultural Supply and Demand Estimates. Disponível em: <<http://www.usda.gov/oce/commodity/wasde/latest.pdf>>. Acesso em: 15 jun. 2014.

VAL, B. H. P.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; SILVA, F. M.; VIANNA, V. F.; DI MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Diversidade Genética Entre Genótipos de Soja por Meio de Caracteres Agromorfológicos. In: **Simpósio de Tecnologia Sucroenergética e de Biocombustíveis**. Ciência & Tecnologia, Jaboticabal, v. 5. 2013.

VASCONCELOS, E. S.; CRUZ, C. D.; BHERING, L. L.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R. Método alternativo para análise de agrupamento. **Revista Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 10, p. 1421-1428, out, 2007.

VELLO, N.A. Métodos de Melhoramento de Soja. In: I SIMPÓSIO SOBRE CULTURA E PRODUTIVIDADE DA SOJA, 1992, Piracicaba, **Anais...** Piracicaba, FEALQ, 1992. p. 40-59.

VENCATO, A. Z., et al. Anuário Brasileiro da Soja 2010. Santa Cruz do Sul: Ed. **Gazeta Santa Cruz**, p. 144, 2010.

VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DESIDÉRIO, J. A.; SANTIAGO, S.; CHARNAI, K.; FERREIRA JÚNIOR, J. A.; FERRAUDO, A. S.; DI MAURO, A. O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 30, p.4162-4169, ago, 2013.

VICINI, L. **Análise multivariada da teoria à prática**. Monografia (especialização) – Universidade Federal de Santa Maria, UFSM, CCNE, 2005. 215p.: il.

VILLELA, Otávia Tiago. **Diversidade Fenotípica e molecular de cultivares brasileiras de soja portadoras de gene RR**. 2013. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2013.

VILLELA, O. T.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; SILVA, F.M; JUNIOR, L.S.B; MAURO, O. Genetic divergence of roundup ready (RR) soybean cultivars estimated by phenotypic characteristics and molecular narkers. **African journal of biotechnology**. v.13, n.26,p. 2613-2625, 2014.

WYSMIERSKI, Philip Traldi. **Contribuição genética dos ancestrais da soja às cultivares brasileiras**. 2010. 99 f. Dissertação (Mestrado em Ciências Biológicas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

YORINORI, J.T. PAIVA, W.M.; FREDERICK, R.D.; COSTAMILAN, L.M.; BERTAGNOLLI, P.F.; HARTMAN, G.E.; GODOY, C.V.; NUNES Jr, J. Epidemics of soybean rust (*Phakopsora pachyrhizi*) in Brasil and Paraguay from 2001 to 2003. **Plant Disease**, Saint Paul, v.89, n.6, p.675-677, 2005.