

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

**ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES
SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR E
SELEÇÃO POR MEIO DE ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA**

Fabiana Mota da Silva

Engenheira Agrônoma

2015

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

**ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES
SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR E
SELEÇÃO POR MEIO DE ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA**

Fabiana Mota da Silva

Orientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

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

2015

Silva, Fabiana Mota da
S586e Estratégias de condução de populações segregantes de soja
portadoras do gene RR e seleção por meio de análises uni e
multivariada / Fabiana Mota da Silva. – – Jaboticabal, 2015
xiii, 76 p. ; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2015

Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Banca examinadora: Ivana Marino Bárbaro, Rogério Farinelli,
Rinaldo Cesar de Paula, Andréia da Silva Meyer

Bibliografia

1. Análise de agrupamento. 2 Componentes principais. 3. *Glycine*
max. 4 Métodos de melhoramento. 5. REML/BLUP. 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 CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA
PORTADORAS DO GENE RR E SELEÇÃO POR MEIO DE ANÁLISES UNI
E MULTIVARIADA

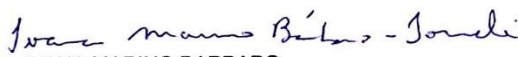
AUTORA: FABIANA MOTA DA SILVA

ORIENTADORA: Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

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


Profa. Dra. SANDRA HELENA UNÊDA TREVISOLI

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


Profa. Dra. IVANA MARINO BARBARO

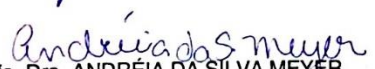
Agência Paulista de Tecnologia dos Agronegócios / Colina/SP


Prof. Dr. ROGÉRIO FARINELLI

Centro Universitário da Fundação Educacional de Barretos / Barretos/SP


Prof. Dr. RINALDO CESAR DE PAULA

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


Profa. Dra. ANDRÉIA DA SILVA MEYER

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

Data da realização: 12 de junho de 2015.

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Fabiana Mota da Silva - nascida em São Paulo - SP em 17 de agosto de 1982, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho” - Câmpus de Registro, em fevereiro de 2004, obtendo o grau de Engenheira Agrônoma em fevereiro de 2009. No ano de 2008, realizou estágio curricular no Instituto Agrônomo de Campinas-IAC, em Campinas- SP. Em fevereiro de 2009 ingressou no curso de Pós-Graduação do Instituto Agrônomo de Campinas em Agricultura Tropical e Subtropical, área de concentração em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia, como bolsista CNPq e sob orientação do Professor Dr. Carlos Eduardo de Oliveira Camargo (*in memoriam*) e após o seu falecimento, como orientadora substituta a Professora Dra. Maria Elisa Ayres Guidetti Zagatto Paterniani, obtendo o grau de mestre em abril de 2011. Em agosto de 2011 iniciou o curso de Doutorado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas) na FCAV/ UNESP-Jaboticabal, sob orientação da Professora Dra. Sandra Helena Unêda -Trevisoli, como bolsista CAPES e, posteriormente, como bolsista CNPq. De junho a novembro de 2013 realizou estágio de doutorado sanduíche junto à University of Guelph no Canadá.

Dedico

À minha família, pelo apoio, dedicação

Ofereço

*Ao meu noivo Daniel, pelo amor, carinho, comprometimento e
companherismo.*

AGRADECIMENTOS

A Deus.

Aos meus queridos pais Lindolfo e Consolata, pelo grande incentivo e apoio.

Ao meu noivo Daniel pelo amor, carinho, companheirismo e paciência.

Aos meus sogros Carlos Roberto e Assunta pela ajuda e incentivo.

A Universidade Estadual Paulista - FCAV/UNESP, Jaboticabal e ao Departamento de Produção Vegetal pela estrutura e por fazer parte da minha evolução profissional e pessoal.

A Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli pela oportunidade, dedicação, ensinamentos e amizade, sem os quais não seria possível a realização deste trabalho.

Em especial, aos Professores Dilermando Perecin, Rinaldo Cesar de Paula pela ajuda e ensinamentos transmitidos.

A todos os docentes do programa de Genética e Melhoramento de Plantas e todos os professores do departamento de Produção Vegetal pelos ensinamentos.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de doutorado.

À CAPES pela concessão da bolsa de doutorado sanduíche.

À Universidade de Guelph no Canadá, por acolher-me nesta importante etapa do meu doutoramento, bem como a todos os pesquisadores e estudantes de pós - graduação, que tive o prazer de conviver durante minha estadia.

Especialmente às amigas Otávia e Elise pela amizade, companheirismo, conversas e conselhos, e também pela ajuda nas avaliações em campo.

Aos amigos Otávia, Elise, Lívia, Bruno, Eduardo, Melina, Zé Arantes, Anderson, Willame, Laerte, Aretha, Vivi, Mariana, Renata, Mário, Daniel, Marcela, Paulo Selestrino, Glauconita, Suellen, Alexandre, Catarina, Andrea, Alysson, Éder, Amanda, Wallace, Bruno, Alexandre, Rodolfo, Amanda, Anália e Lilian.

A toda a equipe do programa de melhoramento genético da soja da FCAV/UNESP.

Aos membros da banca de qualificação pelas contribuições e auxílios fornecidos.

Aos membros da banca de defesa pelas valiosas contribuições.

Aos funcionários do Departamento de Fitotecnia Mônica, Geraldo, Rubens, Sebastião, Tito, Faco, Osmar, Mauro, Gabi pela amizade e auxílio.

Aos funcionários da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, principalmente Marcelo e Seu João, que sempre estiveram presente auxiliando com empenho e dedicação.

A todos que contribuíram de forma direta ou indireta para a realização deste trabalho, obrigada!

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS.....	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. Cultura da soja e importância econômica	3
2.2. Soja Convencional e Soja Roundup Ready®	3
2.3. Métodos de condução das populações segregantes	5
2.4. Análise Multivariada	10
3. REFERÊNCIAS	13
CAPÍTULO 2 – COMPARAÇÃO DE DUAS ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR.....	23
1. INTRODUÇÃO	24
2. MATERIAL E MÉTODOS	25
2.1. Local do experimento	25
2.2. Obtenção e condução das populações segregantes	26
2.3. Características agronômicas avaliadas	29
2.4. Análises estatísticas e genéticas	29
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	32
4. CONCLUSÕES	44
5. REFERÊNCIAS	44
CAPÍTULO 3 – SELEÇÃO DE FAMÍLIAS SUPERIORES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISES MULTIVARIADAS.....	49
1. INTRODUÇÃO	50
2. MATERIAL E MÉTODOS	51
2.1. Local do experimento	51
2.2. Obtenção e condução das populações segregantes	51
2.3. Características agronômicas avaliadas	54
2.4. Análises multivariadas	55
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	60
4. CONCLUSÕES	72
5. REFERÊNCIAS	72

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	76
--	----

ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO DE POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR E SELEÇÃO POR MEIO DE ANÁLISES UNI E MULTIVARIADA

RESUMO - A soja é considerada uma cultura de grande importância econômica, devido ao fato de ser a oleaginosa mais consumida no mundo. O crescimento da produção de soja no Brasil, se deve, principalmente, aos esforços dos programas de melhoramento genético de plantas. A eficiência na seleção dependerá, portanto, do ganho genético e dos métodos de melhoramento adotados para a condução das populações por ocasião da avaliação das famílias. De acordo com a conveniência do melhorista, algumas modificações podem ser efetuadas nos métodos tradicionais de condução das populações segregantes. Neste contexto, o método bulk com seleção em F_3 é uma alternativa. Além disso, as técnicas univariadas e multivariadas de análises de dados podem acelerar o progresso do melhoramento genético da soja, devido à possibilidade de predição de ganhos e a aplicação de metodologias eficientes que auxiliam na seleção de genótipos promissores. Devido à escassez de estudos que comprovam a eficiência do método bulk com seleção em F_3 em soja, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a eficiência do método bulk com seleção em F_3 em relação ao método tradicional bulk, para características de interesse agrônomo no melhoramento genético da soja, visando comparar qual estratégia de condução é mais eficiente em termos de ganho genético, bem como selecionar as famílias superiores por meio de análises univariada e multivariada. Para a realização do trabalho foram utilizadas 20 populações segregantes, conduzidas por dois métodos, bulk com seleção em F_3 (bulk F_3) e bulk, as quais originaram as respectivas famílias nas gerações F_3 , F_4 e F_5 . Foram selecionadas 60 melhores famílias de cada método, de acordo com a performance média agrônoma. Foram avaliadas as seguintes características agrônomicas: altura da inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de ramos (NR), número de vagens por planta (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos (PROD). Para a comparação dos métodos, foram utilizadas as estimativas dos componentes genéticos, ganho genético e predição dos valores genéticos, calculados via modelos mistos (REML e BLUP). Para as análises multivariadas, utilizou-se a técnica de

componentes principais e análise de agrupamento pelo método hierárquico, utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre grupos pelo método de Ward e o método não hierárquico de k-médias. De maneira geral, o método bulkF3 apresentou maior ganho genético para a maioria das características, e a amplitude dos intervalos de confinanças (ICs) foi semelhante em ambos os métodos. O método bulkF3 mostrou-se uma estratégia de condução eficiente para a seleção no melhoramento genético de soja, quando comparado com o método bulk tradicional. No método bulkF3, a análise de componentes principais resultou em 2 componentes principais (CP1 e CP2), os quais explicam 63,74% da variância total contida nas seis variáveis. As características de maior contribuição na discriminação das famílias em CP1 foram PROD, NR e NV. No segundo componente principal (CP2), destacou-se apenas a PCS. As famílias 12, 21, 23, 51 e 61 foram as selecionadas pela análise de componentes principais. Em relação a análise de agrupamentos os métodos de K-médias e o dendrograma permitiram a formação de seis grupos. Para o método bulk, três componentes principais foram responsáveis por 77,60% da variância total. No plano bidimensional formado pelos CP1 e CP2 as famílias 14, 39, 52, 53 e 57 foram as selecionadas sendo discriminadas pelas características PROD, NR e NV. A análise de agrupamentos os métodos de K-médias e o dendrograma permitiram a formação de seis grupos. Comparando os resultados obtidos pelos métodos bulkF3 e bulk, pode-se observar que as análises multivariadas contribuíram para a seleção de famílias com maior potencial produtivo e com bons atributos agronômicos. Desta forma, torna-se necessário a escolha criteriosa do método de condução que conduzirá a população segregante durante as gerações de endogamia de modo a manejá-la adequadamente, melhorando a eficiência do processo seletivo. As análises multivariadas permitiram a seleção de famílias superiores para as características avaliadas, em especial para os componentes ligados à produção de grãos.

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

CONDUCTION STRATEGIES OF SOYBEAN SEGREGATING POPULATIONS CARRYING THE RR GENE AND SELECTION USING UNI AND MULTIVARIATE ANALYSES.

ABSTRACT- Soybean crop is considered a culture of great economic importance, due to the fact that this crop is the most consumed oilseed in the world. The improvement in the Brazilian soybean production is mostly due to the effort of plant breeding programs. Therefore, the efficiency of selection will depend on the genetic gain and on the breeding methods adopted to conduct the populations on the occasion of progenies evaluation. According to the breeder convenience, some modifications may be made on the traditional methods for conducting the segregating populations. Within this context, the bulk method with selection on F_3 is an alternative. Furthermore, the univariate and multivariate techniques of data analyses may improve the soybean breeding progress, due to the possibility to predict the genetic gain and to applicate efficient methodologies which may assist to select promising genotypes. Due to the few numbers of studies that show the efficiency of bulk method with selection in F_3 , the aim of this study was to evaluate the efficiency of bulk method with selection in F_3 in comparison to the traditional bulk method, for traits of agronomic interest in soybean, seeking to compare which conducting strategy is more efficient in terms of genetic gain, as well to select superior families using univariate and multivariate analyses. For conducting the study, 20 segregating populations were used and conducted by two methods, bulk and bulk with selection in F_3 (bulkF3), which originated its families in generations F_3 , F_4 and F_5 . The 60 best families were selected within each method, according to their agronomic performance. The following traits were evaluated: height of the first hull (HFH), plant height at maturity (PHM), number of hulls per plant (NHP), number of branches per plant (NBP), hundred seeds weight (HSW) and grains yield (GY). The two methods were compared by the estimated genetic components, the predicted genetic gain and the predicted breeding values, which were estimated by linear mixed model based on REML/BLUP. For the multivariate analyses, it was used the principal components and the hierarchical clustering method, applying the Euclidian distance and clustering linkage among the groups by Ward's method and the non-hierarchical method of k-means. In general, the bulkF3 method showed higher

genetic gains for the most of the traits, and the range of the confidence intervals were similar for both methods. The bulkF3 method showed as an efficient strategy for the soybean breeding, when compared to the traditional method bulk. On bulkF3 method, the principal components analysis resulted on 2 principal components (PC1 and PC2), which explained 63,74% of the total variance in the six variables. The higher contributions traits to discriminate the families in PC1 were GY, NHP and NBP. In the second principal component (PC2), only the variable HFH was highlighted. The families 12, 21, 23, 51 and 61 were selected by using the PC analysis. Regarding the clustering analysis, the K-means and the dendogram allowed the formation of six groups. For the bulk method, three principal components were responsible for 77,60% of the total variance. In the bidimensional plan formed by PC1 and PC2, families 14, 39, 52, 53, and 56 were selected and discriminated by the traits GY, NHP and NV. The clustering analysis, the K-means and the dendogram allowed the formation of six groups. Comparing the results obtained by bulkF3 and bulk methods, it was possible to observe that the multivariate analysis contributed to select high productive families with great agronomic attributes. Thus, it becomes necessary to choose the conduction method which will properly conduct the segregating populations during the endogamy generations, improving the efficiency of the selective process. The multivariate analysis allowed selecting superior families for the evaluated traits, especially for the components related to grain production.

Keywords: breeding methods, clustering method, *Glycine max*, principal components, REML/BLUP.

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max*) é uma das culturas mais relevantes do mundo, sendo o Brasil o segundo maior produtor com uma produção de 95,07 milhões de toneladas (CONAB, 2015). Uma das causas do incremento do consumo mundial, é o fato dessa oleaginosa possuir alto teor de proteína, em torno de 40%, e 20% de óleo, aminoácidos essenciais, sais minerais, fibras e glicídios, fazendo com que seja utilizada na alimentação humana e animal. Outro fator consiste na mudança de hábitos alimentares, que com a melhoria do poder aquisitivo, passou-se a ter um maior consumo (SEDIYAMA, 2015).

Com a utilização de cultivares comerciais geneticamente modificadas, que atualmente produzem 94,73 milhões de toneladas em uma área de cultivo de 31,41 milhões de hectares (CÊLERES, 2015), foi possível aumentar a eficiência produtiva, bem como reduzir custos, tornando a atividade mais competitiva e, portanto, ocorrendo um aumento na produção e comercialização desses grãos no Brasil (LEITÃO et al., 2010).

O aumento da produção da soja no Brasil nos últimos anos, se deve aos avanços tecnológicos e aos programas de melhoramento genético de plantas, que proporcionaram um aumento da produtividade média brasileira que passou de 1.700 kg.ha⁻¹ para cerca de 2.993 kg.ha⁻¹ de acordo com a Conab (2015), além da melhoria de outras características agronômicas como, por exemplo, resistência às principais pragas e doenças, tolerância à herbicidas e adaptação às diferentes regiões edafoclimáticas.

Os programas de melhoramento genético têm por finalidade o desenvolvimento de genótipos superiores, capazes de obterem ganhos significativos ao longo das gerações, por meio da adoção dos métodos de condução, possibilitando a identificação de indivíduos superiores, ao longo de vários ciclos de seleção (DI MAURO et al., 2000; BÓREM; MIRANDA, 2009).

As técnicas univariadas e multivariadas de análises de dados podem acelerar o progresso do melhoramento genético da soja, devido a possibilidade de predição de

ganhos, através da genética quantitativa, e a aplicação de metodologias eficientes durante o processo seletivo, promovendo avanços importantes para a cultura.

A escolha do método de condução adequado para a seleção está sujeito à intensidade, a observação dos ganhos genéticos preditos e a facilidade de aplicação de cada método (ROSADO et al., 2009).

Os métodos de melhoramento são utilizados para a formação, condução, avaliação e seleção de genótipos dentro das populações segregantes. Na literatura são encontrados diversos métodos (BÓREM; MIRANDA, 2009; RAMALHO et al., 2012), dentre esses, há aqueles que surgiram em virtude das desvantagens e ou limitações apresentadas pelos métodos originais, constituindo em modificações e ou combinações. Assim, torna-se necessário a escolha criteriosa do método de condução que conduzirá a população segregante durante as gerações de endogamia de modo a manejá-la adequadamente, melhorando a eficiência do processo seletivo. Dentre os métodos disponíveis para o avanço de populações segregantes está o método bulk, sendo um dos mais utilizados no avanço de populações de plantas autógamas e se destaca pela facilidade de condução. Contudo, há a desvantagem da amostragem em relação de quantos indivíduos serão necessários em cada geração de avanço, provocando perdas substanciais de progênies promissoras de uma geração para outra (SILVA et al., 2014). Visando solucionar este problema, este estudo propõe a utilização do método bulk com seleção em F_3 , na qual é feita a seleção das melhores famílias a partir da geração F_3 .

Devido ao fato de terem poucas informações a respeito de estudos comprovando a eficiência do método bulk com seleção em F_3 , ou Bulk F_3 , na cultura da soja, objetivou-se com o presente trabalho avaliar a eficiência do método bulk com seleção em F_3 , em relação ao método tradicional bulk, para características de interesse agrônomo no melhoramento genético da soja, visando comparar qual estratégia de condução é mais eficiente em termos de ganho genético, bem como a seleção de famílias superiores por meio de análises uni e multivariadas.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Cultura da soja e importância econômica

A soja pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Leguminosae, subfamília Papilionoideae, gênero *Glycine*, espécie *Glycine max*, sendo a forma cultivada *Glycine max* (L.) Merrill, com número de cromossomos $2n = 40$. A espécie é autógama, anual, herbácea, ereta, crescimento morfológico diversificado, com número variado de ramificações e ciclo de 80 a 120 dias, dependendo da cultivar e das condições ambientais (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009; SEDIYAMA, 2015).

Atualmente, a soja é cultivada em ampla diversidade de ambientes, desde altas até baixas latitudes (NOGUEIRA et al., 2015), devido a inserção dos genes de juvenilidade longa que atrasam o florescimento sob fotoperíodo indutor. Logo, o plantio da soja no Brasil se expandiu por todo o território nacional, possibilitando que se tornasse o produto agrícola de maior importância para a economia brasileira (DALL'AGNOL, 2002). Destaque para a composição química de seus grãos que apresentam 40% de proteínas e 20% de óleos e 27% de carboidratos, tornando a soja um produto destinado ao processamento para agroindústria, indústria química e de alimentos (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Além disso, a soja é considerada uma das mais importantes “commodities” produzidas e comercializadas no mundo, sendo produzida na maioria do território brasileiro principalmente nas regiões Centro-Oeste, Sul e Sudeste. A região Centro-Oeste é a maior produtora com 43,63 milhões de toneladas, e o Estado do Mato Grosso, é o principal produtor com uma produção de 27,86 milhões de toneladas (CONAB, 2015).

2.2. Soja Convencional e Soja Roundup Ready®

Um grande problema enfrentado na cultura da soja, principalmente no estágio inicial da implantação da cultura, diz respeito às plantas daninhas. O seu controle é essencial, pois estas, competem por luminosidade, água e nutrientes, refletindo em

perdas na qualidade do produto e na produtividade (MIRANDA, 2004). Neste sentido, Barros, Silva e Sedyama (2009) relataram que gasta-se, em média, cerca de 20-30% do custo de produção de uma lavoura no controle dessas plantas. Assim, é necessário que haja alternativas para diminuir o impacto econômico causado pelas plantas daninhas.

O Brasil é o segundo maior produtor de soja geneticamente modificada sendo cerca de 97% da sua área total cultivada com soja Roundup Ready® (RR), o país ainda tende a aumentar sua produção e o desenvolvimento de novas cultivares transgênicas de soja para atender ao mercado com a tecnologia mais adotada nos últimos tempos, devido à alta demanda mundial pelo produto e a expressiva expansão da área (JAMES, 2014).

A soja transgênica Roundup Ready® (RR) foi desenvolvida por meio da introdução do gene CP4-EPSPS, que expressa uma forma modificada da enzima EPSPS (5-enolpiruvilchiquimato-3-fosfato sintase), que permite à planta sobreviver à aplicação do herbicida glifosato (PADGETTE et al., 1995). O gene foi extraído de uma bactéria natural do solo *Agrobacterium tumefaciens* estirpe CP4. A obtenção da soja RR ocorreu por meio de transformação genética realizada pelo processo de biobalística, onde as células vegetais foram bombardeadas por partículas contendo os segmentos de DNA.

O glifosato [N-(fosfonometil) glicina] é um herbicida de amplo espectro, não seletivo, de aplicação em pós-emergência. Usado para o controle de plantas daninhas, este herbicida bloqueia a rota metabólica do xiquimato, portanto reduz a disponibilidade de aminoácidos aromáticos (triptofano, fenilalanina e tirosina), e ocasiona formação de ácido cinâmico e seus derivados, inibindo desse modo, a produção de ácidos hidroxifenólicos, flavonóides e compostos fenólicos mais complexos como a lignina (RIZZARDI et al., 2003).

O glifosato é usado para o controle da maioria dos capins anuais e perenes, plantas daninhas de folhas largas e algumas coníferas (MOLDES, 2006).

O desenvolvimento da tecnologia da soja geneticamente modificada para resistência ao glifosato trouxe profundas mudanças no manejo de espécies daninhas, apresentando alguns benefícios como a eficiência de controle e flexibilidade de manejo em pós-emergência, dispensa a aplicação de herbicida em pré-emergência e

o aumento da produtividade em razão do melhor controle de plantas daninhas (MENEGATTI; BARROS, 2007; MATSUO et al., 2009).

A possibilidade do uso de glifosato aplicado em pós emergência da cultura representa nova alternativa de controle em função da eficiência e viabilidade econômica, características essenciais no conceito de praticabilidade (GAZZIERO; PRETE, 2004), desde que seja utilizada como parte de um manejo integrado, alternando-a com outras práticas já existentes (REDDY, 2001; BERTRAM; PEDERSEN, 2004).

2.3. Métodos de condução das populações segregantes

A disponibilidade de variabilidade genética indica a possibilidade de se continuar tendo sucesso com a seleção de plantas. É evidente, contudo, que as diferenças a serem detectadas são cada vez menores, exigindo, assim, maior eficiência dos programas de melhoramento. Entre os fatores que afetam essa eficiência, está a escolha do método adequado de condução das populações segregantes. Esses métodos foram propostos no início do século XX, e algumas modificações ocorreram nas décadas de 50 e 60. De modo geral, as inovações introduzidas foram limitadas (FEHR, 1987; BORÉM, 1997).

A condução das populações segregantes é considerada a fase mais trabalhosa, onerosa e crítica de um programa de melhoramento de espécies autógamas (ALMEIDA et al., 1997). O seu principal objetivo é selecionar, no final do processo, genótipos homozigóticos (linhagens), que apresentem na totalidade ou a maioria dos alelos favoráveis (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993). Assim, as populações segregantes devem ser conduzidas, por sucessivas gerações de autofecundações.

Nesse contexto, o programa de melhoramento da soja, busca a obtenção de linhagens homozigotas com características agronômicas superiores. Para isto, é necessário a realização de cruzamentos entre cultivares e/ou linhagens divergentes, com a finalidade de gerar populações segregantes, nas quais são realizadas avaliações, com base nas características de interesse agrônomo, bem como a seleção dos melhores genótipos ao longo das gerações, por meio dos diferentes

métodos, visando julgar qual é o mais promissor para a obtenção das linhagens superiores (ZIMMERMANN et al., 1996; RAPOSO, 1999).

De acordo com Costa et al. (2004), os programas de melhoramento genético da cultura da soja são essenciais para atender à crescente demanda por maiores produções, possibilitando aumento de variabilidade e conseqüente ampliação da base genética e a seleção dos melhores genótipos de uma população capazes de superar os patamares de produtividade de grãos.

Várias estratégias de condução podem ser utilizadas, cabendo ao melhorista escolher o melhor método de melhoramento, e com isso obter o maior ganho genético em um menor período de tempo e com custos mais baixos. O uso da genética quantitativa permite prever o ganho genético em cada geração de acordo com a estratégia de seleção escolhida (VENCOVSKY, 1987). Especificamente para culturas autógamas, os métodos devem, em geral, direcionarem-se para a condução e a manutenção da homozigose nas progêies e potenciais cultivares (WRICKE; WEBER, 1986).

O ganho genético refere-se às alterações observadas nas características de interesse durante um ciclo de seleção, as quais ocorrerão em magnitude e sentido variados, dependendo da estratégia de condução e dos critérios de seleção adotados. Logo, está associado à existência de variabilidade genética, à seleção natural e/ou artificial, mediante a presença da variabilidade genética, a seleção assume importância no progresso genético (REIS et al., 2004).

Para o sucesso de um programa de melhoramento é necessário que cada geração avançada resulte em elevados ganhos genéticos (DI MAURO et al., 2000). Por isso a predição dos ganhos obtidos por uma determinada estratégia de seleção auxilia na escolha do método mais apropriado, define quais as características que devem ser selecionadas em etapas iniciais e avançadas de um programa de melhoramento e também o peso que se deve atribuir a cada caráter, separadamente ou em conjunto (BÁRBARO, 2006).

Para Sedyama, Teixeira e Reis (2005) os programas de melhoramento genético de plantas devem focar os seguintes caracteres: adaptação quanto ao ciclo; hábito de crescimento; altura da planta e da inserção da primeira vagem; acamamento; deiscência das vagens; qualidade da semente; adaptação quanto ao

nível de fertilidade do solo; resistência a doenças e pragas; aspectos qualitativos; tolerância a herbicida; produtividade e período juvenil longo.

Os métodos de condução de populações segregantes são classificados em duas categorias distintas. A primeira é aquela que não separa as fases de endogamia e seleção, e a partir de F_2 quando existe variabilidade, inicia-se a seleção, que continua no decorrer das sucessivas gerações de endogamia. A segunda categoria é aquela que separa essas duas fases, sendo que a seleção somente é iniciada após a maioria dos locos estarem em homozigose (RAMALHO et al., 2012).

Cada método leva a alterações na constituição genética da população, não só pelo efeito de amostragem, mas, principalmente, pelas intensidades variáveis que as seleções natural e artificial atuam (FEHR, 1987; RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993; RODRIGUES; SANTOS, 2006). Nesse contexto, é importante identificar o método de condução da população segregante que libera maior variabilidade para assegurar maior sucesso com a seleção de linhagens.

A seleção pode ser definida como sendo o processo natural ou artificial em que os indivíduos mais bem adaptados deixam um maior número de descendentes, sendo que na seleção artificial, o melhorista deve avaliar diversos caracteres desejáveis simultaneamente (DESTRO; MONTÁLVAN, 1999).

Para a tomada de decisão sobre qual método de condução utilizar, o melhorista deve observar cuidadosamente qual é mais adequado a seus objetivos e ao tempo desejado para a obtenção das linhagens, além de avaliar outros fatores que têm influência direta, como a herdabilidade dos caracteres sob seleção, a adequabilidade dos ambientes para seleção e, principalmente, a quantidade de recursos e infraestrutura disponíveis (FEHR, 1987; FOUILLOUX; BANNEROT, 1988).

2.3.1. Bulk

O método bulk, também conhecido como método da população, foi inicialmente proposto pelo melhorista Nilson-Ehle, em 1908 na Suécia, a partir de trabalhos realizados na Swedish Seed Association (SSA), em Svalof, Suécia, com a cultura do trigo (JENSEN, 1978; FEHR, 1987).

Na literatura há vários relatos da utilização desse método (ALLARD, 1971; BORÉM; MIRANDA, 2009; FEHR, 1987). Em espécies autógamas, na cultura da soja (COOPER, 1990), feijão (GONÇALVES et al., 2001; RAMALHO et al., 2012) e trigo (CRUZ; CARVALHO; FEDERREZZI, 1983).

Além da simplicidade e facilidade de condução, o método bulk permite avançar várias populações com um grande número de indivíduos ao mesmo tempo. A condução da população inicia-se a partir da geração F_2 , em que as plantas são colhidas em conjunto e suas sementes misturadas e, então, uma amostra é retirada para a obtenção da população na geração F_3 . Esse processo é repetido até a geração F_5 ou F_6 , quando a maioria dos locos estiver em homozigose, então ocorre a abertura do bulk, onde são obtidas as famílias a partir de plantas individuais, que serão avaliadas e selecionadas em experimentos com repetições (RAMALHO et al., 2012; BORÉM; MIRANDA, 2009).

As vantagens desse método estão relacionadas com a facilidade de condução, pois não são necessárias anotações de toda a genealogia nem colheita individual de plantas, a não ser na última geração de condução da população, economia da mão-de-obra, baixo custo, possibilidade de condução de um grande número de populações, e aumento da proporção de indivíduos mais adaptados e competitivos, além do efeito da seleção natural (ALLARD, 1971).

Dentre as desvantagens, podem ser citadas: a impossibilidade de uso da casa de vegetação para acelerar o processo, e riscos de perdas de genótipos desejáveis com baixa capacidade de competição (BORÉM, 1997). Entretanto, a principal desvantagem diz respeito ao problema de amostragem, isto é, perda de combinações genotípicas devido à deficiência na amostra utilizada nos subseqüentes avanços das gerações. Segundo Kervella e Fouilloux (1992), a perda por amostragem no método bulk é grande, especialmente nas gerações mais avançadas, quando há grande variação no número de descendentes produzidos por planta.

Assim, o método bulk baseia-se na associação entre a capacidade de competição ou agressividade dos indivíduos, onde nas gerações segregantes existe uma competição, devido à pressão de seleção natural, havendo pequena ou nenhuma seleção artificial (BORÉM, 1997).

A seleção natural, dependendo da característica pode atuar na direção desejada dos melhoristas, contribuindo para a manutenção dos indivíduos mais adaptados, com maior produção de grãos. Tem-se questionado, no entanto, se a ação da seleção natural se dá realmente no sentido desejado (RAMALHO; ABREU; SANTOS, 2001; RODRIGUES, 2004).

2.3.2. Bulk com seleção em F₃ ou bulkF₃

No método bulk, uma das modificações normalmente realizadas é a seleção a cada geração para os vários caracteres de interesse no melhoramento. Nesse caso, o método passa a ser denominado de bulk com seleção.

O método bulk com seleção ou dentro de famílias foi proposto inicialmente por Frey (1954) e associa os métodos genealógico e da população (RAMALHO et al., 2012). Com isso, esperava-se diminuir o problema de amostragem e, também, tornar o método genealógico mais barato e menos trabalhoso (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000).

O princípio do método bulk com seleção consiste na colheita de plantas individuais nas gerações F₂ ou F₃, na qual cada planta originará uma família, sendo que as sementes provenientes de cada família serão utilizadas para a obtenção da geração seguinte (RAMALHO et al., 2012).

A principal vantagem desse método é a diminuição do problema com amostragem que ocorrem no bulk, como relatado anteriormente. Essa redução é devido ao fato de que no decorrer das sucessivas autofecundações, a variabilidade dentro da linha vai sendo liberada, e conseqüentemente é requerido um aumento do número de indivíduos por família (RAMALHO et al., 2012). Outra vantagem é o fato de que a seleção não é feita visualmente, mas sim, baseando-se na performance média das melhores famílias, e a seleção natural atua apenas dentro das famílias. Porém, a única desvantagem é o grande trabalho envolvido na avaliação das famílias (CASTANHEIRA, 2001).

O método bulk com seleção em F₃ é frequentemente utilizado na maioria dos programas com a cultura do feijoeiro (RAMALHO et al., 2012). Alguns trabalhos têm sido realizados para verificar a eficiência desse método nesta cultura, baseando-se

na produtividade de grãos (URREA; SINGH, 1994; RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000), na resistência a doenças (COSTA; RAVA; ZIMMERMANN, 2002) e no teor de proteína (SILVA et al., 2008). De modo geral, os resultados apontam para uma maior eficiência do método bulk dentro de famílias F_3 , principalmente para os caracteres de baixa herdabilidade como produtividade de grãos (COSTA; RAVA; ZIMMERMANN, 2002; BRITO, 2010; PONTES JÚNIOR, 2012).

Comparando os métodos de condução de populações segregantes bulk, bulk F_3 e descendente de uma única semente (SSD), quanto à eficiência na obtenção de linhagens de feijoeiro-comum, visando a produtividade de grãos e maior teor de fibra, Silva et al. (2013) concluíram que o método bulk F_3 foi o melhor e mais eficiente método na obtenção de progênies, com base nos resultados do ganho genético.

Na cultura da soja, são escassos e antigos os trabalhos que visam a eficiência do método bulk com seleção em F_3 . Voicht e Weber (1960), comparando o método genealógico, bulk e bulk F_2 e F_3 , constataram que o método bulk F_2 e F_3 foram os que apresentaram os melhores desempenhos médios e a maior proporção de famílias com performance superior a testemunha.

2.4. Análise Multivariada

A análise multivariada se refere a todas as técnicas estatísticas que analisam múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos de investigação simultaneamente. Desta forma, qualquer análise simultaneamente de mais que duas variáveis, pode ser considerada como multivariada. Algumas técnicas multivariadas podem fornecer uma quantidade maior de informação, que para algumas finalidades, pode não ser fornecida pelo uso de análises univariadas (HAIR et al., 2009).

Os métodos de análise de dados multivariados permitem um estudo global de variáveis, colocando em evidência as ligações, semelhanças ou diferenças entre elas, perdendo o mínimo de informação. A grande vantagem de analisar simultaneamente as informações de todas as variáveis respostas, está na interpretação do conjunto de dados, levando em conta as correlações existentes entre elas (SARTORIO, 2008).

De acordo com Hair et al. (2009), as variáveis nos métodos multivariados, devem ser aleatórias e inter-relacionadas, de tal forma que seus diferentes efeitos não

sejam interpretados significativamente de forma separada. Deste modo, são classificadas em variáveis dependentes e independentes. Na técnica de dependência a variável é identificada como dependente e explicada por outras variáveis conhecidas como variáveis independentes, tendo como exemplo a análise discriminante, análise conjunta, análise de correlação canônica, análise multivariada de variância e regressão múltipla. Por outro lado, a técnica de interdependência envolve a análise simultânea de todas as variáveis no conjunto, sem definir se a variável é independente ou dependente. Exemplos dessa técnica: análise de agrupamentos, análise de componentes principais, análises de correspondência e análise fatorial (HAIR et al., 2009).

No melhoramento genético, os métodos multivariados têm sido aplicados em diversas áreas, como na seleção de genótipos (SANTOS et al., 2000; BENIM et al., 2003; VIANNA et al., 2013; DALLASTRA et al., 2014) na e diversidade genética (RIGON et al., 2012; SALIMI et al., 2012; VILELLA et al., 2014).

Constituem-se em ferramentas de grande utilidade, por conseguir unificar múltiplas informações de um conjunto de caracteres de interesse no melhoramento genético (FONSECA et al., 2006; CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

2.4.1. Análises de componentes principais

A análise de componentes principais foi originalmente descrita por Pearson (1901) e posteriormente aplicada em diversas áreas da ciência por Hotelling (1933) e 1936 tendo por objetivo simplificar a descrição de um conjunto de variáveis inter-relacionadas (FERREIRA, 2011).

A análise consiste em transformar um conjunto original de variáveis em outro de dimensão menor ou equivalente, mantendo o máximo da informação em um menor número de componentes. Onde cada componente principal é uma combinação linear das variáveis originais, independentes entre si e estimados com o propósito de reter, em ordem de estimação, o máximo da informação em termos de variância total contida nos dados originais (CRUZ; FERREIRA; PESSONI, 2011). Segundo Ferraudo (2010) a variância é a medida que quantifica a informação explicada por cada componente principal.

A importância relativa de um componente é avaliada pela percentagem da variância total que ele explica. As variâncias dos componentes principais são os autovalores e os coeficientes das equações lineares de cada componente principal que transforma os dados originais são denominados autovetores. O primeiro autovalor a ser determinado corresponderá a maior porcentagem da variabilidade total presente e assim sucessivamente. Já, os autovetores são os resultados da participação das variáveis originais em cada componente, que ditam a importância relativa de cada variável juntamente com seus respectivos sinais, positivos ou negativos, indicando a relação direta ou inversamente proporcional em relação aos componentes principais (MUNIZ et al., 2014).

A genética quantitativa tem mostrado três direcionamentos para uso dos componentes principais (CPs) como ferramenta para visualizar padrões de variação genética, para definir parâmetros genéticos a serem estimados e para separar o número original de variáveis até um conjunto menor de componentes principais fenotípicos e, então, estimar os parâmetros genéticos (KIRKPATRIC; MEYER, 2004).

É uma técnica estatística exploratória muito utilizada na compreensão e inter-relacionamento entre as variáveis originais (FERRAUDO, 2010). Devido a este fato tem sido de grande utilidade no melhoramento genético (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

2.4.2. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento, em programas de melhoramento genético, tem como objetivo agregar os genótipos com base nas características que possuem. Os métodos de agrupamento têm por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os subgrupos, seguindo-se algum critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; HAIR et al., 2009). Segundo Bertan et al. (2006) estes métodos são empregados em grande escala pelos melhoristas de plantas.

De acordo com Costa et al. (2006), as medidas de distâncias mais utilizadas na identificação de genitores para a hibridação são as distâncias euclidianas e a de Mahalanobis; as primeiras são recomendadas nos casos em que as unidades para o

cálculo sejam escores de componentes principais ou de variáveis canônicas, e a distância euclidiana média é preferida em razão do número de variáveis.

Existem inúmeros métodos de agrupamento, que se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre os indivíduos diante a formação de um grupo ou entre dois grupos quaisquer (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014). Dentre os métodos destacam-se os métodos hierárquico e os não-hierárquico. O método hierárquico pode ser executado pelo método de aglomeração e divisão. Os resultados de ambos os procedimentos hierárquicos podem ser dispostos em um diagrama de duas dimensões conhecido como dendrograma, nos quais os objetos são agrupados de acordo com suas similaridades. O método não-hierárquico difere do hierárquico na quantidade de classes formadas, a qual é determinada antes da realização da análise, com o objetivo de minimizar a variabilidade dentro do conjunto e maximizar a variabilidade entre os conjuntos (PITTA et al., 2010).

Os métodos hierárquicos mais utilizados são os de ligação simples, ligação completa, método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA), método de Ward, dentre outros. Um método não-hierárquico bastante utilizado é o k-médias, que classifica objetos em número predefinido de grupos. A medida de similaridade usada entre os vetores de médias dos grupos pode levar a diferentes formações quanto à composição e ao número de objetos dentro de cada grupo. Assim, a escolha dessa medida deve observar critérios, sendo a distância euclidiana um dos mais utilizados, por ser uma métrica completa (HAIR et al., 2009).

3. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: E. Blucher, 1971. p. 381.

ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. S.; ABDELNOOR, R. V. Melhoramento de soja. In: **Simpósio sobre atualização em genética e melhoramento de plantas**, 5.1997, Lavras. Anais. Lavras: UFLA, 1997. p. 11-55.

BARROS, H. B.; SILVA, A. A.; SEDIYAMA, T. **Manejo de plantas daninhas**. In: SEDIYAMA, T. (ed.). Tecnologias de produção e usos da soja. Londrina: Mecenass, 2009. p. 314.

BÁRBARO, I. M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. 2006. 75f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2006.

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, 2003.

BERTRAM, M. G.; PEDERSEN, P. Adjusting management practices using glyphosate-resistant soybean cultivars. **Agronomy Journal**, Madison, v. 96, n. 2, p. 462-468, 2004.

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I.; SILVA, J. A. G.; SCHMIDT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, Pelotas, v. 12, n. 3, p. 279-286, 2006.

BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: Editora da UFV, 1997. p. 547.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2009. p. 529.

BRITO, A. R. T. **Variabilidade genética de populações de feijoeiro conduzidas por diferentes métodos**. 2010. 96 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

CASTANHEIRA, A. L. M. **Marcadores RAPD na avaliação do potencial de métodos de condução de população segregante de feijão**. 2001. 76 p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2001.

CÉLERES. **10º levantamento de adoção da biotecnologia no Brasil, safra 2014/15**. 2014.p.13. Disponível em:< <http://celeres.com.br/ic15-05-projecao-de-safra-soja-maio-2015/#.pdf> > Acesso em 23 Maio. 2015.

CONAB - **Companhia Nacional de Abastecimento. Acomp. Safra Bras. Grãos, v.2** - Safra 2014/15, n.8 - Oitavo Levantamento, Brasília, p. 1-118, maio. 2015. -Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 23 maio. 2015.

COOPER, R. L. Modified early generation testing procedure for yield selection in soybean. **Crop Science**, Madison, v. 30, p. 417-419, 1990. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1990.0011183X003000020037>>.

COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; ZIMMERMANN, F. J. P. Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum considerando a resistência à antracnose e rendimento. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v. 26, n. 2, p. 244-251, 2002.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; MUNIZ, F. R. S. Ganho genético por diferentes critérios de seleção em populações segregantes de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 39, n. 11, p. 1095-1105, 2004.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético: v. 2. Viçosa: UFV, 2003. p. 585.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P.C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos Biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 2, 2014. p. 688.

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

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

CRUZ, P. J.; CARVALHO, F. I. F.; FEDERIZZI, L. C. Efeitos de populações e métodos de seleção aplicados em geração segregante de trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.18, n.5, p.533-541, 1983.

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

DALL'AGNOL, A. Sem medo de competir. **Agroanalysis**, Rio de Janeiro, v. 22, n. 2, p. 42-43, 2002.

DESTRO, D.; MONTALVÁN, R. Melhoramento genético de plantas. Londrina: Uel, 1999. p. 818.

DI MAURO, A. O.; OLIVEIRA, R. C.; MARCONDES, A.F.; SEDIYAMA, T. Ganho genético por seleção em linhagens de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 47, n. 270, p. 135- 144, 2000.

FERRAUDO, A. S. **Técnicas de Análise Multivariada – uma introdução**. Treinamento. Jaboticabal, SP, 2010.

FERREIRA, D. F. **Estatística Multivariada**. 2. ed. Lavras: Ufla, 2011. p. 676.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. p. 525.

FOIULLOUX, G.; BANNEROT, H. Selection methods in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). In: GEPS, P. **Genetic resources of *phaseolus* beans**. Dordrecht: Kluwer Academic, 1988. p. 503-541.

FONSECA, A. F. A.; 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.

FREY, K. J. The use of F₂ lines in predicting the performance of F₃ selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

GAZZIERO, D. L. P.; PRETE, C. E. C. Resistência é a questão. **Revista Cultivar**, Pelotas, v. 6, n. 60, p. 22-24, 2004.

GONÇALVES, F. M. A.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Natural selection in four common bean traits. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Londrina, v. 1, n. 3, p. 213-220, 2001.

HAIR, J. F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. **Análise Multivariada de dados**. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed., 2009. p. 688.

HOTELLING, H. Review of the triumph of mediocrity in business, by Horace Secrist. **Journal of American Statistical Association**, London, v. 28, p. 463-5, 1933.

JAMES, C. **Global Status of Commercialized Biotech/GM Crops: 2014**. ISAAA Disponível em: <http://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/49/> Acesso em: 20 abril, 2015.

JENSEN, N. F. Composite breeding methods and the DSM system in cereals. **Crop Science**, Madison, v. 18, p. 622-626, 1978.

KERVELLA, J.; FOUILLOUX, G. A. A theoretical study of the bulk breeding method 1. Importance and consequences of losses due to sampling. **Euphytica**, Wageningen, v. 60, n. 3, p. 185- 195, 1992.

KIRKPATRICK, M.; MEYER, K. Direct estimation of genetic principal components: Simplified analysis of complex phenotypes. **Genetics**, Austin, v. 168, p. 2295-2306, 2004. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1534/genetics.104.029181>>.

LEITÃO, F. O.; MEDEIROS, J. X.; THOMÉ, K. M.; CARVALHO, J. M.; BRISOLA, M. V. Cultivo de soja transgênica no estado de Mato Grosso: fatores propulsores e limitativos. **Revista de Economia Agrícola**, São Paulo, v. 57, n. 1, p. 61-74, 2010.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. A.; OLIVEIRA, R. C. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; TANCREDI, F. D. Resistência de genótipos de soja ao herbicida glyphosate. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 27, p. 1063-1073, 2009.

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**, Brasília, v.45, n.1, p.163-183, 2007.

MIRANDA, D. M. **Bioensaios na detecção e quantificação de sementes de soja geneticamente modificada resistente ao glifosato em amostras convencionais de sementes**. 2004. 44f. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de sementes) Faculdade de Agronomia “Eliseu Maciel”, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2004.

MOLDES, C. A. **Resposta de enzimas antioxidantes à aplicação do herbicida glifosato em variedades de soja transgênica e não transgênica**. 2006. Tese (Doutorado) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2006.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A.; MASCIOLI, A. S.; ZADRA, L. E. F. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p.1569-1576, 2014.

NOGUEIRA, A. P. O.; SEDIYAMA, T.; OLIVEIRA, R. C. T.; GLASENAPP, J. S. Caracteres qualitativos. In: SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenaz, 2015, p. 33-56.

PADGETTE, S. R.; KOLACZ, K. H.; DELANNAY, X.; RE, D. B.; LAVALLEE, B. J.; TINIUS, C.; RHODES, W. K.; OTERO, Y. I.; BARRY, G. F.; EICHHOLTZ, D. A.; PESCHKE, V. M.; NIDA, D. L.; TAYLOR, N. B.; KISHORE, G. M. Development, identification, and characterization of a glyphosate-tolerant soybean line. **Crop Science**, Madison, v. 35, p. 1451-1461, 1995.

PEARSON, K. On lines and planes of closest fit to system of point in space. **Philosophical Magazine**, v. 2, n. 6, p. 550-572, 1901.

PITTA, R. M.; BOIÇA JR, A. L.; JESUS, F.; TAGLIARI, S. R. A. Seleção de Genótipos Resistentes de Amendoimzeiro a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com Base em Análises Multivariadas. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, n. 2, p. 260-265, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S1519-566X2010000200018>>.

PONTES JÚNIOR, V. A. **Potencial genético e estabilidade de famílias de feijoeiro-comum obtidas por diferentes métodos de melhoramento**. 2012. 96f. Dissertação (Mestrado) Universidade Federal de Goiás, Goiás, 2012.

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. de; VALADARES- INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

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

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. p. 522.

RAPOSO, F. V. **Comparação de métodos de condução de população segregantes na cultura do feijoeiro**. 1999. 73 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Universidade Federal de Lavras, Lavras, 1999.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, 2000.

REIS, E. F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Comparação de procedimentos de seleção para produção de grãos em populações de soja. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 34, n. 3, p. 685-692, 2004. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782004000300006>>.

REDDY, K.N. Glyphosate-resistant soybean as a weed management tool: opportunities and challenges. **Weed Biology and Management**, Japan, v. 1, n. 4, p.193-203, 2001.

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**, Viçosa, v. 59, n. 2, p. 233-240, 2012.

RIZZARDI, M.A.; FLECK, N.G.; AGOSTINETTO, D.; BALBINOTE JR, A.A. Ação de herbicidas sobre mecanismos de defesa das plantas aos patógenos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 33, n. 5, p. 957-965, 2003.

RODRIGUES, T. B. **Efeito da seleção natural em alelos microssatélites (SSR) do feijoeiro e associação com QTLs de caracteres agronômicos**. 2004. 90 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2004.

RODRIGUES, T. B.; SANTOS, J. B. Effect of natural selection on common bean (*Phaseolus vulgaris*) microsatellite alleles. **Genetics and Molecular Biology**, Ribeirão Preto, v. 29, n. 2, p. 345-352. 2006.

ROSADO, A. M.; ROSADO, T. B.; RESENDE JÚNIOR, M. F. R.; BHERING, L. L.; CRUZ, C. D. Ganhos genéticos preditos por diferentes métodos de seleção em progênies de *Eucalyptus urophylla*. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, n. 12, p. 1653-1659, dez. 2009.

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.

SANTOS, R. C.; MOREIRA, J. A. N.; FARIAS, R. H.; DUARTE, J. M. Classificação de genótipos de amendoim baseada nos descritores agromorfológicos e isoenzimáticos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 30, n. 1, p. 55-59, 2000.

SARTORIO, S. D. **Aplicações de técnicas de análise multivariada em experimentos agropecuários usando o software R**. 2008. 130f. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

SEDIYAMA, T. **Melhoramento Genético da Soja**. Londrina: Mecenass, 2015, p. 353.

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

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

SILVA, A. C. F.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; PEREIRA, H. S. Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p. 326-331, 2013.

SILVA, G. F. O.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C. Efficiency of methods for conducting segregating populations in the breeding of common beans for protein quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, p. 149 -154, 2008.

SILVA, J. W.; CUNHA, J. L. X. L.; CARVALHO, I. D. E. COSTA, K. D. S.; SANTOS, P. R. S.; FERREIRA, D. F. Simulação do número ideal de indivíduos no método bulk em autógamas. **Agropecuária científica no semiárido**, Campina Grande, v. 10, n. 2, 2014.

URREA, C. A.; SINGH, S. P. Comparison of mass, F_2 – derived family, and single-seed-descent selection method in an interracial population of common bean. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 74, n. 3, p. 461-464, 1994.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E; VIEGAS, G. P. **Melhoramento e produção do milho**. 2. Ed. Campinas: Fundação Cargill, 1987. p. 137-214.

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

VIANNA, V. F.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; DESIDÉRIO, J. A.; SANTIAGO, S.; CHARNAL, K., FERREIRA JUNIOR, J. A.; FERRAUDO, A. S.; MAURO, A. O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Biotechnology**, Kenya, v. 8, p. 4162-4169, 2013.

VOIGHT, R. L.; WEBER, C. R. Effectiveness of selection methods for yield in soybean crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 52, n. 9, p. 169-171, 1960.

ZIMMERMANN, M. J. O.; CARNEIRO, J. E. S.; DEL PELOSO, M. J.; COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; SARTORATO, A.; PEREIRA, P. A. A. Melhoramento genético e cultivares. In: ARAUJO, R. S.; RAVA, C. A.; STONE, L. F.; ZIMMERMANN, M. J. O. (Ed.). **Cultura do feijoeiro comum no Brasil**. Piracicaba: Potafos, 1996. p. 223-273.

WRICKE, G.; WEBER, W. E. **Quantitative genetics and selection in plant breeding.**
Berlin: Walter de Gruyter, 1986. p. 395.

CAPÍTULO 2 – COMPARAÇÃO DE DUAS ESTRATÉGIAS DE CONDUÇÃO EM POPULAÇÕES SEGREGANTES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR

RESUMO - Diversas estratégias de condução de populações têm sido empregadas nos programas de melhoramento, visando obtenção de linhagens com características agronômicas superiores. O sucesso dos programas de melhoramento genético depende dos procedimentos de seleção que possibilitam um maior ganho genético e dos métodos de melhoramento adotados para a condução das populações segregantes. O trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a eficiência do método bulk com seleção em F_3 , (bulkF3) em relação ao método tradicional bulk, para as características de interesse agrônomo no melhoramento genético da soja, bem como comparar qual estratégia de seleção é mais eficiente em termos de ganho genético. Para a realização do trabalho foram utilizadas 20 populações segregantes, conduzidas por dois métodos, o bulk e o bulk com seleção (bulkF3), as quais originaram as respectivas famílias nas gerações F_3 , F_4 e F_5 . Foram selecionadas 60 melhores famílias de cada método, de acordo com a performance média agrônoma. O delineamento utilizado foi de blocos aumentados. Foram avaliadas as seguintes características agronômicas: altura da inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de ramos (NR), número de vagens por planta (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos (PROD). Para efeito de comparação dos métodos, foram utilizadas as estimativas dos componentes genéticos, ganho genético e predição dos valores genéticos, calculados via modelos mistos (REML e BLUP). Os resultados demonstraram que há variabilidade entre as famílias dentro de cada método, e os métodos de condução adotados foram distintos na obtenção das famílias, ou seja, não houve concordância no comportamento das famílias entre as gerações e os métodos. De maneira geral, o método de seleção bulkF3 apresentou maior ganho genético e o maior limite inferior do intervalo de confiança em F_5 para as características PROD, AIV, APM, NR e NV. As famílias obtidas pelo método bulkF3, apresentaram no final do processo seletivo (geração F_5), famílias mais produtivas, com menor porte, maior número de ramos, vagens e peso de cem sementes. O método bulkF3 mostrou-se uma estratégia de condução eficiente para a seleção no melhoramento genético de soja, quando comparado com o método bulk tradicional.

Palavras-chaves: ganho genético, *Glycine max*, métodos de melhoramento, modelo misto.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada uma cultura de grande importância econômica ao nível mundial. O Brasil é o segundo maior produtor dessa leguminosa, com uma produção de 95,07 milhões toneladas no último ano agrícola (CONAB, 2015). Neste contexto, a maior parte dessa produção foi devido ao cultivo de soja geneticamente modificada, que produziu 94,73 milhões de toneladas, e ocupou uma área de 31,41 milhões de hectares e produziu (CÊLERES, 2015).

O crescimento da produção da soja no Brasil, é devido principalmente, aos esforços dos programas de melhoramento genético de plantas (BORÉM; MIRANDA, 2009; RAMALHO et al., 2012), os quais têm proporcionado a melhoria de diversas características de interesse agrônomo, como por exemplo, aumento da produtividade, resistência ao acamamento, adaptabilidade às diferentes regiões edafoclimáticas, tolerância aos herbicidas, resistência às principais pragas e doenças.

O sucesso dos programas de melhoramento genético depende dos procedimentos de seleção que possibilitam um maior ganho genético e dos métodos de melhoramento adotados para a condução das populações segregantes, bem como a eficiente exploração da variabilidade genética liberada ao longo das gerações e o quanto desta variabilidade é devido à diferença genética ou ambiental (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000; RAMALHO et al., 2012).

Diversas estratégias de condução e seleção de populações têm sido empregadas nos programas de melhoramento, visando obtenção de linhagens com características agrônomicas superiores (FEHR, 1987; MARTIN; GERALDI, 2002; BORÉM; MIRANDA, 2009; RAMALHO et al., 2012). Desta forma, a estimativa de parâmetros genéticos, como herdabilidade, ganho genético e componentes da variância, se tornam de suma importância para o direcionamento de programas de melhoramento para obtenção de genótipos promissores (BÁRBARO, 2006).

Métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas são utilizados para desenvolver novas cultivares de soja, por meio da formação, condução e seleção dos genótipos. Dentre os métodos de condução das populações segregantes destaca-se o método bulk, que é comumente utilizado nos programas de melhoramento genético devido a sua simplicidade, facilidade na condução das populações, rapidez e baixo

custo. Entretanto, apresenta como desvantagem a perda de progênies promissoras de uma geração para outra devido à deficiência na amostragem, utilizadas nos subsequentes avanços das gerações (ALLARD, 1971; RAMALHO et al., 2012). Visando contornar esse impasse, Frey (1954) propôs o método bulk com a seleção de famílias F_2 ou F_3 , onde são realizadas seleções, a cada geração, para as várias características de interesse no melhoramento. O método consiste na colheita de plantas individuais na geração F_3 , onde cada planta origina uma família, as quais serão utilizadas para formar a geração seguinte.

O método bulk com seleção em F_3 , segundo Ramalho, Abreu e Santos (2001) e Silva (2009), traz a vantagem de nessa geração ser explorado 1,5 da variância aditiva, aumentando, assim, o seu aproveitamento em 50%, sendo mais vantajoso do que famílias em F_2 .

Esse método é frequentemente utilizado na maioria dos programas de melhoramento com a cultura do feijoeiro (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000; COSTA; RAVA; ZIMMERMANN, 2002; SILVA et al., 2008; RAMALHO et al., 2012) e trigo (WANG et al., 2003). Na cultura da soja são escassos e antigos os trabalhos que comprovam a eficiência do método bulk com seleção em F_3 .

Diante do exposto, o trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar a eficiência do método bulk com seleção em F_3 (bulk F_3) em relação ao método tradicional bulk, para as características de interesse agrônomo no melhoramento genético da soja, bem como comparar qual estratégia de condução é mais eficiente em termos de ganho genético.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local do experimento

Os experimentos foram conduzidos em três anos agrícolas (2011/2012, 2012/2013 e 2013/2014) na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, UNESP-FCAV- Câmpus de Jaboticabal, localizada ao norte do Estado de São Paulo, a 21°15' 22" de latitude sul e 48°18' 58" de longitude oeste, e altitude aproximada de 595 m. O solo da área

experimental é classificado como Latossolo Vermelho Eutroférico Argiloso, com relevo suavemente ondulado. O clima é do tipo Cwa, segundo a classificação de Köppen (1948).

2.2.Obtenção e condução das populações segregantes

Para a obtenção das populações segregantes, foram realizados cruzamentos biparentais utilizando como genitores linhagens convencionais, portadores de bons atributos agronômicos e adaptados às condições de cultivo do Estado de São Paulo, pertencentes ao programa de melhoramento genético UNESP/FCAV- Jaboticabal-SP com cultivares comerciais portadores do gene RR, pertencentes ao grupo Monsoy da empresa Monsanto. Para a realização do trabalho foram utilizadas 20 populações segregantes, as quais originaram as respectivas famílias nas gerações F₃, F₄ e F₅ (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia e identificação das 60 famílias obtidas a partir das 20 populações segregantes de soja.

POP	ID	GENEALOGIA	POP	ID	GENEALOGIA
1	3,4,5	JAB.00-04-1/5A4D x M 8230 RR	11	33,34,35	JAB.00-05-1/5C3B x M 8336 RR
2	6,7,8	JAB.00-03-3/1H1D x M 7908 RR	12	36,37,38	JAB.00-05-1/5C3B x M 8360 RR
3	9,10,11	JAB.00-03-3/1H2D x M 8360 RR	13	39,40,41	JAB.00-05-8/2D3C x M 7211 RR
4	12,13,14	JAB.00-01-21/4M1D x M 8336 RR	14	42,43,44	JAB.00-05-8/2D3C x M 7636 RR
5	15,16,17	JAB.00-05-5/4A2D x M 7578 RR	15	45,46,47	JAB.00-05-8/2D3C x M 7908 RR
6	18,19,20	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR	16	48,49,50	JAB.00-05-8/2D3C x M 8336 RR
7	21,22,23	JAB.00-05-5/4A2D x M 8221 RR	17	51,52,53	JAB.00-06-2/3I3D x M 8230 RR
8	24,25,26	JAB.00-05-1/5C3B x M 7211 RR	18	54,55,56	JAB.00-06-2/3I3D x M 8236 RR
9	27,28,29	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR	19	57,58,59	JAB.00-02-30/1G4A x M 8360 RR
10	30,31,32	JAB.00-05-1/5C3B x M 8211 RR	20	60,61,62	JAB.00-02-3/6A4D x M 8360 RR

POP: População; ID: identificação das famílias; Cultivares 1: CD 216 e 2: Vmax

As famílias foram conduzidas da geração F_3 até a geração F_5 por dois métodos de melhoramento: bulk com seleção em F_3 (bulkF3) e bulk, onde foram selecionadas 60 famílias de cada método, de acordo com a performance média agrônômica. No total, foram avaliados 122 tratamentos, sendo 120 famílias segregantes (60 famílias provenientes de cada método), e duas testemunhas (Coodetec 216 e Vmax).

O avanço das gerações utilizando os diferentes métodos de condução das populações e a avaliação das famílias foi realizado em três anos agrícolas 2011/12, 2012/13 e 2013/14.

A condução destas populações segregantes foi realizada de acordo com Ramalho et al. (2012), conforme esquema da Figura 1.

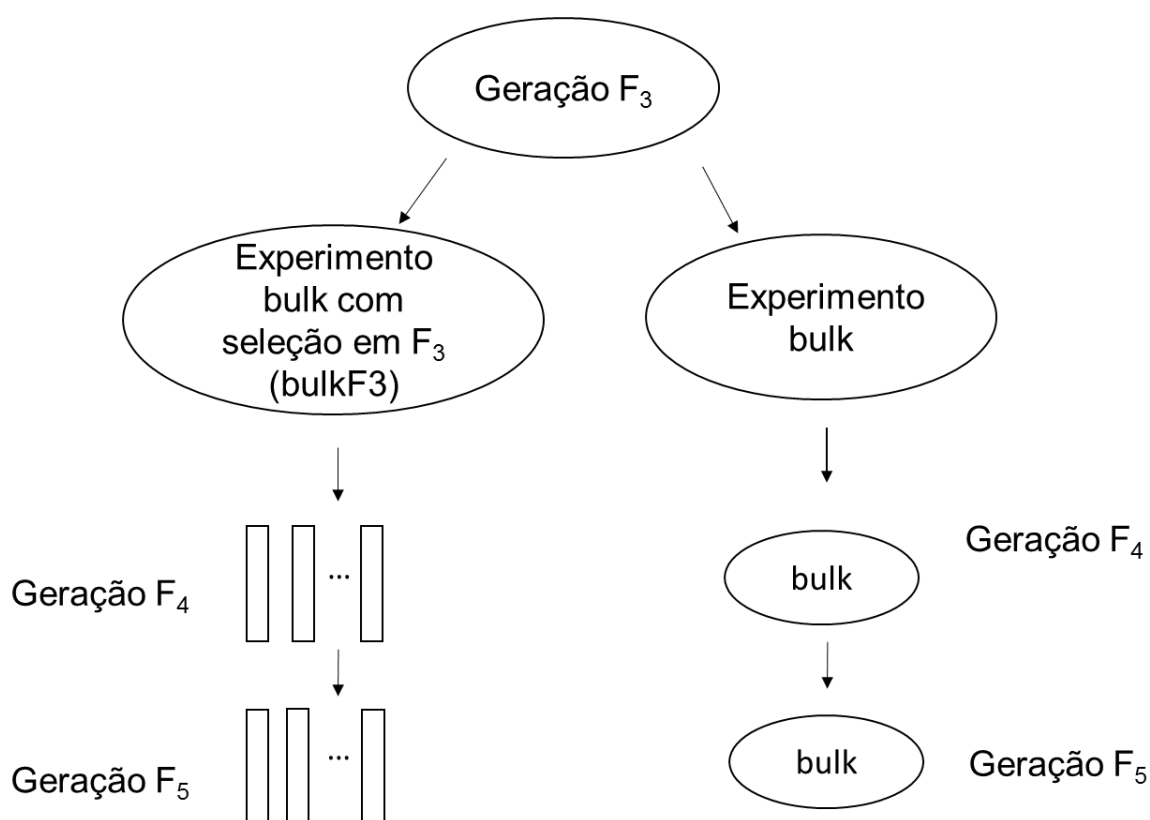


Figura 1. Esquema de condução das populações segregantes de soja nos métodos bulkF3 e bulk

Método bulkF3

Na geração F₃ foram semeadas 1800 plantas, pertencentes às 20 populações segregantes, onde cada população continha um número variável de linhas a depender do número de sementes. Na ocasião da colheita, foram selecionadas seis plantas dentro de cada linha, na qual cada planta originou uma família, sendo que as sementes provenientes de cada família foram utilizadas para a obtenção das gerações seguintes (F₄ e F₅). A denominação deste método é devido a realização do processo seletivo que ocorre na geração F₃.

Para a comparação dos métodos de condução, foi realizada a seleção de três linhas (famílias) de cada população, totalizando 360 plantas, das quais foram selecionadas 60 famílias, para que ambos os métodos pudessem ser comparados com o mesmo número de famílias. Esse procedimento foi repetido no avanço das gerações até F₅. Em cada geração foram selecionadas cerca de 20% das melhores famílias com base na performance agronômica média.

Bulk

No experimento conduzido pelo método bulk, as plantas foram colhidas em bulk, ou seja, em conjunto, onde suas sementes foram misturadas, em cada geração, desde F₃ até a F₅. Para a semeadura, foi retirado uma amostra de sementes para a obtenção da geração seguinte.

O delineamento experimental utilizado para os dois experimentos foi o de blocos aumentados de Federer (1956), onde as populações foram dispostas em linhas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m. As testemunhas foram alocadas de forma intercalar entre as populações avaliadas. A semeadura foi realizada no mês de novembro de forma mecanizada, em sulcos, utilizando 300 kg ha⁻¹ da fórmula 00-20-20. A densidade de semeadura foi de 20 sementes por metro e todos os tratos culturais seguiram as recomendações técnicas para a cultura da soja (EMBRAPA, 2013).

2.3. Características agronômicas avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características agronômicas, a partir da seleção de seis plantas.

- **Altura da inserção da primeira vagem (AIV):** distância em centímetros, entre a superfície do solo e a inserção da primeira vagem na haste principal;

- **Altura da planta na maturidade (APM):** distância compreendida, em centímetros, da superfície do solo até o último nó da haste principal, na ocasião da maturação;

- **Número de ramos (NR):** corresponde a contagem do número total de ramos na haste principal das plantas;

- **Número de vagens por planta (NV):** contagem do número total de vagens com sementes formadas;

- **Peso de cem sementes (PCS):** peso, em gramas, de 100 sementes de uma planta com posterior pesagem das mesmas, após a debulha das vagens;

- **Produção de grãos (PROD):** expresso em gramas, sendo o peso total das sementes, após a debulha.

2.4. Análises estatísticas e genéticas

O modelo matemático da análise de blocos aumentados de Federer (1956) é dado por:

$$Y_{ij} = \mu + \beta_j + T_i + \varepsilon_{ij}$$

em que:

Y_{ij} = resposta observada do i -ésimo tratamento no j -ésimo bloco (totalizando n observações);

μ = é a constante comum às observações (uma referência à média geral das observações);

β_j = efeito do j -ésimo bloco j ($j = 1, 2, \dots, b$), com efeito fixo;

T_i = efeito do *i*-ésimo tratamento ($i=1, 2, \dots p, p+1, p+2, \dots p+t$; sendo p o número de famílias, t o número de testemunhas e $p+t=v$, o número total de tratamentos, com efeito aleatório;

ε_{ij} = erro experimental aleatório do *i*-ésimo tratamento no *j*-ésimo bloco.

Foram realizadas as análises de variância individuais e conjunta para as características avaliadas. Na análise conjunta foram utilizadas médias ajustadas para as famílias em cada ano e os efeitos de bloco e geração foram considerados como efeito fixo e as famílias como efeito aleatório.

Para efeito de comparação dos métodos de condução das populações segregantes, foi utilizado o ganho genético dos referidos métodos a cada geração, e o teste *t*. As estimativas dos parâmetros genéticos foram baseadas na teoria de modelos mistos (HENDERSON et al., 1959), com a estimação dos componentes de variância pelo método da máxima verossimilhança restrita (REML) desenvolvido por Patterson e Thompson (1971). O BLUP (Melhor predição linear não viesada) foi utilizado para a predição dos valores genéticos.

Para a estimação dos parâmetros genéticos, foi utilizado o procedimento Mixed do *software* SAS® 9.3 (2011). As análises de variância foram obtidas pelo Proc GLM do mesmo *software*.

Para o cálculo da estimativa de herdabilidade no sentido amplo, foi utilizada a seguinte expressão:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_f^2} \times 100$$

onde:

h^2 = herdabilidade no sentido amplo;

σ_g^2 = variância genotípica;

σ_f^2 = variância fenotípica.

O ganho genético foi calculado utilizando a expressão:

$$GS = DS \times h^2$$

onde:

GS= ganho genético;

DS = diferencial de seleção, que corresponde a média das dez melhores famílias de acordo com o teste t, menos a média das famílias;

h^2 = herdabilidade.

Para as características altura da planta na maturação e altura da inserção da primeira vagem, foram desejados decréscimo nos valores dos ganhos, visto que o melhoramento genético busca de forma geral, genótipos de porte baixo, entre 80 até 100 cm, e altura da inserção maior ou igual a 12 cm, este último para favorecimento da colheita mecanizada. Portanto para essas características, na seleção foram desejados decréscimo nos valores, tendo em vista valores superiores presentes nos dados.

Para uma melhor interpretação da comparação dos métodos de condução em relação ao ganho genético, foi construído o intervalo de confiança através da expressão (RESENDE et al., 1995):

$$IC = GS \pm t \sqrt{\frac{1}{N} (\sigma_g^2 (1 - r_{AA}))}$$

onde:

GS = ganho genético por seleção;

t = valor tabelado associado à distribuição de Student;

N = número de famílias selecionadas;

σ_g^2 = variância genética;

r_{AA} = acurácia de seleção.

Neste estudo, a acurácia de seleção foi determinada pela raiz quadrada da herdabilidade. Foi utilizado o software R para a construção dos intervalos de confiança.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de variância conjunta foi constatado efeito significativo ($p < 0,01$) para gerações em todas as características analisadas, caracterizando a influência das gerações. Também foi detectada diferença significativa ($p < 0,01$) para o efeito de família em relação à todas as características, indicando a existência de variabilidade genética entre as famílias, independente do método de condução, e que há diferenças entre as famílias oriundas das diversas populações, onde pelo menos uma delas difere das demais (Tabela 2).

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta para as características altura da inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de ramos (NR), número de vagens (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos (PROD) das famílias obtidas por dois métodos de melhoramento.

FV	Quadrado Médio					
	AIV (cm)	APM (cm)	NR planta	NV planta	PCS (g)	PROD (g/planta)
Bloco	3,56 ^{ns}	48,57 ^{ns}	0,31 ^{ns}	149,55 ^{ns}	3,49 ^{ns}	10,08 ^{ns}
Test. vs Fam.	79,57**	4560,52**	162,83**	121095,39**	59,68**	7275,17**
Geração	81,79**	1618,65**	84,52**	29807,80**	65,47**	4764,84**
Família	17,80**	467,66**	3,55**	1620,04**	8,23**	89,37**
Métodos	4,45 ^{ns}	238,63*	15,98*	5367,92*	62,75**	2118,46**
Fam. x Métodos	12,85**	123,45**	1,69 ^{ns}	774,95*	3,04 ^{ns}	29,88 ^{ns}
Fam. x Ger.	14,15**	160,63**	2,22*	1201,42**	4,06*	88,18**
Ger. x Métodos	36,98*	1167,94**	19,85*	27289,75**	3,79 ^{ns}	2213,82**
Testemunha	0,01 ^{ns}	371,37 ^{ns}	189,47**	116,26 ^{ns}	10,83*	35,20 ^{ns}
Resíduo	6,89	57,96	1,29	420,33	2,91	27,73
R ²	0,76	0,87	0,84	0,88	0,73	0,89
CV%	19,54	7,67	31,34	21,95	11,74	19,78

* significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; ** significativo a 1% de probabilidade pelo teste F; ^{ns} não significativo pelo teste F; CV%: coeficiente de variação e R²: coeficiente de determinação

A fonte de variação métodos foi significativa ao nível de 5% de probabilidade para as características altura da planta na maturidade, número de ramos e número de vagens, e ao nível de 1% para peso de cem sementes e produção de grãos, indicando diferenças entre os métodos de condução na obtenção das famílias das populações segregantes (Tabela 2).

Considerando a significância das interações (Tabela 2), o efeito de interação família x métodos foi significativo para as características altura da inserção da primeira vagem e altura da planta na maturidade, enquanto que para número de vagens foi ao nível de 5%. Entretanto, este efeito não foi significativo para as características número de ramos, peso de cem sementes e produção de grãos. O efeito desta interação indica respostas diferenciadas das famílias de soja obtidas em cada método.

A interação família x geração foi significativa a 1% para as características altura da inserção da primeira vagem, altura da planta na maturação, número de vagens e produção de grãos, e a 5% para número de ramos e peso de cem sementes, evidenciando que o comportamento das famílias não foi coincidente entre as três gerações (Tabela 2). Vale ressaltar, que foi verificado que a interação alterou a classificação das famílias entre os métodos, indicando que as melhores famílias no método bulkF3, não necessariamente foram as melhores no bulk. Nota-se que para a característica produção de grãos, entre as dez melhores famílias no método bulkF3, a família 8 se destacou como a mais produtiva nas gerações F₃ e F₄, porém, não manteve esta classificação na geração F₅, com destaque para a família 21 (Tabela 3). No método bulk a família 8 foi mais produtiva na geração F₃ não mantendo a sua superioridade nas gerações seguintes F₄ e F₅, destacando as famílias 54 e 57, respectivamente (Tabela 4). Na literatura há relatos da ocorrência da interação geração x família (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000; DONÇA, 2012).

Em relação à interação geração x métodos foram observados efeitos significativos para maioria das características, altura da inserção da primeira vagem, altura da planta na maturação, número de vagens, número de ramos e produção de grãos (Tabela 2). Esses resultados demonstram que há variabilidade entre as famílias dentro de cada método, e os métodos de condução adotados foram distintos na obtenção das famílias, ou seja, não houve concordância no comportamento das famílias entre as gerações e os métodos. Resultados semelhantes foram obtidos por Rosal et al. (2000), Silva et al. (2013) e Jost et al. (2014) comparando os métodos de condução bulk e bulk com famílias em F₂ e F₃ na cultura do feijoeiro comum.

Os coeficientes de variação (CV%) oscilaram de 7,67% para a característica altura da planta na maturação a 31,34% para número de vagens (Tabela 2), sendo compatíveis com os valores encontrados por outros autores (BÁRBARO et al., 2007;

CARPENTIERI-PÍPOLO; GASTALDI; PÍPOLO, 2005; LIMA et al., 2009; PINHEIRO et al., 2013).

Nas Tabelas 3 e 4 estão apresentados os valores fenotípicos, por meio das médias ajustadas, e os valores genotípicos, preditos pelo BLUP, das dez melhores famílias obtidas pelos métodos bulkF3 e bulk. Os resultados serão discutidos com base na geração F₅.

Constata-se que, em ambos os métodos, há pouca concordância entre as melhores famílias dentro de cada geração, ou seja, tanto os valores fenotípicos como os valores genéticos preditos, foram distintos entre os métodos bulk e bulkF3. Este fato foi observado em todas as características, nota-se como por exemplo para a característica produção de grãos, a família 21 foi superior na geração F₅, entretanto, nas gerações F₃ e F₄ foi a família 8 (Tabela 3). Essas diferenças de comportamentos encontradas nas famílias no decorrer das gerações, possivelmente são devidos aos efeitos da interação geração x família.

A produção média de grãos, na geração F₅, das 10 famílias superiores foi maior no método bulkF3 com 35,27 gramas (Tabela 3). Assim como para as características peso de cem sementes 17,81 gramas, número de ramos 6,10 e número de vagens 150,10. O método bulkF3 também proporcionou a maior amplitude para as seguintes características: produção de grãos (14,36 g), peso de cem sementes (4,33 g) e número de vagens (99) (Tabela 3).

Além disso, de forma geral, os valores genéticos preditos no método bulkF3 foram melhores na identificação de famílias superiores. Mais detalhadamente, os melhores valores fenotípicos coincidiram com os maiores valores genotípicos. Vale ressaltar que entre os métodos, houve diferença no ranqueamento das famílias de acordo com seus valores fenotípicos e genotípicos. Pode-se observar também que a população 4 proporcionou o maior número de famílias produtivas em ambos os métodos de condução. De maneira similar, Costa et al. (2002) constataram que os métodos de condução de populações segregantes foram contrastantes na identificação de famílias mais produtivas.

Tabela 3. Valores fenotípicos e genotípicos das dez melhores famílias obtidas pelo método bulkF3 nas gerações F₃, F₄ e F₅.

Altura da inserção da primeira vagem (cm)								
Método BulkF3								
Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
30	12	-2,53	54	12	-1,26	15	12	-1,60
36	12	-2,53	35	12	-0,76	19	12	-1,60
37	12	-2,53	36	12	-1,19	22	12	-0,72
51	12	-2,34	13	13	-0,46	60	12	-0,51
56	12	-2,34	18	13	-0,83	61	12	-0,51
6	12	-2,11	19	13	-0,83	62	12	-0,51
9	12	-2,11	24	13	-0,83	32	12	-0,35
33	13	-1,54	45	13	-0,76	39	12	-1,03
38	13	-1,54	47	13	-0,76	46	12	-1,03
55	13	-1,36	8	13	-0,02	12	13	-0,81
Ampl	1	1,17		1	1,24		1	1,25
Média	12,30	-2,09		12,70	-0,77		12,10	-0,87
Altura da planta na maturação (cm)								
Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
8	90	-14,35	6	91	-8,05	29	90	-0,85
44	93	-11,51	44	92	-6,86	25	91	-0,40
4	93	-11,49	42	92	-6,88	47	91	0,03
11	93	-11,49	48	93	-6,00	24	92	0,04
31	95	-10,65	49	93	-6,00	3	92	-0,84
53	96	-9,69	58	93	-7,09	61	92	0,16
30	96	-9,47	43	94	-5,16	10	94	0,05
51	98	-7,56	8	94	-5,47	44	94	1,36
56	99	-6,61	18	96	-5,83	46	95	1,80
59	99	-6,61	45	96	-3,42	56	95	0,63
Ampl	9	7,74		5	4,63		5	2,65
Média	95,20	-9,94		93,40	-6,08		92,60	0,20
Número de ramos								
Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
51	7	2,69	37	9	3,03	12	7	1,86
26	7	2,31	7	8	2,58	61	7	1,86
38	7	2,36	33	8	2,47	6	6	1,48
52	6	1,79	4	7	1,76	51	6	1,04
53	6	1,79	8	7	1,76	21	6	0,99
54	6	1,79	13	7	2,20	22	6	0,99
7	6	1,52	27	7	1,66	23	6	0,99
8	6	1,52	32	7	1,66	58	6	0,88

Continua...

Continuação Tabela 3								
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
11	6	1,52	35	7	1,66	59	6	0,88
12	6	1,52	40	7	1,40	5	5	0,93
Ampl	1	1,18		2	1,63		2	0,93
Média	6,30	1,88		7,40	2,02		6,10	1,19
Número de vagens								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
51	279	144,52	8	214	102,22	12	217	113,16
38	242	108,30	56	179	75,87	21	195	92,48
52	219	85,13	51	171	69,09	51	191	85,49
8	216	82,80	38	165	61,98	23	146	49,25
31	196	62,76	49	158	57,33	61	133	38,45
53	193	59,39	7	150	44,29	50	131	32,55
26	170	38,03	33	132	33,16	56	126	28,14
5	161	28,35	36	132	32,11	37	122	33,43
24	153	21,21	5	131	27,09	39	122	32,22
11	153	20,44	31	127	28,64	52	118	21,08
Ampl	126	124,08		87	75,13		99	92,08
Média	198,20	65,09		155,90	53,18		150,10	52,63
Peso de cem sementes (g)								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
59	17,63	2,55	57	21,45	2,43	45	20,86	2,58
14	17,31	2,20	55	20,45	1,94	47	19,86	2,08
13	17,23	2,13	18	20,21	1,78	46	18,86	1,58
54	17,09	2,07	12	19,94	1,77	37	17,66	1,58
32	16,99	1,88	31	19,94	1,84	27	17,13	1,17
29	16,97	1,86	36	19,66	1,65	26	16,93	1,07
12	16,95	1,89	13	19,42	1,28	42	16,86	0,58
24	16,89	2,08	20	18,81	1,09	59	16,72	1,15
57	16,53	1,58	24	18,81	1,09	38	16,66	1,08
25	16,50	1,74	47	18,40	1,31	7	16,53	0,98
Ampl	1,13	0,97		3,05	1,34		4,33	2
Média	17,01	2,0		19,71	1,62		17,81	1,39
Produção de grãos (g)								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
8	77,54	35,33	8	52,98	17,08	21	41,94	14,06
52	65,38	23,36	56	46,47	15,19	12	41,04	12,49
53	64,28	22,28	49	42,10	9,78	61	40,46	12,75

Continua...

Continuação Tabela 3

Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
51	62,29	20,32	7	41,76	8,60	48	38,74	11,13
38	59,94	18,36	52	41,52	9,34	23	34,70	8,50
59	56,85	14,97	55	41,02	8,80	13	33,92	7,02
7	55,77	13,91	36	37,45	7,49	14	32,59	6,00
26	54,35	12,91	33	35,68	6,03	51	31,03	5,21
24	53,80	12,37	28	35,27	5,72	55	30,68	4,94
11	48,35	6,61	6	33,89	2,64	37	27,58	4,00
Ampl	29,19	28,72		19,09	14,44		14,36	10,06
Média	59,86	18,04		40,81	9,07		35,27	8,61

Fam: famílias selecionadas para o cálculo do ganho genético; Ampl: amplitude; BLUP: Melhor predição linear não viesada

Tabela 4. Valores fenotípicos e genotípicos das dez melhores famílias obtidas pelo método bulk nas gerações F₃, F₄ e F₅.

Altura da inserção da primeira vagem (cm)								
Método Bulk								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
31	12	-3,14	30	12	-0,60	5	12	-0,40
34	12	-3,14	34	12	-0,60	26	12	0,18
36	12	-3,14	37	12	-0,80	51	12	-0,43
55	12	-3,08	21	13	-1,24	54	12	-0,43
26	12	-2,59	49	13	-0,68	32	12	0,54
27	12	-2,17	56	13	-0,28	44	12	0,18
28	12	-2,17	59	13	-0,28	11	13	0,40
51	12	-2,11	4	13	-0,70	14	13	0,84
54	12	-2,11	29	13	0,23	23	13	0,98
59	13	-2,11	40	13	0,03	27	13	0,98
Ampl	1	-1,03		1	-1,67		1	1,38
Média	12,10	-2,58		12,70	-0,49		12,40	0,28
Altura da planta na maturação (cm)								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
51	92	-11,64	18	91	-6,89	25	91	-3,72
4	92	-10,54	54	91	-6,25	7	93	-5,17
14	94	-8,64	3	91	-4,55	19	93	-2,46
59	95	-8,79	5	91	-4,55	20	93	-2,46
54	96	-7,84	19	92	-6,00	8	94	-4,74
44	96	-6,89	25	92	-6,00	46	94	-2,04
31	98	-6,52	4	92	-3,66	50	94	-1,86
55	99	-4,99	27	92	-7,32	18	94	-2,03

Continua...

Continuação Tabela 4

Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
43	99	-4,04	37	93	-4,56	62	94	-4,41
39	99	-5,57	58	93	-7,08	28	95	-2,01
Ampl	7	-7,6		2	-3,66		4	-3,16
Média	96	-7,55		91,80	-5,69		93,50	-3,09

Número de ramos

Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
8	7	3,37	54	11	4,99	6	6	1,00
51	5	2,88	8	9	3,21	57	6	0,79
7	7	2,46	53	9	2,91	7	5	0,63
26	6	2,48	21	8	2,77	14	5	0,67
52	5	1,98	25	8	2,77	52	5	0,52
59	5	1,98	7	8	2,34	29	5	0,53
6	5	1,56	47	8	2,05	58	5	0,42
9	5	1,56	51	8	2,05	11	4	0,26
10	5	1,56	6	7	1,47	39	4	0,43
13	5	1,56	27	7	1,59	13	4	0,29
Ampl	2	1,81		4	3,52		2	0,74
Média	5,50	2,14		8,30	2,62		4,90	0,55

Número de vagens

Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
51	171	73,67	3	230	97,98	57	135	40,97
8	170	72,75	21	223	96,27	39	132	36,67
26	155	58,91	4	198	68,37	42	132	36,67
52	151	54,04	37	178	52,66	52	125	27,93
7	150	53,12	40	173	48,04	53	120	24,42
23	138	42,22	6	170	42,46	54	117	22,31
25	132	36,33	8	169	41,56	33	112	26,76
48	124	28,05	38	166	41,56	56	112	18,76
53	124	27,54	22	166	43,52	26	108	17,85
9	120	23,67	49	160	39,26	29	105	15,74
Ampl	51	50		70	58,72		30	25,23
Média	143,50	47,03		183,30	57,17		119,80	26,81

Peso de cem sementes (g)

Geração F₃			Geração F₄			Geração F₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
34	17,49	2,62	21	19,88	0,65	10	18,13	3,73
33	17,46	2,59	54	19,45	0,59	12	16,94	2,70
14	16,69	1,99	45	19,40	0,54	33	16,91	2,93

Continua...

Continuação Tabela 4								
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
13	16,59	1,90	12	17,94	0,45	28	16,78	2,39
12	16,56	1,88	7	17,15	0,35	45	16,31	1,92
58	16,39	1,86	57	17,07	0,24	46	16,29	1,90
40	16,10	1,42	48	16,92	0,18	13	16,13	2,06
57	15,60	1,18	23	16,76	0,20	5	16,08	2,11
46	15,52	1,22	50	16,72	0,15	32	15,61	1,90
45	15,38	1,10	32	16,66	0,27	43	15,28	1,10
Ampl	2,11	1,52		3,22	0,50		2,85	2,63
Média	16,38	1,78		17,80	0,36		16,45	2,27
Produção de grãos (g)								
Geração F ₃			Geração F ₄			Geração F ₅		
Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP	Fam	Média ajustada	BLUP
8	61,51	33,12	54	51,75	15,82	14	35,42	9,65
51	50,70	22,57	21	49,68	15,03	12	32,52	7,78
7	50,06	21,86	56	45,78	10,93	57	32,24	8,46
52	48,56	20,46	36	44,59	10,21	53	30,93	6,18
49	48,32	20,31	52	43,76	9,22	54	29,02	4,94
13	41,60	13,53	57	43,01	8,66	52	27,99	4,28
50	40,17	12,29	22	41,09	7,99	39	27,62	5,62
26	39,98	12,39	49	40,47	6,52	16	25,90	3,50
59	38,20	10,27	39	39,89	6,35	13	25,67	3,35
53	37,03	9,12	51	39,47	5,70	42	25,52	4,27
Ampl	24,48	24		12,28	10,12		6,72	6,30
Média	45,61	17,59		43,95	9,64		29,28	5,80

Fam: famílias selecionadas para o cálculo do ganho genético; Ampl: amplitude; BLUP: Melhor predição linear não viesada

Para a maioria das características, a variância genética foi maior no método bulkF3 (Tabela 5). Este fato é importante, pois a variabilidade genética está diretamente relacionada ao ganho genético. Ao longo das gerações, no método bulkF3, a variância genética na geração F₃ variou de 1,81 (NR) a 1388,44 (NV), em F₄ 2,14 (NR) a 1001,62 (NV), e em F₅ de 1,06 (NR) a 1179,15 (NV). No método bulk, considerando todas as características variou de 1,91 (PCS) a 755,80 (NV) em F₃, na geração F₄ variou de 0,40 (PCS) a 1300,04 (NV), e em F₅ de 0,34 (NR) a 404,03 (NV).

As estimativas de herdabilidade, de modo geral, foram de média a alta magnitude para a maioria das características (Tabela 5). Os valores de herdabilidade na geração F₃ pelo método bulkF3 variaram de 86% (PCS) a 98% (AIV, NV e PROD), em F₄ de 50% (PCS) a 90% (NV), em F₅ de 44% (APM) a 88% (NV).

Tabela 5. Estimativas de parâmetros genéticos das famílias de soja obtidas pelos métodos bulk e bulkF3 nas gerações F₃, F₄ e F₅.

Altura da inserção da primeira vagem						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	10,27	25,80	9,47	14,50	5,78	6,37
σ^2_e	0,33	0,34	1,93	1,86	1,47	1,71
h ²	0,97	0,98	0,83	0,88	0,80	0,78
Altura da planta na maturidade						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	220,66	227,70	196,35	145,79	55,48	56,51
σ^2_e	11,67	11,40	25,12	23,52	74,43	70,88
h ²	0,94	0,95	0,88	0,86	0,43	0,44
Número de ramos						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	2,06	1,81	3,15	2,14	0,34	1,06
σ^2_e	0,22	0,19	0,48	0,48	0,57	0,72
h ²	0,90	0,90	0,87	0,81	0,38	0,60
Número de vagens						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	755,80	1388,44	1300,04	1001,62	404,03	1179,15
σ^2_e	14,26	14,22	104,80	104,99	170,27	157,31
h ²	0,98	0,98	0,92	0,90	0,70	0,88
Peso de cem sementes						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	1,91	2,05	0,40	2,30	6,76	2,03
σ^2_e	0,30	0,28	2,36	2,41	1,78	2,02
h ²	0,86	0,86	0,14	0,50	0,79	0,50
Produção de grãos						
Geração	F ₃		F ₄		F ₅	
Parâmetros genéticos	Métodos					
	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3	bulk	bulkF3
σ^2_g	106,88	109,00	51,96	39,48	17,87	28,48
σ^2_e	1,76	1,76	11,46	12,73	9,78	8,58
h ²	0,98	0,98	0,81	0,76	0,65	0,77

σ^2_g : variância genética; σ^2_e : variância ambiental; h^2 herdabilidade no sentido amplo

No método tradicional bulk variou de 86% (PCS) a 98% (AIV, NV e PROD) na geração F₃, na F₄ de 14% (PCS) a 92% (NV), e em F₅ de 38% (NR) a 80% (AIV) (Tabela 5). Estimativas de herdabilidade elevadas estão associadas com maior variabilidade genética, maior acurácia seletiva (CARGNELUTTI FILHO; STORCK; RIBEIRO, 2009) e, conseqüentemente, maiores possibilidades de êxito na seleção de famílias de soja superiores.

Um método de condução de população segregante será tanto mais eficiente quanto maior for a magnitude do ganho genético (RAPOSO; RAMALHO; ABREU, 2000). Portanto, além do desempenho médio das famílias, a probabilidade de maior ganho com a seleção deve ser considerada na escolha do método de seleção.

A decisão do melhor método de condução não deve ser baseada apenas no ganho genético, mas também no intervalo de confiança (IC) do ganho genético (RESENDE et al., 1995). Segundo estes autores, não devem ser analisados os limites superiores (LS) do intervalo de confiança, mas sim os limites inferiores (LI). Baseado nesta premissa, o método bulkF3 apresentou maior ganho genético e o maior limite inferior em F₅ para as características PROD, AIV, APM, NR e NV (Tabela 6). Para as características PROD, NR e NV, o método bulkF3 apresentou limite inferior superior ao limite superior do método bulk (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas de ganho genético (GS) e intervalo de confiança (IC) das famílias obtidas pelos métodos bulk e bulkF3 nas gerações F₃, F₄ e F₅.

Altura da inserção da primeira vagem						
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅	
	GS	IC	GS	IC	GS	IC
bulk	-2,62	-2,84 a -2,39	-0,49	-1,02 a 0,04	-0,28	-0,73 a 0,17
bulkF3	-2,13	-2,42 a -1,83	-0,72	-1,26 a -0,17	-0,88	-1,38 a -0,38
Altura da planta na maturação						
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅	
	GS	IC	GS	IC	GS	IC
bulk	-7,79	-9,29 a -6,28	-6,15	-8,17 a -4,12	-3,51	-6,04 a -0,98
bulkF3	-10,16	-11,55 a -8,77	-6,74	-8,63 a -4,85	-0,18	-2,71 a 2,34
Número de ramos						
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅	
	GS	IC	GS	IC	GS	IC
bulk	2,32	2,13 a 2,51	2,76	2,49 a 3,03	0,6	0,39 a 0,80
bulkF3	1,98	1,91 a 2,05	2,15	1,88 a 2,41	1,29	1,00 a 1,57

Continua...

Continuação Tabela 6

Número de vagens							
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅		
	GS	IC	GS	IC	GS	IC	
bulk	47,24	45,64 a 48,83	59,43	55,20 a 63,65	29,76	25,05 a 34,46	
bulkF3	64,60	62,43 a 66,76	54,93	50,77 a 59,08	55,28	50,33 a 60,23	
Peso de cem sementes							
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅		
	GS	IC	GS	IC	GS	IC	
bulk	1,83	1,61 a 2,04	0,38	0,09 a 0,67	2,29	1,78 a 2,79	
bulkF3	2,00	1,77 a 2,22	1,74	1,26 a 2,21	1,61	1,16 a 2,06	
Produção de grãos							
Métodos	Geração F₃		Geração F₄		Geração F₅		
	GS	IC	GS	IC	GS	IC	
bulk	17,68	17,08 a 18,28	10,00	8,68 a 11,32	6,77	5,69 a 7,85	
bulkF3	18,10	17,49 a 18,70	9,87	8,56 a 11,17	9,23	8,15 a 10,31	

Na interpretação dos intervalos de confiança (ICs) é importante notar que métodos com maior acurácia apresentam intervalos menos amplos. Neste sentido, apesar dos limites inferiores do método bulkF3 serem superiores aos limites superiores do método bulk, a amplitude dos intervalos de confiança foi semelhante. Desta forma, os resultados do presente estudo mostram que o método bulkF3 apresentou maior ganho genético para a maioria das características, e a amplitude dos ICs foram semelhantes em ambos os métodos (Tabela 6).

Vale ressaltar que, para as características altura da planta na maturidade e altura da inserção da primeira vagem, é esperado ganho genético no sentido negativo, uma vez que nos programas de melhoramento genético é preferido plantas de menor porte com cerca de 80 a 100 cm, e inserção da primeira vagem acima de 12 cm, respectivamente (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Resultados semelhantes aos do presente trabalho, comprovando que o método bulkF3 apresentou maior ganho genético em relação aos métodos bulk e pedigree/bulk foram obtidos por Wang et al. (2003) com a cultura do trigo, por meio de simulação de dados. Da mesma forma, Silva et al. (2013), comparando os métodos de condução de populações segregantes bulk, bulkF₃ e SSD, concluíram que o método bulkF₃ foi o melhor e mais eficiente método na obtenção de famílias de feijoeiro, baseados nos resultados do ganho genético.

Uma maneira de comparar a superioridade dos métodos de condução é por meio do desempenho médio das famílias conduzidas pelos mesmos (Tabela 7). Neste estudo foi analisada apenas a geração F₅, visando melhor interpretação dos resultados. Observa-se que o bulkF3 foi o método que proporcionou as maiores médias, quando comparadas pelo teste de t, indicando que o método bulkF3 destacou-se em relação ao método bulk (Tabela 7).

Tabela 7. Comparação dos métodos de condução bulkF3 e bulk ao longo das gerações para as características altura da inserção da primeira vagem (AIV), altura da planta na maturidade (APM), número de ramos (NR), número de vagens (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos (PROD).

Geração	Métodos	AIV	APM	NR	NV	PCS	PROD
F ₃	bulkF3	14,25 a	105,87 b	4,00 a	132,32 a	14,69 a	41,40 a
F ₃	bulk	14,97 a	104,24 a	2,77 b	95,37 b	14,25 a	27,57 b
F ₄	bulkF3	13,57 a	98,66 a	4,72 b	95,03 b	16,13 a	31,61 a
F ₄	bulk	13,69 a	100,99 b	5,16 a	118,71 a	15,09 b	28,13 b
F ₅	bulkF3	13,40 a	92,83 a	3,62 a	87,18 a	14,60 a	23,28 a
F ₅	bulk	11,94 b	101,66 b	3,09 b	77,11 b	13,54 b	18,93 b

Na coluna, as médias seguidas da mesma letra, não diferem entre si a 5% pelo teste de t

Foram calculados, na geração F₅, ganhos percentuais para uma melhor visualização dos resultados. Verifica-se que os ganhos percentuais para as características foram: altura da inserção da primeira vagem (12,22%), altura da planta na maturação (0,91%), número de ramos (17,15%), número de vagens (13,06%), peso de cem sementes (0,78%) e produção de grãos (22,98%). A característica produção de grãos proporcionou o maior ganho percentual, indicando que o método bulkF3 obteve famílias mais produtivas. Com esses resultados, é possível destacar a superioridade do método bulkF3 em relação ao bulk.

As famílias obtidas pelo método bulkF3, apresentaram no final do processo seletivo (geração F₅), famílias mais produtivas, com menor porte, maior número de ramos, vagens e peso de cem sementes. Semelhantemente, Brito (2010) e Pontes Júnior (2012) observaram que o método bulk dentro de famílias F₃ apresentou

superioridade na obtenção de um maior número de famílias produtivas na cultura do feijoeiro.

Um possível fator que afetou o desempenho das famílias foram as condições climáticas, fato esse observado principalmente para a produção de grãos, que reduziu de 41,40 a 23,28 gramas, ao longo das gerações. Assim, a redução de produção detectada entre as gerações é possivelmente decorrente de diferenças climáticas, ou seja, menor índice pluviométrico, ocorridos durante o ciclo da cultura da soja, principalmente nos estágios de florescimento e enchimento de grãos. As gerações F₄ e F₅, correspondem aos anos agrícolas 2012/13 e 2013/14, os quais foram considerados anos secos, com menores índices pluviométricos (CIIAGRO, 2015).

4. CONCLUSÕES

O método bulkF3 mostrou-se uma estratégia de condução eficiente para o melhoramento genético de soja, quando comparado com o método bulk tradicional.

O método bulkF3 é mais indicado quando o objetivo é aumentar a taxa de ganho genético para a produção de grãos.

5. REFERÊNCIAS

ALLARD, R. W. **Princípios de melhoramento genético das plantas**. São Paulo: E. Blucher, 1971. p. 381.

BÁRBARO, I. M. **Análises genéticas em populações de soja com precocidade e resistência ao cancro da haste**. 2006. 75f. Tese (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias de Jaboticabal, Universidade Estadual Paulista "Júlio de Mesquita Filho", Jaboticabal, 2006.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5. ed. Viçosa: Editora da UFV, 2009. p. 529.

BRITO, A. R. T. **Variabilidade genética de populações de feijoeiro conduzidas por diferentes métodos**. 2010. 96 f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) –Universidade Federal de Lavras, Lavras, 2010.

CARGNELUTTI FILHO, A.; STORCK, L.; RIBEIRO, N.D. Medidas da precisão experimental em ensaios com genótipos de feijão e de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 44, p. 1225-1231, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2009001000003>>.

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

CÉLERES. **10º levantamento de adoção da biotecnologia no Brasil, safra 2014/15**. 2014.p.13. Disponível em:< <http://celeres.com.br/ic15-05-projecao-de-safra-soja-maio-2015/#.pdf> > Acesso em 23 Maio. 2015.

CIIAGRO- **Centro Integrado de Informações Agrometeorológicas**. 2015. Disponível em: <http://www.ciiagro.sp.gov.br>> Acesso em 20 Maio, 2015.

CONAB - **Companhia Nacional de Abastecimento. Acomp. Safra Bras. Grãos, v.2** - Safra 2014/15, n.8 - Oitavo Levantamento, Brasília, p. 1-118, maio. 2015. -Disponível em: <<http://www.conab.gov.br>>. Acesso em: 23 maio. 2015.

COSTA, J. G. C.; RAVA, C. A.; ZIMMERMANN, F. J. P. Comparação da eficiência de métodos de seleção em gerações segregantes de feijoeiro-comum considerando a resistência à antracnose e rendimento. **Ciência Agrotécnica**, Lavras, v. 26, n. 2, p. 244-251, 2002.

DONÇA, M. C. B. **Seleção precoce para caracteres dos grãos no melhoramento do feijão caupi**. 2012. 120f. Dissertação (mestrado) – Universidade Federal de Lavras: UFLA, Lavras, 2012.

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.**Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013. p. 265.

FEDERER, W. T. **Augmented (hoonuiaku) designs**. Hawaiian Planters' Record, Aiea, v. 55, p.191-208, 1956.

FEHR, W. R. **Principles of cultivar development**. New York: MacMillan, 1987. p. 525.

FREY, K. J. The use of F_2 lines in predicting the performance of F_3 selections in two barley crosses. **Agronomy Journal**, Madison, v. 46, n. 12, p. 541-544, 1954.

HENDERSON, C. R.; KEMPTHORNE, O.; SEARLE, S. R.; KROSIGK, C. M. V. The estimation of environmental and genetic trends from records subject to culling. **Biometrics**, Iowa, v. 15, n. 2, p. 192-218, 1959.

JOST, E.; RIBEIRO, N. D.; ROSA, D. P.; POSSOBOM, M. T. D. F.; MAZIERO, S. M. Methods of selecting common bean lines having high yield, early cycle and erect growth. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 45, n. 1, p. 101- 110, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S1806-66902014000100013>>.

KÖPPEN, W. Climatologia. México: Fondo de Cultura Económica, 1948. p. 478.

LIMA, E. V.; CRUSCIOL, C. A. C.; CAVARIANI, C.; NAKAGAWA, J. Características agronômicas, produtividade e qualidade fisiológica da soja “safrinha” sob semeadura direta, em função da cobertura vegetal e da calagem superficial. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v. 31, n. 1, p. 069-080, 2009. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0101-31222009000100008>>.

MARTIN, S. K.S.; GERALDI, I.O. Comparison of three procedures for early generation testing of soybean. **Crop Science**, Madison, v. 42, p.705-709, 2002. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2002.7050>>.

PATTERSON, H. D.; THOMPSON, R. Recovery of inter-block information when blocks sizes are unequal. **Biometrika**, Oxford, v. 58, p. 545-554, 1971. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1093/biomet/58.3.545>>.

PINHEIRO, L. C. M.; GOD, P. I. V. G.; FARIA, V. R.; OLIVEIRA, A. G.; HASUI, A. A.; PINTO, E. H. G.; ARRUDA, K. M. A.; PIOVESAN, N. D.; MOREIRA, M. A. Parentesco na seleção para produtividade e teores de óleo e proteína em soja via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.48, n.9, p.1246-1253, 2013. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000900008>>.

PONTES JÚNIOR, V. A. **Potencial genético e estabilidade de famílias de feijoeiro-comum obtidas por diferentes métodos de melhoramento**. 2012. 96 f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Goiás, Goiás, 2012.

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. de; VALADARES- INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos genéticos e melhoramento de plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. p. 201-230.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. p. 522.

RAPOSO, F. V.; RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B. Comparação de métodos de condução de populações segregantes de feijoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 10, p. 1991-1997, 2000.

RESENDE, M.D.V.; ARAUJO, A. J.; SAMPAIO, P. T. B. Acurácia seletiva, intervalos de confiança e variância de ganhos genéticos associados a 22 métodos de seleção em *Pinus caribaea* var. hondurensis. **Revista Floresta**, Curitiba, v. 24, n. 1/2, p. 35-45, 1995.

ROSAL, C. J. S.; RAMALHO, M. A. P.; GONÇALVES, F. M. A.; ABREU, A. F. B. Seleção precoce para a produtividade de grãos no feijoeiro. **Bragantia**, Campinas, v. 59, n. 2, p. 189-195, 2000.

SAS. **STATISTICAL ANALYSES SYSTEM**. Institute Inc. The SAS System, release 9.3. Cary: NC, 2011.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. **Melhoramento da Soja**. In: **BOREM, A. Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 2005. p. 553-602.

SILVA, G. F. O.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C. Efficiency of methods for conducting segregating populations in the breeding of common beans for protein quality. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, v. 8, n. 2, p. 149-154, 2008.

SILVA, L. C. **Estratégias de condução de populações segregantes no melhoramento genético do feijoeiro**. 2009. 65 f. Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2009.

SILVA, A. C. F.; MELO, P. G. S.; MELO, L. C.; BASSINELLO, P. Z.; PEREIRA, H. S. Eficiência de métodos de melhoramento para teor de fibra e produtividade de grãos em progênies de feijoeiro-comum. **Bragantia**, Campinas, v. 72, n. 4, p-326-331, 2013.

WANG, J.; GINKEL, M, V.; YE, D. P. G.; TRETHOWAN, R.; PFEIFFER, W.; DELACY, I. H.; COOPER, M.; RAJARAM, S. Comparison of two breeding strategies by computer simulation. **Crop Science**, Madison, v. 43, n. 6, p.1764-1773, 2003.

CAPÍTULO 3 – SELEÇÃO DE FAMÍLIAS SUPERIORES DE SOJA PORTADORAS DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISES MULTIVARIADAS

RESUMO – A utilização de técnicas multivariadas é uma opção viável para a seleção de genótipos, uma vez que permite a análise de várias características simultaneamente para todos os dados coletados. Dentre as técnicas de análise multivariada podemos destacar a análise por componentes principais e de agrupamento. O objetivo do presente estudo foi a seleção de famílias de soja superiores pertencentes a diferentes populações por meio de estratégias de análises multivariadas. Para a realização do trabalho foram utilizadas 20 populações segregantes, conduzidas por dois métodos, o bulk e o bulk com seleção (bulkF3). Foram selecionadas 60 melhores famílias de cada método, de acordo com a performance média agrônômica. O delineamento utilizado foi de blocos aumentados, foram avaliadas as seguintes características agrônômicas: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos (PROD). Para as análises multivariadas, utilizou-se a técnica de componentes principais e análise de agrupamento pelo método hierárquico, utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre grupos pelo método de Ward e o método não hierárquico k-médias. No método bulkF3, a análise de componentes principais resultou em 2 componentes principais (CP1 e CP2), os quais explicam 63,74% da variância total contida nas seis variáveis. As características de maior contribuição na discriminação dos genótipos em CP1 foram PROD, NR e NV. As famílias selecionadas 12, 21, 23, 51 e 61 apresentam bom potencial produtivo. As análises de K-médias e o dendrograma formaram seis grupos. No método bulk, 3 CP explicaram 77,60% da variância total. A análise de CP selecionou as famílias 14, 39, 52, 53 e 57. Verificou-se a formação de seis grupos pelas análises K-médias e pelo dendrograma. As análises multivariadas permitiram a seleção de famílias superiores para as características relacionadas à produção de grãos.

Palavras-chaves: análise de agrupamento, componentes principais, melhoramento genético, método hierárquico, K-médias.

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento genético, no processo de busca por cultivares superiores, a utilização da variabilidade genética por meio de cruzamentos geneticamente divergentes, representa uma importante estratégia para obtenção de maiores ganhos com a seleção (FEHR, 1987).

A identificação e seleção de genótipos superiores são realizadas pela análise do desempenho de várias características de importância econômica. Entretanto faz-se necessário conhecer a importância e contribuição de cada uma destas características, uma vez que a escolha dos critérios de seleção é imprescindível para o sucesso da atividade (MUNIZ et al., 2014).

A utilização de técnicas multivariadas é uma opção viável para a seleção de genótipos, pois permite a análise de muitas características, de forma simultânea, tornando-se interessante quando o objetivo é selecionar genótipos, uma vez que muitas características estão inter-relacionadas. Neste caso, os métodos multivariados podem contribuir de forma eficaz na identificação de genótipos superiores em programas de melhoramento genético, auxiliando na seleção de genótipos superiores, por meio do comportamento dos indivíduos e de suas famílias (COSTA et al., 2000; BENIM et al. 2003; MARTINS et al., 2005; VIANNA et al., 2013).

Dentre as técnicas de análise multivariada, merecem destaque as análises por componentes principais e de agrupamento (MOREIRA et al., 2009). A análise de componente principal, tem sido utilizada para investigar a estrutura de covariâncias entre várias características estudadas, bem como as relações de dependência entre elas, o que auxilia muito o trabalho do melhorista. Sendo assim, vantajosa em relação aos métodos de análise univariada, pois avalia a importância de cada característica estudada sobre a variação total disponível entre os genótipos, possibilitando o descarte dos caracteres menos discriminantes (BERTINI et al., 2010). A análise de agrupamento tem por finalidade dividir um grupo original de observações em vários subgrupos, através do critério de similaridade ou dissimilaridade (CRUZ; CARNEIRO; REGAZZI, 2014).

Desta forma, objetivou-se com o presente estudo selecionar famílias superiores de soja portadoras do gene RR, oriundos de diferentes populações, por meio de análises multivariadas.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Local do experimento

Os experimentos foram conduzidos no ano agrícola 2013/2014 na Fazenda de Ensino, Pesquisa e Extensão (FEPE), da Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, UNESP-FCAV- Câmpus de Jaboticabal, localizada ao norte do Estado de São Paulo, a 21°15' 22" de latitude sul e 48°18' 58" de longitude oeste, e altitude aproximada de 595 m. O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho Eutroférico Argiloso, com relevo suavemente ondulado. O clima é do tipo Cwa, segundo a classificação de Köppen (1948).

2.2. Obtenção e condução das populações segregantes

Para a obtenção das populações segregantes, foram realizados cruzamentos biparentais utilizando como genitores linhagens convencionais, portadores de bons atributos agrônômicos e adaptadas às condições de cultivo do Estado de São Paulo, pertencentes ao programa de melhoramento genético UNESP/FCAV- Jaboticabal-SP com cultivares comerciais portadores do gene RR, pertencentes ao grupo Monsoy da empresa Monsanto. Para a realização do trabalho foram utilizadas 20 populações segregantes, as quais originaram as respectivas famílias nas gerações F₃, F₄ e F₅ (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia e identificação das 60 famílias obtidas a partir das 20 populações segregantes de soja.

POP	ID	GENEALOGIA	POP	ID	GENEALOGIA
1	3,4,5	JAB.00-04-1/5A4D x M 8230 RR	11	33,34,35	JAB.00-05-1/5C3B x M 8336 RR
2	6,7,8	JAB.00-03-3/1H1D x M 7908 RR	12	36,37,38	JAB.00-05-1/5C3B x M 8360 RR
3	9,10,11	JAB.00-03-3/1H2D x M 8360 RR	13	39,40,41	JAB.00-05-8/2D3C x M 7211 RR
4	12,13,14	JAB.00-01-21/4M1D x M 8336 RR	14	42,43,44	JAB.00-05-8/2D3C x M 7636 RR
5	15,16,17	JAB.00-05-5/4A2D x M 7578 RR	15	45,46,47	JAB.00-05-8/2D3C x M 7908 RR
6	18,19,20	JAB.00-05-5/4A2D x M 7908 RR	16	48,49,50	JAB.00-05-8/2D3C x M 8336 RR
7	21,22,23	JAB.00-05-5/4A2D x M 8221 RR	17	51,52,53	JAB.00-06-2/3I3D x M 8230 RR
8	24,25,26	JAB.00-05-1/5C3B x M 7211 RR	18	54,55,56	JAB.00-06-2/3I3D x M 8236 RR
9	27,28,29	JAB.00-05-1/5C3B x M 7639 RR	19	57,58,59	JAB.00-02-30/1G4A x M 8360 RR
10	30,31,32	JAB.00-05-1/5C3B x M 8211 RR	20	60,61,62	JAB.00-02-3/6A4D x M 8360 RR

POP: População; ID: identificação das famílias; Cultivares 1: CD 216 e 2: Vmax

As famílias foram conduzidas na geração F_5 por dois métodos de melhoramento: bulk com seleção em F_3 (bulk F_3) e bulk, onde foram selecionadas 60 famílias de cada método, de acordo com a performance média agrônômica. No total, foram avaliados 122 tratamentos, sendo 120 famílias segregantes (60 famílias provenientes de cada método), e duas testemunhas (Coodetec 216 e Vmax).

A condução destas populações segregantes foi realizada de acordo com Ramalho et al. (2012), conforme esquema da Figura 1.

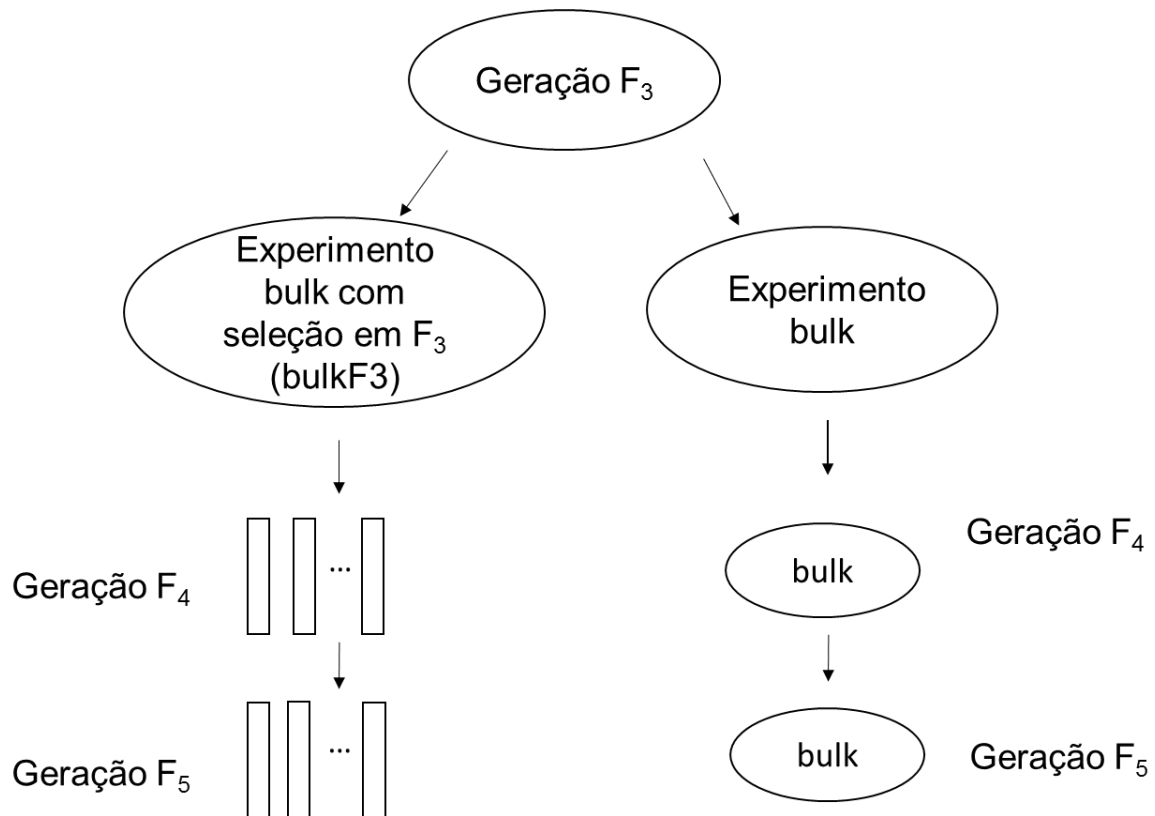


Figura 1. Esquema de condução das populações segregantes de soja nos métodos bulkF3 e Bulk

Método bulkF3

Na geração F₃ foram semeadas 1800 plantas, pertencentes às 20 populações segregantes, onde cada população continha um número variável de linhas a depender do número de sementes. Na ocasião da colheita, foram selecionadas seis plantas dentro de cada linha, na qual cada planta originou uma família, sendo que as sementes provenientes de cada família foram utilizadas para a obtenção das gerações seguintes (F₄ e F₅). A denominação deste método é devido a realização do processo seletivo que ocorre na geração F₃.

Para a comparação dos métodos de condução, foi realizada a seleção de três linhas (famílias) de cada população, totalizando 360 plantas, das quais foram selecionadas 60 famílias, para que ambos os métodos pudessem ser comparados com o mesmo número de famílias. Esse procedimento foi repetido no avanço das

gerações até F₅. Em cada geração foram selecionadas cerca de 20% das melhores famílias com base na performance agronômica média.

Bulk

No experimento conduzido pelo método bulk, as plantas foram colhidas em bulk, ou seja, em conjunto, onde suas sementes foram misturadas, em cada geração, desde F₃ até a F₅. Para a semeadura, foi retirado uma amostra de sementes para a obtenção da geração seguinte.

O delineamento experimental utilizado para os dois experimentos foi o de blocos aumentados de Federer (1956), onde as populações foram dispostas em linhas de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m. As testemunhas foram alocadas de forma intercalar entre as populações avaliadas. A semeadura foi realizada no mês de novembro de forma mecanizada, em sulcos, utilizando 300 kg ha⁻¹ da fórmula 00-20-20. A densidade de semeadura foi de 20 sementes por metro linear e todos os tratamentos culturais seguiram as recomendações técnicas para a cultura da soja (EMBRAPA, 2013).

2.3.Características agronômicas avaliadas

Foram avaliadas as seguintes características agronômicas, a partir da seleção de seis plantas.

- **Altura da inserção da primeira vagem (AIV):** distância em centímetros, entre a superfície do solo e a inserção da primeira vagem na haste principal;

- **Altura da planta na maturidade (APM):** distância compreendida, em centímetros, da superfície do solo até o último nó da haste principal, na ocasião da maturação;

- **Número de ramos (NR):** corresponde a contagem do número total de ramos na haste principal das plantas;

- **Número de vagens por planta (NV):** contagem do número total de vagens com sementes formadas;

- **Peso de cem sementes (PCS):** peso, em gramas, de 100 sementes de uma planta com posterior pesagem das mesmas, após a debulha das vagens;
- **Produção de grãos (PROD):** expresso em gramas, o peso total das sementes, após a debulha.

2.4. Análises multivariadas

Para a realização das análises multivariadas, foram utilizadas médias genotípicas, obtidas pelo BLUP, das famílias conduzidas pelos métodos bulkF3 e bulk. Foram realizadas as análises exploratórias, componentes principais e análises de agrupamento pelo método hierárquico de Ward e pelo não hierárquico, K-médias. A semelhança entre os genótipos foi medida pela distância Euclidiana e a ligação média entre os grupos foi realizada pelo método de Ward. No processamento da análise de componentes principais, os autovalores foram extraídos a partir da matriz de covariância que geraram os autovetores denominados de componentes principais, que são determinados a partir da equação característica da matriz (FERRAUDO, 2010).

As análises foram efetuadas por meio do software Statistica versão 10 (STASOFT, 2010).

Os dados foram padronizados de forma que os atributos contribuam com o mesmo peso no cálculo do coeficiente de semelhança entre os objetos, resultando em média nula e variância unitária para todas as variáveis (FERRAUDO, 2010) de acordo com a seguinte equação:

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

onde:

Z_{ij} = valor padronizado;

$j=1, 2, \dots, p$ variáveis;

$i=1, 2, \dots, n$ objetos;

X_{ij} e $\bar{X}_j$ e S_j = média e o desvio padrão da coluna j .

2.4.1. Cálculo dos componentes principais

A variabilidade original foi decomposta em dois autovetores (componentes principais) construídos com os autovalores da matriz de covariância. Os autovetores são combinações lineares das variáveis originais buscando maximizar a informação relevante (HAIR et al., 2009).

2.4.2. Cálculo da variância contida em cada componente principal

A proporção da variância total contida em cada componente é obtida através da seguinte expressão:

$$CP_h = \frac{\lambda_h}{\text{Traço}(C)} 100$$

onde:

CP_h = matriz de covariâncias dos dados originais padronizados;

λ_h = h-ésima raiz característica (autovalor) da matriz C,

$\text{Traço}(C) = \lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_h$

De acordo com o critério proposto por Kaiser (1958), somente são considerados autovalores aqueles acima de 1 pois geram componentes com quantidade relevante de informação das variáveis originais. Abaixo de 1 a quantidade de informação retida no componente não é relevante.

2.4.3. Correlações das características (variáveis) com os componentes principais

A correlação das características (variáveis) com os componentes principais é obtida através da fórmula:

$$r_{xj}(cp_h) = \frac{a_{jh}\sqrt{\lambda_h}}{S_j}$$

onde:

S_j = desvio padrão da variável j;

a_{jh} = coeficiente da variável j no h -ésimo componente principal;
 λ_h = h -ésima raiz característica (autovalor) da matriz de covariância.

2.4.4. Análise de agrupamento por método hierárquico

2.4.4.1. Distância Euclidiana

O cálculo da distância euclidiana foi feito a partir da distância geométrica dos objetos x e y em um espaço multidimensional, dada pela equação:

$$d(x, y) = \sqrt{\sum_i (x_i - y_i)^2}$$

Distância Euclidiana quadrática é uma forma de empregar o padrão de distância Euclidiana dando, maior peso aos objetos mais distantes, sendo calculada pela seguinte equação:

$$d(x, y) = \sqrt{\sum_i (x_i - y_i)^2}$$

2.4.4.2. Método Ward

O método de Ward, procedimento também chamado de “mínima variância”, fundamenta-se nos seguintes princípios: Inicialmente cada elemento é considerado como um único conglomerado. Em cada passo do algoritmo de agrupamento calcula-se a soma de quadrados dentro de cada aglomerado. Esta soma é o quadrado da distância Euclidiana de cada elemento amostral pertencente ao conglomerado em relação ao correspondente vetor de médias do aglomerado, isto é:

$$SS_i = \sum_{k=1}^{n_1} (X_{ik} - \bar{X}_i)'(X_{ik} - \bar{X}_i)$$

onde:

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;

$\bar{X}_i$ = centróide do conglomerado A_i ;

SS_i representa a soma de quadrados correspondente ao aglomerado A_i .

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

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

onde:

g_s = número de grupos existentes quando se está no passo s .

Assim, 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. É possível demonstrar que a medida de distância, é a diferença entre o valor de SSR depois e antes de se combinar os conglomerados A_i e B_l num único conglomerado. Portanto, em cada passo do agrupamento, o método de Ward combina os dois conglomerados que resultam no menor valor SSR . Este processo gera um dendrograma com diferentes grupos.

2.4.5. Análise de agrupamento por método não hierárquico

A análise de agrupamentos pelo método K-média (K-means) consiste de um procedimento onde, dado um número de clusters previamente determinado, calcula-se pontos que representam os “centros” destes clusters.

$$E = \sum_{k=1}^k \sum_{x_i \in C_k} d(x_i, x_{ok})$$

onde:

x_{ok} = centróide do cluster

C_k e $d(x_i, x_{ok})$ = distância entre os pontos x_i e x_{ok}

O centróide pode ser a média ou a mediana de um grupo de pontos. Em outras palavras, o objetivo do K-médias (K-means) é minimizar a distância entre cada ponto e o seu respectivo centróide (HAIR et al., 2005).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

No método bulkF3, os dois primeiros componentes principais explicaram 63,74% da variância contida nas seis variáveis originais (Tabela 2), pois do total de seis autovalores gerados, os dois primeiros foram maiores que um. O terceiro autovalor apresentou um valor muito próximo de um, sendo possível a sua utilização, porém serão utilizados apenas os dois primeiros autovalores por possuírem maiores cargas.

Tabela 2. Matriz de autovalores e estatística das seis características avaliadas na geração F₅ pelo método bulkF3.

Número do Autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância Acumulada (%)
1	2,50	41,66	2,50	41,66
2	1,32	22,08	3,82	63,74
3	0,94	15,71	4,77	79,44
4	0,55	9,22	5,32	88,66
5	0,52	8,69	5,84	97,35
6	0,16	2,65	6,00	100,00

O primeiro componente principal (CP1) reteve 41,66% da variância original (Tabela 2). As variáveis que explicaram a retenção da variância foram: número de ramos (-0,81), número de vagens (-0,86) e produção de grãos (-0,84), conforme observado na Tabela 3. As variáveis consideradas importantes foram aquelas que apresentaram valores de correlações acima de 0,6, independentemente do sinal (FERRAUDO, 2010). Segundo Hair et al. (2005) as correlações de sinais iguais significam que as variáveis são relacionadas positivamente, e as com sinais opostos negativamente. O segundo componente principal (CP2), reteve 22,08 % da variância original explicada apenas pela variável altura da inserção da primeira vagem com correlação de 0,79 (Tabela 3).

Tabela 3. Correlação entre as variáveis e os componentes principais das famílias de soja na geração F₅ no método bulkF3.

Variáveis	CP1	CP2
AIV (cm)	0,12	0,79
APM (cm)	0,58	-0,54
NR	-0,81	-0,05
NV	-0,86	-0,37
PCS (g)	-0,21	0,52
PROD (g)	-0,84	0,04

AIV: Altura da inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PROD: produção de grãos.

Segundo Valladares et al. (2008) a análise multivariada por componentes principais pode ser útil para agrupar indivíduos com características semelhantes e estudar suas correlações.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (41,66%) e CP2 (22,08%), no total reteve 63,74% da variância original (Figura 1). As famílias 12, 21, 23, 51 e 61, foram discriminadas pelas variáveis produção de grãos, número de ramos e número de vagens, respectivamente. Da mesma forma, Andrade (2015) verificou que dois componentes principais explicaram 58,82% da variância contida nas variáveis originais e discriminados pelas características número de vagens, número de ramos e produção de grãos.

As famílias que se localizaram nas extremidades foram as selecionadas, pois apresentam características específicas com alto valor que as tornam superiores das demais. Assim, quanto mais uma família se distanciar do centro do sistema de coordenadas mais padrão específico apresentará. Ressalta-se ainda que pode ocorrer especificidade para famílias localizadas nas extremidades com propriedades específicas consideradas favoráveis ou desfavoráveis. Em outras palavras, se uma família apresentar especificidade para a característica altura de plantas, significará que esta apresenta plantas de porte alto, sendo indesejável para o melhoramento genético, entretanto, este fato não ocorreu neste trabalho.

De acordo com os resultados da análise de componentes principais (ACP), as características que permitiram a seleção das famílias foram produção de grãos, número de vagens e número de ramos. As famílias 12, 21, 23, 51 e 61 caracterizaram-

se por apresentar maiores valores para a produção de grãos, de acordo com os valores genotípicos (Tabela 4), com destaque para a família 21 (37,35) com maior produção. Estas também caracterizaram-se por apresentar porte baixo e valores altos para número de vagens e número de ramos, indicando que estas características são relacionadas positivamente com a produção, fato já esperado uma vez que essas características compõem os componentes da produção. Logo, quanto maior o valor destas, maior será a produção de grãos.

Esses resultados estão de acordo com os resultados encontrados por Dallastra et al. (2014) que utilizaram a técnica de componentes principais, visando à seleção de progênes de soja.

Tabela 4. Médias genotípicas das famílias selecionadas pela análise de componentes principais pelo método bulkF3.

Famílias	AIV (cm)	APM (cm)	NR planta	NV planta	PCS (g)	PROD (g)
12	13,00	86,00	5,46	200,33	15,28	35,77
21	12,00	84,00	4,60	179,66	14,26	37,35
23	12,00	89,00	4,60	136,43	15,26	31,78
51	16,00	99,00	4,65	172,66	13,67	28,49
61	13,00	93,00	5,09	125,63	14,73	36,03

As demais famílias permaneceram agrupadas no centro do gráfico, logo não apresentam características específicas de alta expressão. Pode-se visualizar um grande número de famílias localizadas no centro do plano, demonstrando que as famílias não são superiores uma das outras para as características de interesse agrônomo.

De acordo com Alcantara Neto et al. (2011) as características número de vagens e número de ramos contribuem efetivamente para o aumento da produtividade da soja, pois são componentes diretos da produção. Número de vagens, número de ramos e produção de grãos são consideradas importantes para a cultura da soja, uma vez que a produtividade de grãos é a principal característica buscada em programas de melhoramento, visando o desenvolvimento de cultivares com elevados patamares de produtividade.

A análise de agrupamento pelo método K-médias (Figura 2), permitiu a visualização de seis grupos formados, no qual foi determinado a formação destes grupos, a partir do ponto de corte realizado pelo dendrograma a 23%.

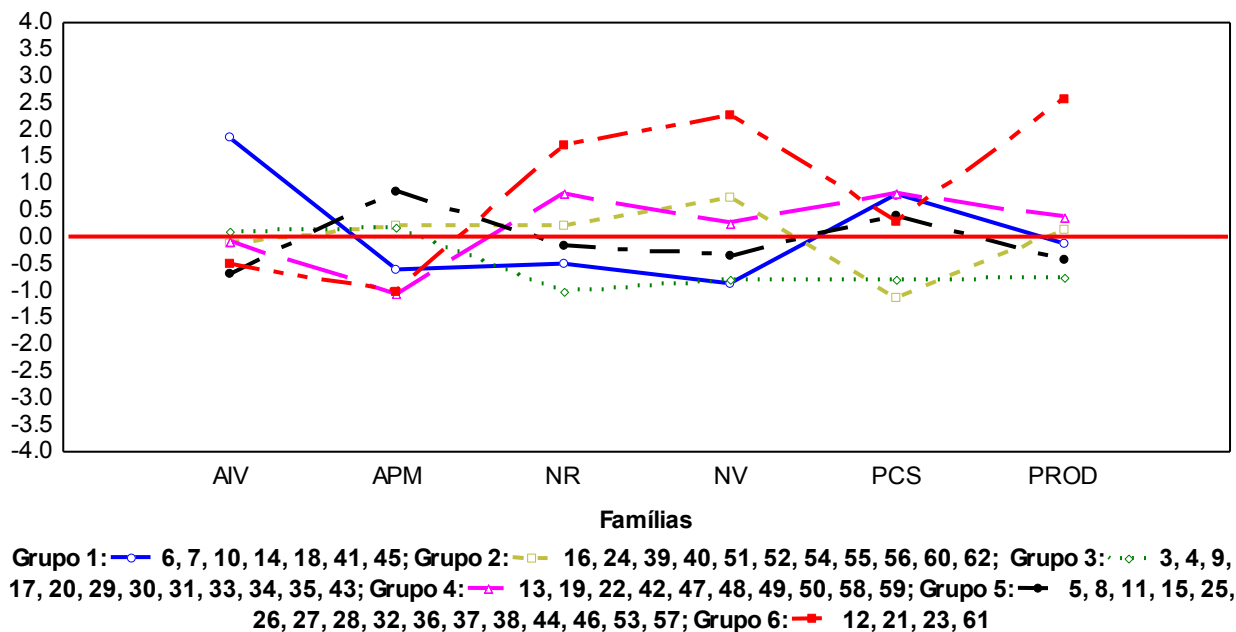


Figura 2. Gráfico do perfil da distribuição dos centróides dos grupos na análise de agrupamento por k-médias formados a partir das variáveis: AIV: altura de inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PROD: produção de grãos, pelo método bulkF3.

Vale ressaltar que, dos seis grupos, apenas um se destacou para alta produção de grãos, corroborando com os resultados encontrados por Dallastra et al. (2014) que analisando parte desses genótipos na geração F₂, que também verificaram a formação de seis grupos pela análise K-médias. Para Cardoso et al. (2003), as análises de agrupamento e os componentes principais são procedimentos multivariados que podem auxiliar e maximizar os resultados obtidos com seleção. Esses autores utilizaram o método k-médias para separar grupos homogêneos.

O grupo 1 foi formado pelas famílias 6, 7, 10, 14, 18, 41 e 45, caracterizado por apresentar altura da inserção da primeira vagem alta, porte baixo, menor número de vagens e ramos e produção de grãos bem próximo da média da população. O grupo 2 destacou-se para elevado número de vagens sendo composto pelas famílias 16, 24, 39, 40, 51, 52, 54, 55, 56, 60 e 62. O grupo 3, representado pelas famílias 3, 4, 9, 17,

20, 29, 30, 31, 33, 34, 35, e 43, foi considerado o pior grupo, por apresentar baixa produção de grãos, menor número de ramos e vagens e menor peso de cem sementes.

As famílias 13, 19, 22, 42, 47, 48, 49, 50, 58 e 59 representando o grupo 4, caracterizaram-se por apresentar maior número de ramos e peso de cem sementes, e para as características altura da planta na maturidade e altura da inserção da primeira vagem, foram abaixo da média, indicando plantas de porte baixo, sendo interessantes aos programas de melhoramento genético.

O grupo 5 agrupou o maior número de famílias (16), sendo caracterizado por plantas altas, e para as características altura da inserção da primeira vagem, número de ramos, vagens e produção de grãos foi abaixo da média.

As famílias 12, 21, 23 e 61 foram agrupadas no grupo 6, destacando-se como o melhor grupo, com elevados valores para a produção de grãos, número de vagens e ramos, indicando, portanto, um ótimo potencial produtivo. Esses são as principais características buscadas nos programas de melhoramento genético. Além disso, o grupo apresentou valores adequados para altura da inserção da primeira vagem e altura da planta. Esses resultados concordam com os resultados da análise de componentes principais, nos quais essas mesmas famílias foram selecionadas como as mais produtivas.

Em relação à análise de agrupamentos, representada pelo dendrograma utilizando o método de Ward, é possível verificar a formação de seis grupos (Figura 3). O corte no dendrograma foi efetuado a 23% ponto em que foram observadas mudanças bruscas de nível, conforme recomendação de Cruz (1990).

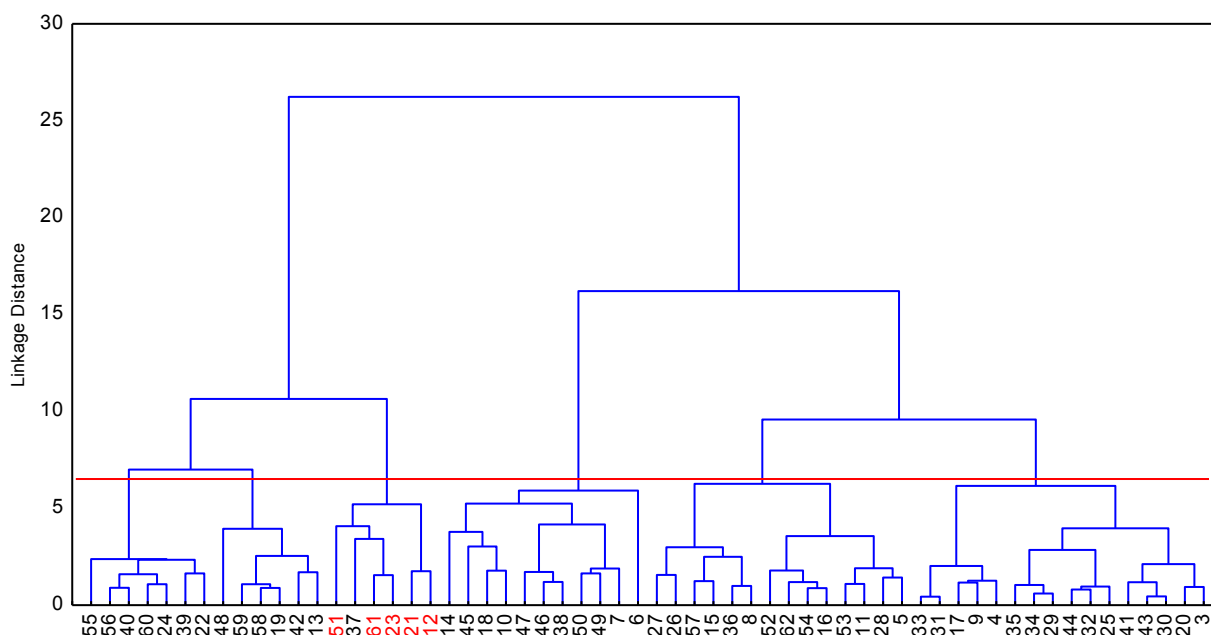


Figura 3. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de Ward, para as características agrônômicas: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de vagens (NV); número de ramos (NR); peso de cem sementes (PCS); produção de grãos (PROD), no método bulkF3.

O grupo três foi formado pelas famílias 12, 21, 23, 37, 51 e 61 coincidiu com a maior parte das melhores famílias selecionadas pela análise de componentes principais e K-médias, indicando a semelhança entre os resultados obtidos pelas análises multivariadas.

A análise de agrupamento é bastante utilizada no melhoramento genético de plantas, pois permite a classificação de indivíduos em grupos, a fim de maximizar a homogeneidade dentro e a heterogeneidade entre os grupos. Sendo assim, esta análise torna-se importante na busca por genótipos superiores, na manutenção da variabilidade genética a partir de cruzamentos de grupos geneticamente divergentes representando uma importante estratégia para maiores ganhos com a seleção.

De acordo com os resultados obtidos, observa-se que as análises por componentes principais, K-médias e agrupamento, podem ser utilizadas como ferramentas complementares na seleção de famílias superiores em programas de melhoramento genético.

A eficiência e concordância das análises multivariadas têm sido demonstradas por alguns autores na seleção de progênies superiores através da utilização das técnicas de componentes principais, métodos de agrupamentos, K-médias e dendrograma na cultura da soja (VIANNA et al., 2013) e no amendoim (PITTA et al., 2010).

A seguir serão descritos os resultados obtidos pelo método bulk. Na análise de componentes principais, no método bulk, três autovalores foram superiores a 1, explicando 77,60% da variância contida nas seis variáveis originais (Tabela 6).

Tabela 6. Matriz de autovalores e estatística das 6 características avaliadas na geração F₅ no método bulk.

Número do Autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância Acumulada (%)
1	2,58	43,05	2,58	43,05
2	1,06	17,69	3,64	60,74
3	1,01	16,85	4,65	77,60
4	0,74	12,32	5,39	89,91
5	0,44	7,37	5,84	97,28
6	0,16	2,72	6,00	100,00

O primeiro componente principal (CP1) reteve 43,05% da variância original. As principais variáveis que explicaram essa retenção da variância foram: número de ramos, número de vagens e produção de grãos com os valores de correlações com os componentes principais de -0,80, -0,89 e -0,88, respectivamente, conforme observado na Tabela 7. O segundo componente principal (CP2) reteve 17,69% da variância remanescente, explicada essencialmente pela variável altura da inserção da primeira vagem com correlação de -0,87. A variável peso de cem sementes com correlação de 0,81, explicou o terceiro componente principal (CP3) que reteve 16,85% da variância (Tabela 7).

Tabela 7. Correlação entre as variáveis e três componentes principais das famílias de soja na geração F₅ obtidos pelo método bulk.

Variáveis	CP1	CP2	CP3
AIV (cm)	0,24	-0,87	0,25
APM (cm)	0,53	0,24	-0,46
NR	-0,80	-0,24	-0,03
NV	-0,89	0,12	-0,24
PCS (g)	-0,22	0,40	0,81
PROD (g)	-0,88	-0,10	-0,14

AIV: Altura da inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PROD: produção de grãos.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (43,05%) e CP2 (17,69%) reteve no total 60,74% da variância original (Figura 4) e ficou caracterizado pelas variáveis número de ramos, número de vagens e produção de grãos, sendo possível discriminar as famílias 14, 39, 52, 53 e 57, para tais características. Essas características foram as mesmas obtidas no método bulkF3, relatado anteriormente. Esses resultados indicam a importância dessas variáveis para a obtenção de famílias com potencial produtivo. A família 14 destacou-se como a mais produtiva, seguida das famílias 57 e 53, respectivamente (Tabela 8).

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 e CP3 reteve 59,90% da variância remanescente e discriminou os mesmos genótipos do plano bidimensional CP1 e CP2, não contribuindo com informações relevantes.

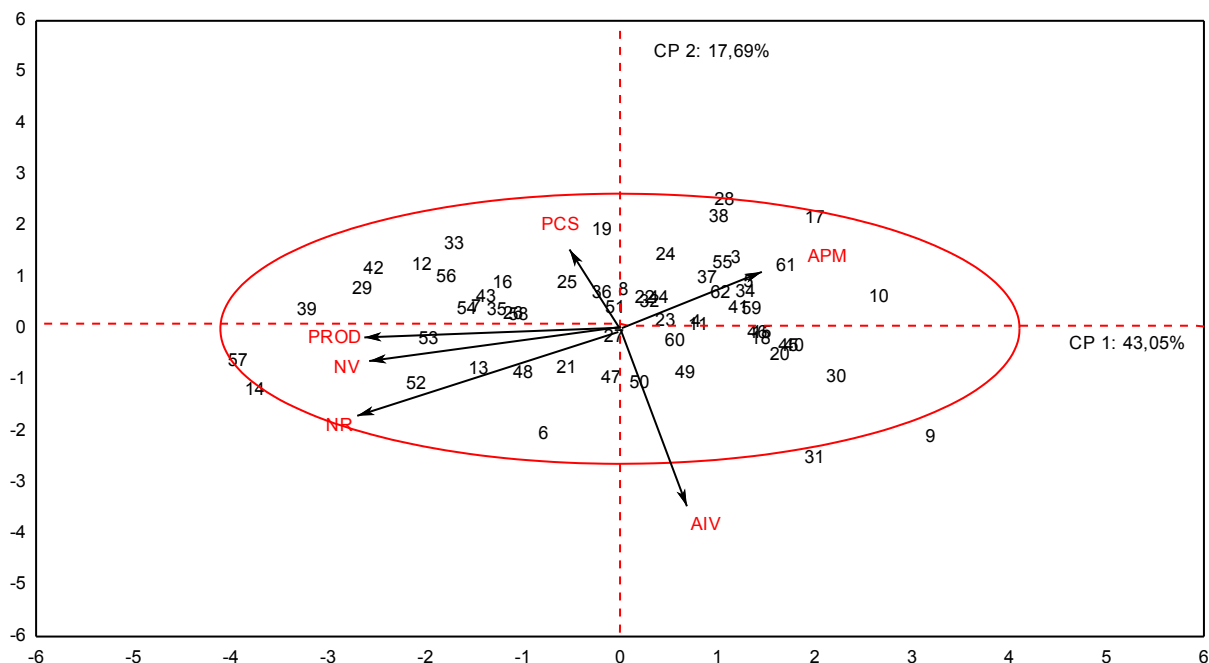


Figura 4. Gráfico biplot com dispersão das 60 famílias de soja obtidas pelo método bulk na geração F₅, em função dos componentes principais CP1 e CP2, contendo a projeção dos vetores das variáveis: AIV: altura de inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes e PROD: produção de grãos.

Tabela 8. Médias genotípicas das famílias selecionadas pela análise de componentes principais no método bulk.

Famílias	AIV (cm)	APM (cm)	NR planta	NV planta	PCS (g)	PROD (g)
14	13	89	3,76	87,84	14,41	28,60
39	11	97	3,52	113,78	13,46	24,57
52	14	102	3,61	105,04	11,81	23,23
53	12	102	3,24	101,53	12,48	25,13
57	13	101	3,88	118,08	14,06	27,41

AIV: Altura da inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PROD: produção de grãos.

As famílias selecionadas pela técnica de componentes principais foram as que localizaram-se mais afastadas da origem do eixo, apresentando, portanto, propriedades específicas. As características número de vagens, número de ramos e produção de grãos são consideradas importantes, pois compõem os componentes de

produção da soja. Isto é devido ao fato de que há uma relação direta entre o número de ramos e número de vagens com o potencial produtivo da planta (NAVARRO JUNIOR; COSTA, 2002; PELUZIO et al., 2005; ALCANTARA NETO et al., 2011).

O método K-médias possibilitou a formação de seis grupos (Figura 5). De maneira geral, pode-se observar que apenas dois grupos, 3 e 6 se sobressaíram para a produção de grãos (Figura 5), enquanto que os demais 1, 2, 4 e 5 apresentaram valores abaixo da média para produção de grãos, número de vagens e ramos. Vale ressaltar que além da produção de grãos, o grupo 3 agrupou as famílias de menor porte e maior número de ramos, indicando plantas menores, com maior número de ramos e, portanto, mais produtivas. Enquanto que o grupo 6, agrupou as famílias com as maiores produções de grãos e maior número de vagens, ou seja, famílias com alto potencial produtivo.

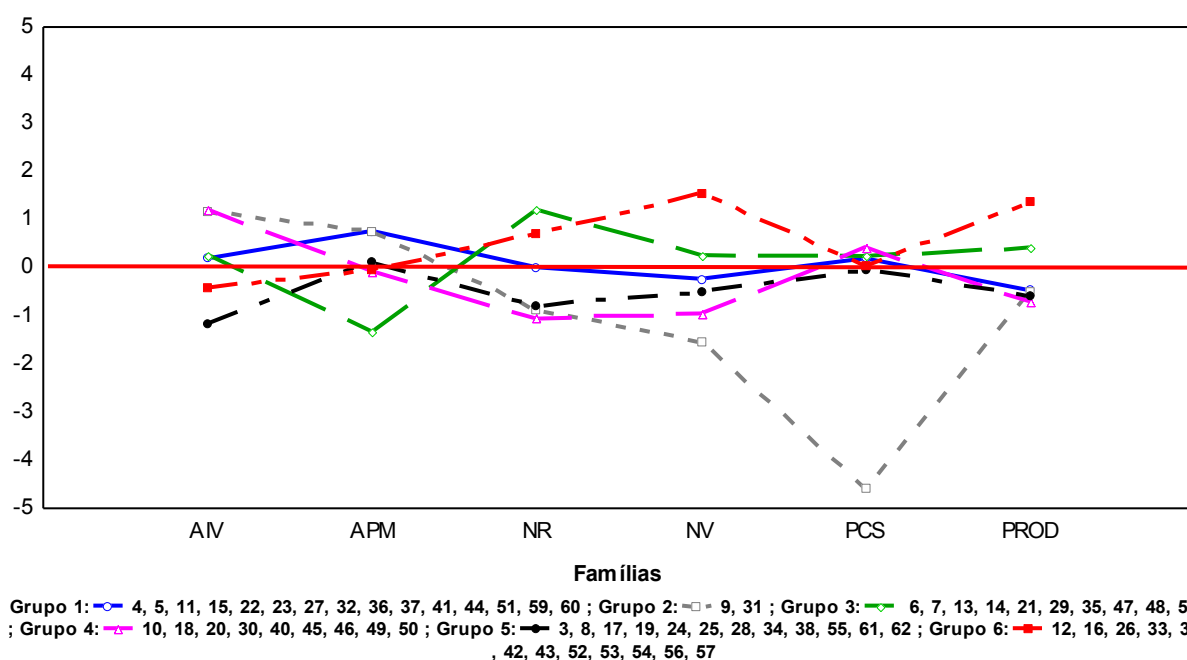


Figura 5. Gráfico do perfil da distribuição dos centroides dos grupos na análise de agrupamento por k-médias formados a partir das variáveis: AIV: altura de inserção da primeira vagem; APM: altura da planta na maturidade; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PROD: produção de grãos, pelo método bulk.

O dendrograma (Figura 6), realizado por meio da análise de agrupamento, mostrou a formação de seis grupos, obtido pelo ponto de corte 23%. Verifica-se que as famílias discriminadas pela análise de componentes principais ficaram agrupadas

em um mesmo conjunto, indicando a semelhança entre os resultados das análises. Ambos os métodos, bulkF3 e bulk, apresentaram o mesmo número de grupos formados por essa análise, porém diferindo na formação dos mesmos.

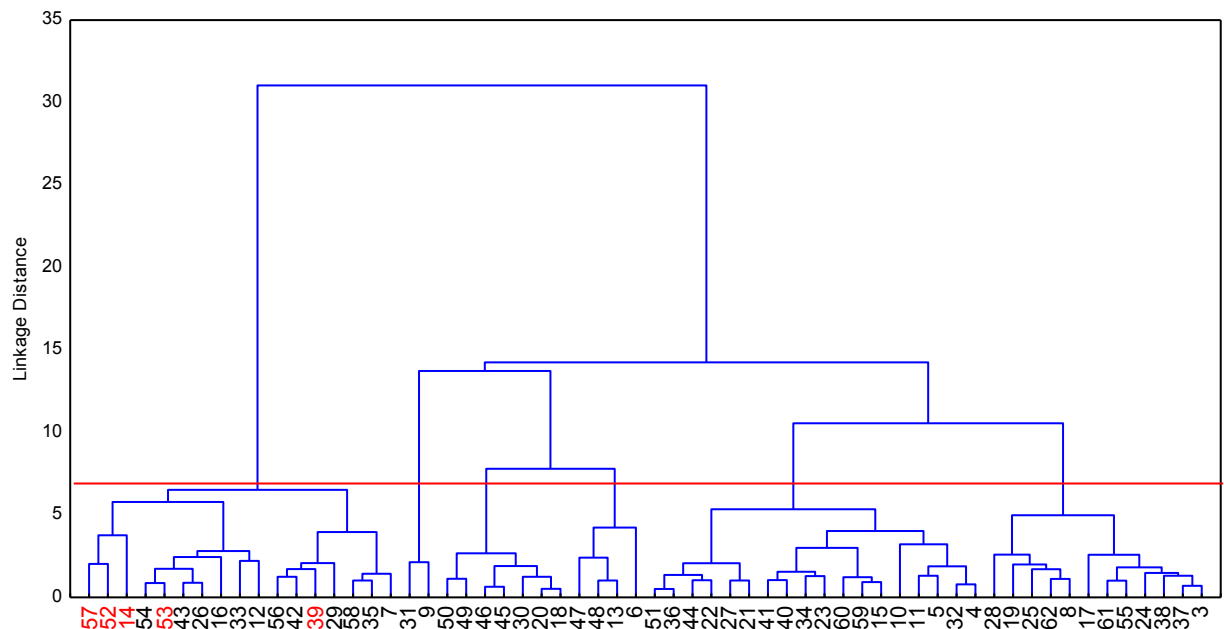


Figura 6. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de Ward, para as características agronômicas: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de vagens (NV); número de ramos (NR); peso de cem sementes (PCS); produção de grãos (PROD) no método bulk.

Comparando os resultados obtidos pelos métodos bulkF3 e bulk, pode-se observar que as análises multivariadas contribuíram para a seleção de famílias com maior potencial produtivo e com bons atributos agronômicos.

Em relação aos métodos multivariados utilizados, a análise de componentes principais e os dois métodos de agrupamento, K-médias e o dendrograma obtido pelo método de Ward, foram eficientes na seleção de famílias superiores, sendo complementares entre si.

4. CONCLUSÕES

As análises multivariadas foram adequadas na seleção de famílias superiores de soja, com ênfase nas características de importância agrônômica, relacionadas aos componentes de produção de grãos, em ambos os métodos de condução.

As características que permitiram discriminar os genótipos, tanto no método bulkF3 como no bulk, foram produção de grãos, número de vagens e número de ramos.

5. REFERÊNCIAS

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

ANDRADE, A. C. B. **Estratégias de seleção de genótipos de soja por meio de modelos mistos e abordagens multivariadas**. 2015. 55f. Dissertação (Mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Jaboticabal, 2015.

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, 2003.

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. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.4025/actasciagron.v32i4.4631>>.

CARDOSO V.; ROSO V. M.; SEVERO, J. L. P.; QUEIROZ, S. A.; FRIES, L. A. Formando lotes uniformes de reprodutores múltiplos e usando-os em acasalamentos dirigidos, em populações Nelore. **Revista Brasileira de Zootecnia**, Viçosa, v. 32, p. 834-842, 2003. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1590/S1516-35982003000400008>>.

COSTA, R. B.; RESENDE, M. D. V.; ARAÚJO, A. J.; GONÇALVES, P. S.; BORTOLETTO, N. Seleção combinada univariada e multivariada aplicada ao melhoramento genético da seringueira. **Revista Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n. 2, p. 381-388, 2000.

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.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v. 2, 3. ed. Viçosa: UFV, p. 668, 2014.

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

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Tecnologias de produção de soja – Região Central do Brasil 2014**. Londrina: Embrapa Soja, 2013. p. 265.

FEDERER, W. T. **Augmented (hoonuiaku) designs**. Hawaiian Planters' Record, Aiea, v. 55, p.191-208, 1956.

FERRAUDO, A. S. (2010) **Técnicas de Análise Multivariada**. StatSoft South América, São Caetano, SP.

FEHR, W.P. **Principles of cultivar development**. New York: Macmillan Publishing Company, 1987. p. 536.

HAIR, J. F.; ANDERSON, R. E.; TATHUAM, R. L.; BLACK, W. C. **Análise multivariada de dados**. Porto Alegre, Artmed Editora S. A. 2005. p. 593.

HAIR, J.F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L. **Análise Multivariada de dados**. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed., 2009. p. 688.

KAISER, H.F. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p. 187-200, 1958.

KÖPPEN, W. Climatologia. México: Fondo de Cultura Econômica, 1948. p. 478.

MARTINS, I. S.; CRUZ, C. D.; ROCHA, M. G. B.; REGAZZI, A. J.; PIRES, I. E. Comparação entre os processos de seleção entre e dentro e o de seleção combinada em progênies de *Eucalyptus grandis*. **Revista Cerne**, Lavras, v. 11, p. 16-24, 2005.

MOREIRA, R.M.P.; FERREIRA, J.M.; TAKAHASHI, L.S.A.; VASCONCELOS, M.E.C.; GEUS, L.C.; BOTTI, LEANDRO. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Revista Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, p. 1051-1060, 2009.

MUNIZ, C. A. S. D.; QUEIROZ, S. A.; MASCIOLI, A. S.; ZADRA, L. E. F. Análise de componentes principais para características de crescimento em bovinos de corte. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 35, n. 3, p. 1569-1576, 2014. Disponível em: < [http://dx.doi.org/ 10.5433/1679-0359.2014v35n3p1569](http://dx.doi.org/10.5433/1679-0359.2014v35n3p1569)>.

NAVARRO JÚNIOR, H.; COSTA, J. A. Contribuição relativa dos componentes do rendimento para produção de grãos em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 3, p. 269-274, 2002. Disponível em: < <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2002000300006>>.

PELUZIO, J. M.; ALMEIDA, R. D.; FIDELIS, R. R.; ALMEIDA JÚNIOR, D.; BRITO, E. L.; FRANCISCO, E. R. Correlações entre caracteres de soja, em Gurupi, Tocantins. **Revista Ceres**, Viçosa, v.52, n.303, p.779-786, 2005.

PITTA, R. M.; BOIÇA JR, A. L.; JESUS, F.; TAGLIARI, S. R. A. Seleção de Genótipos Resistentes de Amendoeira a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com Base em Análises Multivariadas. **Neotropical Entomology**, Londrina, v. 39, n. 2, p. 260-265, 2010. Disponível em:<<http://dx.doi.org/10.1590/S1519-566X2010000200018>>.

RAMALHO, M. A. P.; SANTOS, J. B.; ABREU, A. F. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Editora UFLA, 2012. p. 522.

STATSOFT, Inc. (2010). STATISTICA, (data analysis software system) versão 10. Disponível em: < <http://www.statsoft.com/> >.

VALLADARES, G. S.; GOMES, E. G.; MELLO, C. C. B. S.; PEREIRA, M. G.; ANJOS, H. C.; EBELING A. G.; BENITES, V. M. Análise dos componentes principais e métodos multicritério ordinais no estudo de organossolos e solos afins. **Revista Brasileira de Ciência do Solo**, Viçosa, v. 32, n. 1, p. 285-296, 2008.

VIANNA, V.F.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H.; DESIDÉRIO, J.A.; SANTIAGO, S.; CHARNAL, K., FERREIRA JUNIOR, J.A.; FERRAUDO, A.S.; MAURO, A.O. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. **African Journal of Biotechnology**, Kenya, v. 8, p. 4162-4169, 2013.

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

Os resultados deste trabalho demonstraram que o método bulkF3 proporcionou famílias mais produtivas quando comparado com o método bulk.

Os maiores ganhos genéticos para as características foram obtidos no método bulkF3, ou seja, com a seleção individual.

As análises univariada e multivariada foram concordantes quanto aos resultados das famílias selecionadas, evidenciando a superioridade agronômica das mesmas.

É desejável que um método de condução de populações segregantes preserve a maior variabilidade genética possível até as gerações avançadas, e com ganhos elevados em função dos objetivos do melhoramento genético.

Para a tomada de decisão sobre qual método de condução utilizar, o melhorista deve observar cuidadosamente qual é mais adequado a seus objetivos e ao tempo desejado para a obtenção das linhagens.