

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

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PORTADORES OU
NÃO DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA
E DESEMPENHO AGRONÔMICO**

Wallace de Sousa Leite

Engenheiro Agrônomo

2016

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

**SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PORTADORES OU
NÃO DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA
E DESEMPENHO AGRONÔMICO**

Wallace de Sousa Leite

Orientador: Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro

Coorientadora: Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli

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

2016

Leite, Wallace de Sousa
L533s Seleção de genótipos de soja portadores ou não do gene RR por meio de análise multivariada e desempenho agrônomo / Wallace de Sousa Leite. -- Jaboticabal, 2016
x, 66 p. : il. ; 28 cm

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, 2016
Orientador: Antonio Orlando Di Mauro
Banca examinadora: Bruno Ettore Pavan, Eduardo Custódio Gasparino
Bibliografia

1. Componentes principais. 2. Desempenho de genótipos. 3. *Glycine max*. 4. Melhoramento genético. 5. Seleção de caracteres. 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

Câmpus de Jaboticabal



CERTIFICADO DE APROVAÇÃO

TÍTULO: SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PORTADORES OU NÃO DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA E DESEMPENHO AGRONÔMICO

AUTOR: WALLACE DE SOUSA LEITE

ORIENTADOR: ANTONIO ORLANDO DI MAURO

COORIENTADORA: SANDRA HELENA UNEDA TREVISOLI

Aprovado como parte das exigências para obtenção do Título de Mestre em AGRONOMIA (GENÉTICA E MELHORAMENTO DE PLANTAS), pela Comissão Examinadora:

Prof. Dr. ANTONIO ORLANDO DI MAURO
Departamento de Produção Vegetal / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Prof. Dr. BRUNO ETTORE PAVAN
Departamento de Fitotecnia / FEIS / UNESP - Ilha Solteira/SP

Prof. Dr. EDUARDO CUSTODIO GASPARINO
Departamento de Biologia Aplicada à Agropecuária / FCAV / UNESP - Jaboticabal

Jaboticabal, 19 de fevereiro de 2016.

DADOS CURRICULARES DO AUTOR

Wallace de Sousa Leite – nascido em Uruçuí - PI em 17 de setembro de 1990, iniciou o curso de Agronomia na Universidade Federal do Piauí - Câmpus de Bom Jesus, em agosto de 2009, obtendo o grau de Engenheiro Agrônomo em fevereiro de 2014. Durante a graduação, foi bolsista de extensão e atuou como professor de Química em curso preparatório pré-vestibular por três anos. Nos anos de 2011 a 2013, participou como integrante do grupo de pesquisa em Produção Vegetal na Microrregião do Alto Médio Gurguéia – PROMAG, atuando com a cultura da soja na instalação e condução de ensaios de VCU. No ano de 2013, realizou estágio curricular com o representante de campo Intacta RR2 PRO da Monsanto, na região sudoeste do Piauí. Em março de 2014 ingressou no curso de Mestrado em Agronomia (Genética e Melhoramento de Plantas), na Universidade Estadual Paulista - UNESP, Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias - FCAV, Jaboticabal - SP, sob orientação do Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro e coorientação da Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, como bolsista CNPq.

Ao meu avô Cesário Ribeiro Leite (*in memoriam*) pelo exemplo de honestidade.

DEDICO

À minha família, pelo grande incentivo, apoio e dedicação
À minha namorada Daiane Moura, pelo amor, companheirismo e carinho

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

À Deus, pela minha existência e força para alcançar vitórias, pois sem ele nada é possível.

À toda minha família, meus pais Domingos Leite e Maximiana Leite, meus irmãos Wanderson Leite, Ramon Leite e Alan Leite, meus avós Manoel Chaves, Ovídia Chaves e Adelaide Leite (avó paterna), meus tios e primos, pelo grande incentivo, apoio, amor, dedicação e carinho.

À minha namorada Daiane Moura, pelo amor, companheirismo e carinho.

À Universidade Estadual Paulista – UNESP/ FCAV e ao curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade de realização do mestrado.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Antônio Orlando Di Mauro, pela atenção, ensinamentos, entendimento e receptividade para com seus orientados.

À Profa. Dra. Sandra Helena Unêda-Trevisoli, pela coorientação, oportunidade, conhecimentos transmitidos e sabedoria.

Aos membros da banca examinadora: Prof. Dr. Bruno Ettore Pavan e Prof. Dr. Eduardo Custódio Gasparino, pela disponibilidade, boa vontade e gentileza em aceitar o convite para participar da minha defesa.

Aos membros da banca do exame geral de qualificação, Prof. Dr. Rinaldo Cesar de Paula e Prof. Dr. Gustavo Vitti Mouro, pela disponibilidade e boa vontade.

Ao CNPq pela concessão da bolsa de mestrado.

Aos amigos Alysson, Fabiana, Cleber, Bruno, Eder, Eduardo, Melina, Amanda, Aretha, Elise e Daniel pela colaboração, conversas e ideias, e também pela ajuda nas avaliações em campo.

Aos grandes amigos Gabriel, Paulo, Luiz, Fábio, Claudio, Joel, Antônio, Marcelo e Fernando, pelos momentos de aprendizagem e de descontração.

Aos colaboradores do Departamento de Fitotecnia Mônica, Geraldo, Rubens.

Aos colaboradores da fazenda de pesquisa da FCAV/UNESP, principalmente Marcelo e Seu João, pelo importante auxílio durante a condução dos experimentos.

A todos que colaboraram merecem o meu muito obrigado. Que Deus os abençoe.

SUMÁRIO

RESUMO	ix
ABSTRACT	x
CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1. A cultura da soja.....	3
2.2. Melhoramento genético da soja	4
2.3. Soja convencional e Soja RR	5
2.4. Caracteres agronômicos importantes da soja	7
2.5. Análise multivariada	8
2.5.1. Análise de componentes principais	8
2.5.2. Análise de agrupamento	9
2.6. Índices de seleção.....	10
2.7. Correlações entre caracteres e análise de trilha	11
3. REFERÊNCIAS	13
CAPÍTULO 2 – ANÁLISE MULTIVARIADA E ÍNDICE DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA ROUNDUP READY	20
RESUMO	20
1. INTRODUÇÃO	21
2. MATERIAL E MÉTODOS	22
2.1. Análises agronômicas	22
2.2. Análises moleculares	23
2.3. Análises estatísticas	25
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	26
4. CONCLUSÕES	35
5. REFERÊNCIAS	35
CAPÍTULO 3 – DESEMPENHO AGRONÔMICO E ANÁLISE DE TRILHA EM GENÓTIPOS DE SOJA RR E CONVENCIONAIS ORIUNDOS DE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS	39

RESUMO	39
1. INTRODUÇÃO	40
2. MATERIAL E MÉTODOS	41
2.1. Local e manejo dos experimentos	41
2.2. Material genético	42
2.3. Caracteres agronômicos avaliados	44
2.4. Análises estatísticas	45
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	46
4. CONCLUSÕES	60
5. REFERÊNCIAS	61

SELEÇÃO DE GENÓTIPOS DE SOJA PORTADORES OU NÃO DO GENE RR POR MEIO DE ANÁLISE MULTIVARIADA E DESEMPENHO AGRONÔMICO

RESUMO – A seleção de genótipos superiores de soja é um processo complexo, dessa forma, técnicas exploratórias multivariadas podem ser aplicadas para selecionar genótipos, analisando simultaneamente todos os caracteres agronômicos em estudo. Mediante o exposto, o objetivo do presente trabalho, consistiu em selecionar genótipos de soja Roundup Ready com bons caracteres agronômicos por meio de análises multivariadas, identificar quais caracteres mais influenciam a produtividade de grãos, comparar o desempenho agronômico de genótipos de soja RR com convencionais, oriundos de cruzamentos biparentais e avaliar por meio da análise de trilha, a relação entre caracteres de importância agronômica com a produtividade de grãos. Na geração F₅, 227 linhagens de soja, sendo estas portadoras ou não do gene RR, foram avaliadas em delineamento de blocos aumentados com testemunhas intercalares. Na geração F₆, os genótipos foram separados em dois grupos (RR com 27 genótipos e Convencional com 23 genótipos) e avaliados em dois experimentos distintos, conduzidos em delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Foram avaliados os principais caracteres de interesse agronômico. Para as análises exploratórias multivariadas, utilizou-se a técnica de componentes principais e análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward e pelo método não hierárquico de k-médias. Na análise de componentes principais na geração F₅ três autovalores foram superiores a um, explicando 67,58% da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelos caracteres altura da planta na maturidade, acamamento, valor agronômico, número de ramos, número de vagens e produtividade de grãos que permitiram a discriminação de genótipos de soja Roundup Ready com bons atributos agronômicos. Os resultados das análises de agrupamento pelo método de K-médias e pelo o método de Ward quando comparados foram semelhantes, pois agruparam os genótipos específicos para os caracteres selecionados na análise de componentes principais, em um mesmo grupo. Na geração F₆, Os genótipos de soja apresentaram desempenho produtivo diferenciado dentro do grupo RR e convencional estudados. Dentre os genótipos RR analisados, 3 genótipos obtiveram alta produtividade de grãos, com valores médios superiores a 4.575,5 kg ha⁻¹. Para os genótipos convencionais, 10 genótipos, além da testemunha Conquista apresentaram superioridade para o caráter produtividade de grãos, com valores médios superiores a 3.511,4 kg ha⁻¹. Concluiu-se com este trabalho que a análise de componentes principais permitiu a discriminação e seleção de 16 genótipos de soja Roundup Ready com superioridade agronômica. Os caracteres que compõe os componentes de produção (Número de ramos e de vagens) exerceram maior influência sobre a produtividade de grãos, pois relacionaram-se positivamente. Os genótipos de soja RR mais produtivos, apresentaram valores superiores quando comparados aos genótipos convencionais de maior rendimento.

Palavras-chave: análise de agrupamento, componentes principais, desempenho de genótipos, *Glycine max*, melhoramento genético, seleção de caracteres

SELECTION OF SOYBEAN GENOTYPES CARRYING OR NOT THE RR GENE THROUGH MULTIVARIATE ANALYSIS AND AGRONOMIC PERFORMANCE

ABSTRACT – The selection of superior genotypes of soybean is a complex process. Thus, the exploratory multivariate techniques to select genotypes is an alternative, analyzing simultaneously all traits under study. Therefore, the objectives of this study were to select Roundup Ready soybean genotypes with good agronomic traits through multivariate analysis, identify which trait has the highest influence in grain yield and to compare the agronomic performance of two groups of soybean genotypes – RR and conventional – originated of two-way crosses and evaluate through path analysis, the relationship between important agronomic traits with the grain yield. In the F₅ generation, 227 lines of soybean – carrying or not the RR gene – have been evaluated in augmented randomized design with additional control. In the F₆ generation, the genotypes were separated into two groups (RR with 27 genotypes and conventional with 23 genotypes) and evaluated in two separated experiments conducted in a randomized blocks design with three replications. The main traits of agronomic interest has been evaluated. For the multivariate analysis, it was applied the technique of principal components and hierarchical cluster analysis by the methods of Ward and non-hierarchical k-means. In the principal component analysis, there were three eigen values greater than one explaining 67.58% of the total variance in the F₅ generation, characterized by the traits: plant height at maturity, lodging, agronomic value, number of branches, number of pods and grain yield. These traits allowed discriminating the RR genotypes with good agronomic traits. The results of cluster analyzes by the methods of K-means and Ward were similar, since they clustered the specific genotypes for the selected traits in the same group. In generation F₆, the soybean genotypes showed different growth performance within the RR and conventional groups. Among the analyzed genotypes RR, 3 genotypes obtained high grain yield, with average values greater than 4575.5 kg ha⁻¹. For conventional genotypes, 10 genotypes and the check Conquista showed superiority to the traits grain yield, with average values greater than 3511.4 kg ha⁻¹. The principal component analysis allowed the discrimination and selection of 16 Roundup Ready soybean genotypes with agronomic superiority. The traits that compose the components of production (number of branches and pods) had the greatest influence on grain yield, once they were positively related. The most productive RR genotypes showed higher values, when compared to the highest yielding genotypes.

Keywords: breeding, cluster analysis, *Glycine max*, performance genotypes, principal components, traits selection

CAPÍTULO 1 – CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é atualmente uma das leguminosas mais cultivadas no mundo, fato explicado pela cultura ocupar lugar de destaque na indústria de alimentos, com a oferta de óleo para consumo humano e farelo rico em proteína para a alimentação animal. O alto teor de proteína (em torno de 40%) e óleo (20%), nas sementes/grãos, tornam a soja uma das principais culturas utilizadas na alimentação humana e animal (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

Atualmente, a soja é a principal *commodity* agrícola do Brasil. Por este motivo, é um dos produtos agrícolas de maior importância para a economia do país, gerando uma das maiores fontes de renda nas exportações. A produção nacional de soja no ano agrícola 2014/15, foi de 96,24 milhões de toneladas de grãos, apresentando um incremento de 11,8% em relação à safra 2013/14, consolidando o Brasil como o segundo maior produtor mundial. Esta produção derivou de um crescimento de 6,4% na área colhida e da produtividade de grãos média de 2.999 kg ha⁻¹, que teve um incremento de 5,1%, comparativamente com a safra 2013/14. O consumo interno de soja está estimado em 41,0 milhões de toneladas anualmente e as exportações brasileiras, de janeiro a agosto de 2015, chegaram a 49,9 milhões de toneladas (CONAB, 2015).

Ao longo dos anos, com a expansão da cultura e os avanços tecnológicos, houve aumento significativo do rendimento e cada vez mais a necessidade de introduzir novas cultivares adaptadas às diferentes condições edafoclimáticas das diversas regiões produtoras do País (ANSELMO et al., 2011). O crescimento da produção de soja no Brasil está aliado principalmente com o desenvolvimento de cultivares com maior potencial produtivo, tolerantes à estresses bióticos e abióticos, resistentes a herbicidas e adaptadas às condições do cerrado e a baixas latitudes (EMBRAPA, 2013).

O desenvolvimento de novas cultivares de soja, com alto potencial produtivo, ampla adaptabilidade a diversos ambientes de cultivo e portadoras de genes associados à tolerância e/ou resistência à pragas, doenças e herbicidas é de

extrema importância para o incremento da produtividade e, conseqüentemente, aumento da produção nas mais diversas regiões produtivas, possibilitando a redução do custo de produção devido ao baixo uso de defensivos agrícolas.

O melhoramento convencional da soja, a partir da realização de cruzamentos entre genitores convencionais de elevado potencial agrônômico e portadores do gene de resistência ao glifosato (RR), possibilita a obtenção de progênes com ambas as características de interesse dos genitores. No processo de obtenção de uma nova cultivar, os genótipos de soja são avaliados em ensaios de campo, visando à seleção dos genótipos mais produtivos, portadores de atributos agrônômicos desejáveis e que apresentem um desempenho consistente nos diversos ambientes avaliados.

Dessa forma, é essencial a busca constante por novas cultivares de soja que apresentem cada vez mais e em maior intensidade as características desejáveis para seu cultivo. Diante da importância da cultura da soja e da demanda de cultivares mais produtivas o estudo e conhecimento da relação entre caracteres relacionados ao desenvolvimento da planta com os componentes do rendimento é determinante para a seleção de genótipos mais produtivos.

Uma análise mais abrangente para seleção dos melhores genótipos pode ser útil e necessária. A aplicação da análise multivariada permite discriminar os genótipos com superioridade agrônômica, e as relações existentes entre os caracteres agrônômicos em estudo. Diante da escassez de informação e de pesquisas que contrastem o desempenho agrônômico da soja RR com a Convencional, estudos comparativos entre genótipos de ambos os grupos tornam-se importantes.

Mediante o exposto, o objetivo do presente estudo consistiu em selecionar genótipos de soja Roundup Ready com bons caracteres agrônômicos por meio de análises multivariadas, identificando quais caracteres mais influenciaram a produtividade de grãos, além de testar a eficiência das técnicas multivariadas no processo seletivo e comparar o desempenho agrônômico de genótipos de soja RR com convencionais, oriundos de cruzamentos biparentais e avaliar por meio da análise de trilha, a relação entre caracteres de importância agrônômica com a produtividade de grãos.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. A cultura da soja

A soja pertence ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae (Leguminosae), subfamília Faboideae (Papilionoideae), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* (L.) Merrill. Espécie anual, herbácea, ereta, crescimento morfológico diversificado, com número variado de ramificações e ciclo de 90 a 140 dias, dependendo do cultivar e das condições ambientais. A soja é uma espécie autógama e possui o mecanismo da cleistogamia, onde a fecundação do óvulo ocorre antes da abertura do botão floral (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

É uma espécie originária da China, ocorrendo sua disseminação para o cultivo em outras regiões e países. Foi introduzida no ocidente a partir do século XVIII, quando em 1739 passou a ser cultivada na Europa e em 1804 nos Estados Unidos da América (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

O primeiro cultivo no Brasil se deu no ano de 1882, no estado da Bahia e somente em 1914 chegou ao estado do Rio Grande do Sul, lugar onde os genótipos trazidos dos Estados Unidos, melhor se adaptaram às condições edafoclimáticas, devido principalmente a latitude similar de ambas as regiões (CÂMARA; HEIFFIG, 2000). A partir dos anos 80, houve a expansão da soja para regiões do cerrado no Centro-Oeste brasileiro e atualmente o cultivo ocorre em todo o território brasileiro, desde o extremo sul do país, até áreas das regiões Nordeste e Norte (MUNDSTOCK; THOMAS, 2005).

O Brasil é o segundo maior produtor e o maior exportador mundial do grão com uma produção na safra 2014/15 de 96,24 milhões de toneladas, em uma área plantada de 32,09 milhões de hectares e alcançando uma produtividade média de 2.999 kg ha⁻¹. O Estado do Mato Grosso destaca-se como o maior produtor brasileiro, produzindo cerca de 29,10% da produção nacional, com uma média de produtividade de 3.136 kg ha⁻¹. O Brasil como maior exportador mundial exportou, até final de agosto de 2015, mais de 49,9 milhões de toneladas de soja (CONAB, 2015).

O complexo soja movimentou significativamente a economia de vários países com geração de emprego e renda (ANSELMO et al., 2011). Seus grãos possuem uma composição química com alto teor proteico, além de teor de óleo satisfatório. Por este motivo, apresenta um relevante papel sócio-econômico devido à multiplicidade de aplicações na alimentação humana e animal, além de ser matéria-prima indispensável para impulsionar diversos complexos agroindustriais, tais como o de sementes, fertilizantes, agrotóxicos e máquinas agrícolas (MAUAD et al., 2010).

A soja é uma das principais fontes de proteínas vegetal, utilizada tanto na alimentação humana quanto na alimentação animal (LIMA et al., 2015). A demanda mundial pelo consumo de soja tende a ser crescente a cada ano, devido, principalmente, ao crescimento constante da população humana. Para atender essa demanda crescente, uma alternativa é buscar incrementar a produtividade para consequentemente obter uma maior produção, utilizando-se para isso, melhores técnicas de manejo da cultura e cultivares de boa adaptação e de alta estabilidade produtiva nas principais regiões produtoras do Brasil e do mundo (EMBRAPA, 2013).

2.2. Melhoramento genético da soja

O melhoramento genético da soja é um processo contínuo de desenvolvimento de novas cultivares. Os programas de melhoramento possuem objetivos gerais e específicos e buscam a solução das limitações reais ou potenciais das cultivares frente aos fatores bióticos e abióticos que interferem na produção da cultura (ALMEIDA et al., 1999).

Os programas de melhoramento genético são essenciais para atender à crescente demanda por maiores produções, possibilitando aumento de variabilidade e, consequentemente, a recombinação da base genética e a seleção dos melhores genótipos de uma população, capazes de superar os patamares de produtividade de grãos (COSTA et al., 2004).

O sucesso de um programa de melhoramento reside na existência de variabilidade genética para a espécie de interesse. Neste sentido, melhoristas têm recomendado, para a formação de população-base, o intercruzamento entre cultivares superiores e divergentes, resultando em combinações híbridas de maior

heterozigose, de modo que nas gerações segregantes haja maior possibilidade de obtenção de genótipos superiores (CRUZ, 2007).

O melhoramento genético tem contribuído para a produção rentável de soja, onde elevados ganhos genéticos têm sido obtidos por métodos convencionais de melhoramento. Atualmente os ganhos genéticos resultam de uma combinação de metodologias convencionais, utilização de transgênicos e marcadores genéticos (PELUZIO et al., 2009).

Neste contexto, o melhoramento convencional da soja envolve hibridações entre genitores, com caracteres desejáveis, para formação de populações segregantes visando a obtenção e seleção de genótipos superiores baseada em caracteres agrônômicos. As populações segregantes, são conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas, para permitir a seleção e a avaliação dos genótipos superiores em ensaios e finalmente, lançamento de uma nova cultivar (ALMEIDA et al., 1999).

O emprego da biotecnologia no melhoramento genético da soja, possibilitou a obtenção de novas cultivares que possuem a capacidade de sintetizarem compostos que até então não se encontravam presentes em seus códigos genéticos, que promovem uma vantagem à planta frente ao meio ambiente em que ela se desenvolve. Cultivares de soja RR desenvolvidas, a planta é capaz de sintetizar um composto que fornece resistência ao princípio ativo do herbicida glifosato - Roundap Ready® RR (MENEGATTI; BARROS, 2007). Este herbicida facilita o manejo de plantas daninhas em pós-emergência e diminui a aplicação de herbicidas, promovendo uma redução no custo de produção (FERREIRA et al., 2013; MATSUO et al., 2009).

2.3. Soja convencional e Soja RR

A soja RR trata-se de uma planta geneticamente modificada que apresenta resistência ao herbicida glifosato (BERVALD et al., 2010), sendo esta a principal característica que a diferencia da soja convencional. 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 contexto, com o surgimento de cultivares de soja RR[®] muitos agricultores adotaram o uso do glifosato no manejo de plantas daninhas em pós-emergência nos cerrados (FERREIRA et al., 2013).

Cultivares desenvolvidas pela introdução de genes de outras espécies, por meio de técnicas de engenharia genética, são denominadas de transgênicas. Essas cultivares são transformadas com o objetivo de aperfeiçoar o valor nutricional da planta ou torná-la mais resistente a fatores bióticos, como pragas e doenças e a herbicidas (LEITE, 2000).

A soja transgênica RR foi desenvolvida por técnicas de DNA recombinante (ADNr), com a inserção do gene *Cp4 Epsps* isolado da bactéria *Agrobacterium sp.*, capaz de codificar uma proteína denominada de CP4 EPSPS, que confere resistência a herbicidas que possuem como princípio ativo o glifosato. Em plantas sensíveis, o glifosato age inibindo a atividade da enzima 5-enolpiruvilchiquimato-3-fosfato sintase (EPSPS), atuante na rota de síntese dos aminoácidos aromáticos essenciais, fenilalanina, tirosina e triptofano (ABREU et al., 2008; QUERCI et al., 2010).

O surgimento da soja resistente ao herbicida glifosato provocou mudanças marcantes no manejo das plantas daninhas nessa cultura, apresentando alguns benefícios como a eficiência de controle e flexibilidade de manejo em pós-emergência. Além disso, dispensa a aplicação de herbicida em pré-emergência e pode promover aumento da produtividade em razão do melhor controle de plantas daninhas (MATSUO et al., 2009; MENEGATTI; BARROS, 2007).

As cultivares de soja RR começaram a ser testadas no Brasil no final da década de 1990, onde iniciou o interesse dos produtores brasileiros para implantação da soja transgênica em cultivos comerciais e ao mesmo tempo a redução do cultivo da soja convencional. No Brasil, atualmente a área semeada com cultivares de soja RR alcançou 93,5% da área total, correspondendo a 29,4 milhões de hectares (CÉLERES, 2015). O incentivo à adoção dessas cultivares em cultivos comerciais baseia-se na facilidade de manejo de áreas infestadas com plantas daninhas (LIMA et al., 2008).

2.4. Caracteres agronômicos importantes da soja

Os programas de melhoramento genético da soja no Brasil consideram como principais caracteres de interesse: ciclo, tipo de crescimento, período juvenil para indução floral, altura da planta e de inserção da primeira vagem, resistência ao acamamento, valor agronômico, resistência a deiscência das vagens, qualidade da semente, resistência à doenças, resistência à pragas, produção de grãos, tolerância à herbicidas e os componentes do rendimento (número de vagens, número de sementes por planta, número de nós e massa de grãos) (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Além destes, os programas de melhoramento genético da soja buscam obter genótipos com maiores teores de óleo e proteína, visando a agregação de maior valor comercial, bem como assegurar a competitividade da soja brasileira no mercado mundial (BATISTA et al., 2015).

Neste contexto, segundo Carvalho et al. (2010), vários caracteres agronômicos como: altura de planta, altura de inserção da primeira vagem, número de dias para maturidade, peso de cem sementes e produtividade de grãos são essenciais e devem ser avaliados para auxiliar na seleção de genótipos com bom desempenho agronômico. De acordo com Peixoto et al. (2000), caracteres quantitativos como: componentes de rendimento (número de vagens por planta, número de grãos por vagem e massa dos grãos), altura de planta, ciclo e produtividade, são os mais importantes na escolha das cultivares para cultivos e os mais influenciados pelo manejo. Essas características podem ser influenciadas pela época de florescimento, que ocorrendo precocemente pode provocar uma redução significativa no porte das plantas e na altura de inserção do legume, causando uma drástica redução no rendimento da cultura (CARVALHO et al., 2010).

Nos programas de melhoramento genético, é usual a mensuração de vários caracteres com o objetivo de se praticar a seleção para alguns deles (SILVEIRA et al., 2007). A seleção com base em um ou poucos caracteres pode resultar em alterações desfavoráveis em outros, devido a presença de correlações negativas entre eles (NOGUEIRA et al., 2012).

2.5. Análise multivariada

A análise multivariada refere-se a todos os métodos estatísticos que simultaneamente analisam múltiplas medidas (variáveis) sobre cada indivíduo ou objeto sob investigação. 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). As variáveis devem ser aleatórias e inter-relacionadas de maneira que seus diferentes efeitos não podem ser significativamente interpretados de forma separada (FERRAUDO, 2014).

Uma análise mais abrangente para seleção dos melhores genótipos pode ser útil e necessária. A aplicação da análise multivariada permite discriminar os genótipos com superioridade agrônômica, e a relação entre os caracteres agrônômicos em estudo (VIANNA et al., 2013). Técnicas exploratórias multivariadas são muitas vezes associadas ao problema de como reduzir o espaço original, para uma dimensão mínima necessária, visando à obtenção da descrição de informações relevantes contidas nas observações originais (BARBOSA et al., 2013).

Várias técnicas exploratórias multivariadas podem ser aplicadas na seleção de genótipos superiores. Muitos trabalhos foram realizados, utilizando-se caracteres agrônômicos (BERTINI et al., 2010; DALLASTRA et al., 2014; PITTA et al., 2010; VIANNA et al., 2013). Entre essas técnicas, as mais empregadas são: a análise por componentes principais, pode ser utilizada quando os dados são obtidos de experimentos sem repetições; e os métodos de agrupamento, cuja aplicação é baseada em uma medida de dissimilaridade previamente estimada (BERTINI et al., 2010).

2.5.1. Análise de componentes principais

A análise de componentes principais, foi descrita por Pearson em 1901 (FERREIRA, 2011). Na década de 30, por meio de trabalhos desenvolvidos por Hotelling, tornou-se possível sua utilização em análises estatísticas de conjuntos de características para construir um novo conjunto de variáveis, menos numeroso que o

original e que resumisse adequadamente a informação contida nas variáveis originais (FERRAUDO, 2014).

A análise de componentes principais possui como objetivo, reduzir a dimensão de um conjunto de dados, mantendo o máximo de informação existente nas variáveis originais, em um menor número de combinações lineares (componentes principais), ou seja, em novas variáveis geradas com quantidades relevantes de informação (BARBOSA et al., 2013). Assim, esta análise também pode ser vista como uma forma de evidenciar as relações lineares existentes entre as variáveis (FERRAUDO, 2014).

Esta técnica busca reduzir o espaço de variáveis criando eixos ortogonais que são combinações lineares das variáveis originais denominados componentes principais. É medido o poder de cada variável no seu respectivo componente, o que permite diminuir a estrutura de variáveis originais numa nova estrutura menor que a inicial (FERRAUDO, 2014). Geralmente as observações (ou indivíduos) são distribuídas em gráficos bidimensionais onde os eixos ortogonais são os componentes principais (DALLASTRA et al., 2014; VIANNA et al., 2013).

2.5.2. Análise de agrupamento

A técnica multivariada de análise de agrupamento é usada para explorar semelhanças entre os indivíduos (observações), por meio das variáveis analisadas (HAIR et al., 2009). Desse modo, os métodos de análise de agrupamentos permitem classificar indivíduos ou objetos em grupos de forma a maximizar sua homogeneidade dentro de grupos e maximizar sua heterogeneidade entre os grupos (CRUZ; REGAZZI; CARNEIRO, 2004; PITTA et al., 2010). Estes métodos são utilizados em grande escala pelos melhoristas de plantas (BERTINI et al., 2010).

Dentre os métodos de agrupamento destacam-se os métodos hierárquicos e os não-hierárquicos (FERRAUDO, 2014). Os Métodos hierárquicos podem ser executados pelo método de aglomeração e divisão, sendo os resultados destes procedimentos dispostos em um diagrama de duas dimensões conhecido como dendrograma, nos quais os objetos são agrupados de acordo com suas similaridades (HAIR et al., 2009). Os métodos não-hierárquicos diferem dos

hierárquicos, por não fornecerem uma “árvore” de classificação, pois a quantidade de classes formadas é determinada antes da realização da análise, com o objetivo de minimizar a variabilidade dentro do conjunto e maximizar a variabilidade entre os conjuntos (HAIR et al., 2009).

Os métodos hierárquicos mais frequentemente utilizados são o método não ponderado de agrupamentos aos pares (UPGMA) e o método de Ward. No método (UPGMA), a distância entre dois grupos é definida como a média das distâncias entre todos os pares de valores de um grupo com o outro. Já no método de Ward a distância entre dois grupos é definida como a soma de quadrados entre os dois grupos sobre todas as variáveis (FERRAUDO, 2014).

Os métodos de agrupamento não hierárquicos não se baseiam na construção de árvore. Busca-se a melhor solução na formação de k grupos. Este tipo de procedimento na formação de k grupos são chamados de agrupamentos de k -médias (*k-means*). Este método não-hierárquico é bastante utilizado, pois classifica objetos em número predefinido de grupos (FERRAUDO, 2014; PITTA et al., 2010).

Na aplicação da análise de agrupamento é fundamental a escolha de um coeficiente que quantifique o quanto dois objetos são semelhantes. Estes coeficientes podem ser divididos em duas categorias: medidas de similaridade e medidas de dissimilaridade (FERRAUDO, 2014). A medida de dissimilaridade é entendida como um critério que quantifique a distância entre dois objetos ou indivíduos. Sendo assim, as medidas de dissimilaridade para caracteres quantitativos mais utilizadas nos estudos genéticos são: a distância euclidiana e a distância de Mahalanobis (SILVA, 2012).

2.6 Índices de seleção

Genótipos superiores devem unir simultaneamente uma série de atributos favoráveis que confirmem rendimento elevado e satisfaçam as exigências do mercado (CRUZ, 2013). Dessa forma, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de expressividade econômica aumenta a chance de êxito de um programa de melhoramento (COSTA et al., 2004). Assim, o índice de seleção constitui-se num caráter adicional, estabelecido pela combinação linear ótima de vários caracteres,

que permite efetuar, com eficiência, a seleção simultânea de diversos caracteres agronômicos de interesse (CRUZ; REGAZZI, 1997).

Os índices de seleção foram propostos com o intuito de selecionar simultaneamente diversos caracteres de importância agronômica, aumentando desta forma, a probabilidade de sucesso de um programa de melhoramento (REZENDE et al., 2014). As diferentes metodologias de índices de seleção propostas, possibilitam alternativas de seleção em programas de melhoramento, e conseqüentemente, diferentes percentuais de ganhos genéticos (REZENDE et al., 2014).

Os índices de seleção mais utilizados em programas de melhoramento são: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice de Pesek e Baker (1971), índice base de Williams (1962) e índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) (CRUZ, 2013; REZENDE et al., 2014). Destaque para o índice de Mulamba & Mock (1978), pois classifica os genótipos em ordem favorável em relação a cada um dos caracteres analisados, eliminando a necessidade de estabelecer pesos econômicos e estimativas de covariância genotípica e fenotípica (REZENDE et al., 2014).

O uso dos índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que proporcionam maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, situação mais adequada aos programas de melhoramento. Segundo Costa et al. (2004) o índice baseado na soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), revelou-se o mais adequado com progressos superiores em várias situações analisadas em populações segregantes de soja.

2.7 Correlações entre caracteres e análise de trilha

A correlação entre duas variáveis x e y pode ser medida por meio da covariância (xy) destas dividida pelo produto dos desvios padrões de x e de y . Para verificar a correlação entre as variáveis é utilizado o coeficiente de correlação ou ‘ r ’. O Coeficiente ‘ r ’ mede o grau (intensidade) e a natureza (direção) da associação entre variáveis (EL-MOHSEN et al., 2013).

A análise de correlação é uma técnica acessível, que fornece informações sobre o grau de associação entre caracteres agronômicos importantes no

melhoramento genético e é também um bom índice para prever a resposta de rendimento em relação à mudança de um caráter relacionado (MALIK et al., 2007). Dessa forma, o conhecimento das relações existentes entre caracteres, tais como estimados pelas correlações, tem sido de grande relevância no melhoramento vegetal, pois fornece informações úteis ao melhorista no processo de seleção (NOGUEIRA et al., 2012). De modo que, a importância do conhecimento da associação entre caracteres em estudos de melhoramento se dá principalmente em caracteres de baixa herdabilidade (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; HAMAWAKI et al., 2012).

A correlação entre dois caracteres pode ser de natureza fenotípica, genotípica ou ambiental, sendo que somente as correlações genotípicas que envolvem uma associação de natureza herdável é de maior interesse para o melhoramento genético (NOGUEIRA et al., 2012). Neste contexto, as correlações genéticas devem ser mais úteis do que as correlações fenotípicas na seleção para produtividade de grãos, pois neste caso, os efeitos ambientais não são considerados (MACHIKOWA; LAOSUWAN, 2011).

Correlação genética positiva indica, possivelmente, a ocorrência de pleiotropismo entre os pares de caracteres e favorecem a seleção simultânea de dois ou mais caracteres, pela seleção em apenas um destes (FALCONER, 1987). Por outro lado, a seleção de um caráter pode acarretar uma seleção indesejável de outro. De acordo com Falconer e Mackay (1996), uma das causas para altas correlações é o pleiotropismo, no qual um mesmo gene influencia na expressão de mais de um caráter.

Os coeficientes de correlação, apesar de serem de grande utilidade na quantificação da magnitude e direção das influências de fatores na determinação de caracteres complexos, não fornecem a exata importância relativa dos efeitos diretos e indiretos destes fatores (ALCÂNTARA NETO et al., 2011; NOGUEIRA et al., 2012). Desta forma, a decomposição dos coeficientes de correlações em efeitos direto e indireto dos caracteres agronômicos, que atuam sobre a produtividade de grãos, por meio da análise de trilha é de grande importância, pois permite uma identificação mais precisa dos caracteres chaves que determinam a produtividade dos genótipos (AKRAM et al., 2011; CHANDEL; PATEL; PATEL, 2014).

3. REFERÊNCIAS

- ABREU, A. B. G.; MATTA, M. R.; MONTAGNER, E. Desenvolvimento e validação de método de análise de glifosato em grãos de soja. **Química Nova**, São Paulo, v. 31, n. 1, p. 5-9, 2008.
- AKRAM, R. M.; FARES, W. M.; FATEH, H. S. A.; RIZK, A. M. A. Genetic variability, correlation and path analysis in soybean. **Egyptian Journal Plant Breed**, v. 15, n. 1, p. 89-102, 2011.
- ALCÂNTARA NETO, F.; GRAVINA, G. A.; MONTEIRO, M. M. S.; MORAIS, F. B.; PETTER, F. A.; ALBUQUERQUE, J. A. A. Análise de trilha do rendimento de grãos de soja na microrregião do Alto Médio Gurguéia. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 2, n. 2, p. 107-112, 2011.
- ALMEIDA, R. D.; PELUZIO, J. M.; AFFERRI, F. S. Correlações fenotípicas, genotípicas e ambientais em soja cultivada sob condições várzea irrigada, sul do Tocantins. **Bioscience Journal**, Uberlândia, v. 26, n. 1, p. 95-99, 2010.
- ALMEIDA, L. A.; KIIHL, R. A. D. S.; MIRANDA, M. A. C.; CAMPELO, G. J. D. A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes. In: QUEIRÓZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, S. R. R. **Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas para o Nordeste Brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semii-Árido, v.1, 1999. p. (online). Disponível em: < <http://www.cpatsa.embrapa.br/catalogo/livroorg/> >. Acesso em: 29 dez. 2014.
- ANSELMO, J. L.; ANDRADE, J. A. C.; LAZARINI, E.; COSTA, D. S.; LEAL, A. J. F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares transgênicas e convencionais de soja, na região dos Chapadões. **Científica**, Jaboticabal, v. 39, n. 1, p. 69-78, 2011.
- BARBOSA, R. M.; VIEIRA, B. G. T. L.; FERRAUDO, A. S.; CORÁ, J. E.; VIEIRA, R. D. Discrimination of soybean seed lots by multivariate exploratory techniques. **Journal of Seed Science**, v. 35, n. 3, p. 302-310, 2013.
- BATISTA, R. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T. Adaptability and stability of soybean genotypes in off-season cultivation. **Genetics and molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 9633-9645, 2015.

BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; LIMA, J. W.; 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.

BERVALD, C. M. P.; MENDES, C. R.; TIMM, F. C.; MORAES, D. M.; BARROS, A. C. S. A.; PESKE, S. T. Desempenho fisiológico de sementes de soja de cultivares convencional e transgênica submetidas ao glifosato. **Revista Brasileira de Sementes**, Londrina, v.32, n.2, p.9-18, 2010.

CÂMARA, G. M. S.; HEIFFIG, L. S. Fisiologia, ambiente e rendimento da cultura da soja. In: CÂMARA, G. M. S. **Soja tecnologia da produção II**. Piracicaba: FEALQ, 2000. p. 81-119.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 892-899, 2010.

CÉLERES. **Acompanhamento da adoção de biotecnologia agrícola no Brasil**. 3º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Julho 2015. Disponível em: <http://www.celeres.com.br/docs/biotecnologia/IB1501_150611.pdf>. Acesso em: 02 dez. 2015.

CHANDEL, K. K.; PATEL, N. B.; PATEL, J. B. Correlation coefficients and path analysis in soybean (*Glycine max* L. merrill). **AGRES – An International e-Journal**, v. 3, n. 1, p. 25-31, 2014.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 12º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Setembro 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_09_11_08_57_48_boletim_graos_setembro_2015.pdf>. Acesso em: 01 dez. 2015.

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. 1095-1102, 2004.

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

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

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 1997. 390p.

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

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.

EL-MOHSEN, A. A. A.; MAHMOUD, G. O.; SAFINA, S. A. Agronomical evaluation of six soybean cultivars using correlation and regression analysis under different irrigation regime conditions. **Journal of plant breeding and crop science**, v. 5, n. 5, p. 91-102, 2013.

EMBRAPA. **Tecnologias de Produção de Soja - Região Central do Brasil 2014**. Londrina: EMBRAPA SOJA, 2013. 265 p. (Sistemas de Produção, 16). Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/95489/1/SP-16-online.pdf>>. Acesso em: 08 mai. 2015.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. Ed. 4. Longmans Green, Harlow, Essex, UK, 1996. 464 p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva M. A. e Silva J. C. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. p. 279.

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

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

FERREIRA, R. L.; SILVA, A. G.; SIMON, G. A.; TEIXEIRA, I. R.; MARTINS, P. D. S. Glyphosate em pós-emergência na soja Roundup Ready®. **Revista Brasileira de Herbicidas**, Londrina, v. 12, n. 2, p. 151-161, 2013.

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

HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; ROMANATO, F. N.; NOGUEIRA, A. P. O.; SANTOS JÚNIOR, C. D.; POLIZEL, A. C. Genetic parameters and variability in soybean genotypes. **Comunicata Scientiae**, Bom Jesus, v. 3, n. 2, p. 76-83, 2012.

HAZEL, L.N. The genetic basis for constructing selection indexes. **Genetics**, v.28, p.476-490, 1943.

LEITE, M. **Os Alimentos Transgênicos**. São Paulo: Publifolha, 2000. 89 p.

LIMA, I. P.; BRUZI, A. T.; BOTELHO, F. B. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; ZUFFO, A. M. Performance of Conventional and Transgenic Soybean Cultivars in the South and Alto Paranaíba Regions of Minas Gerais, Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 9, p. 1385-1390, 2015.

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. D.; PRETE, C. E. C.; ARAIS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. D. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 6, p. 729-736, 2008.

MACHIKOWA, T.; LAOSUWAN, P. Path coefficient analysis for yield of early maturing soybean. **Sonklanakarin Journal of Science and Technology**, v. 33, n. 4, p. 365, 2011.

MALIK, M. F. A.; ASHRAF, M.; QURESHI, A. S.; GHAFUOR, A. Assessment of genetic variability, correlation and path analyses for yield and its components in soybean. **Pakistan Journal of Botany**, v. 39, n. 2, p. 405-413, 2007.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. A.; OLIVEIRA, R. C. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; TANCREDI, F. D. Resistance of soybean genotypes to glyphosate. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 27, n. SPE, p. 1063-1073, 2009.

MAUAD, M.; SILVA, T. L. B.; ALMEIDA NETO, A. I.; ABREU, V. G. Influência da densidade de semeadura sobre características agronômicas na cultura da soja. **Revista Agrarian**, Dourados, v. 3, n. 9, p. 175-181, 2010.

MENEGATTI, A. L. A.; BARROS, A. L. M. D. Análise comparativa dos custos de produção entre soja transgênica e convencional: um estudo de caso para o Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 45, n. 1, p. 163-183, 2007.

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.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.

MUNDSTOCK, C. M.; THOMAS, A. L. **Soja: fatores que afetam o crescimento e o rendimento de grãos**. Porto Alegre: Departamento de Plantas de Lavoura da Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005. p. 31.

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

PEIXOTO, C. P.; CÂMARA, G. M. S.; MARTINS, M. C.; MARCHIORI, L. F. S.; GUERZONI, R. A.; MATTIAZZI, P. Sowing date and plant density of soybean yield components and grain yield. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 57, n. 1, p. 153-162, 2000.

PELUZIO, J. M.; VAZ-DE-MELO, A.; AFFÉRI, F. S.; SILVA, R. R.; BARROS, H. B.; NASCIMENTO, I. R. N.; FIDELIS, R. R. Variabilidade genética entre cultivares de soja, sob diferentes condições edafoclimáticas. **Pesquisa Aplicada & Agrotecnologia**, v. 2, n. 3, p. 21-30, 2009.

PESEK, J.; BAKER, R. J. Comparison of predict and observed responses to selection for yield in wheat. **Canadian Journal of Plant Sciences**, Ottawa, v.51, n.3, p.187-192, 1971.

PITTA, R. M.; BOIÇA JR, A. L.; DE JESUS, F. G.; TAGLIARI, S. R. Seleção de genótipos resistentes de amendoineiro a *Anticarsia gemmatilis* Hübner (Lepidoptera: Noctuidae) com base em análises multivariadas. **Neotropical Entomology**, v. 39, p. 260-265, 2010.

QUERCI, M.; VAN DEN BULCKE, M.; ŽEL, J.; VAN DEN EEDE, G.; BROLL, H. New approaches in GMO detection. **Analytical and bioanalytical chemistry**, v. 396, n. 6, p. 1991-2002, 2010.

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, 2014.

SEDIYAMA, T.; TEIXIRA, R. C.; BARROS, H. B. – **Cultivares in: Tecnologia de produção de usos de soja**. Londrina: Mecenias, 2009. p. 314.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. *In*: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p.553-603.

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

SILVEIRA, G. D. **Estimativas de parâmetros genéticos visando seleção de genótipos segregantes de soja**. 2007. 56f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2007.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, v. 7, p. 240-250, 1936.

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

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, v.18, p.375-393, 1962.

CAPÍTULO 2 – ANÁLISE MULTIVARIADA E ÍNDICE DE SELEÇÃO NA IDENTIFICAÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA ROUNDUP READY

RESUMO - A seleção de genótipos superiores de soja é um processo complexo, dessa forma, técnicas exploratórias multivariadas podem ser aplicadas para selecionar genótipos, analisando simultaneamente todos os caracteres agronômicos em estudo, aumentando a chance de êxito em um programa de melhoramento. O objetivo do presente estudo consistiu em selecionar genótipos de soja portadores do gene RR com bons caracteres agronômicos e, identificar quais caracteres mais influenciaram no processo de seleção, além de testar a eficiência das técnicas multivariadas na seleção de genótipos. O experimento foi conduzido no delineamento experimental de blocos aumentados, sendo avaliados 227 genótipos de soja de geração F₅, sendo 85 destes detectados pela técnica de PCR, como resistentes ao Roundup. Os caracteres avaliados foram: número de dias para maturidade, altura da planta na maturidade, acamamento, valor agronômico, número de ramos por planta, número de vagens por planta, peso de cem sementes e produtividade de grãos. A análise de componentes principais auxiliou na seleção de dezesseis genótipos, com maior produtividade de grãos. Os caracteres relacionados aos componentes de produção exerceram grande influência sobre a produtividade de grãos. Os resultados das análises de agrupamento pelos métodos K-médias e Ward quando comparados foram semelhantes, pois agruparam os genótipos específicos para os caracteres selecionados na análise de componentes principais, em um mesmo grupo. Houve concordância dos resultados das análises multivariadas com o índice de seleção de Mulamba e Mock quanto aos genótipos selecionados. As metodologias aplicadas são eficientes no processo de seleção de genótipos.

Palavras-chave: análise de agrupamento, componentes principais, ganho de seleção, *Glycine max*, produtividade de grãos

1. INTRODUÇÃO

A cultura da soja possui uma importância expressiva dentro do cenário agrícola brasileiro. No ano agrícola 2014/15, a produção nacional foi de 96,04 milhões de toneladas de grãos (CONAB, 2015). No Brasil, atualmente a área semeada com cultivares de soja RR alcançou 93,5% da área total dessa cultura, correspondendo a 29,4 milhões de hectares (CÉLERES, 2015). O surgimento da soja resistente ao herbicida glifosato provocou mudanças marcantes no manejo das plantas daninhas nessa cultura, apresentando alguns benefícios como a eficiência de controle e flexibilidade de manejo em pós-emergência (MATSUO et al., 2009; MENEGATTI; BARROS, 2007).

A seleção de genótipos superiores de soja é um processo complexo, devido ao fato dos caracteres agronômicos de importância econômica serem de natureza quantitativa e correlacionados entre si (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; NOGUEIRA et al., 2012). Os genótipos promissores devem unir simultaneamente, uma série de atributos favoráveis visando rendimentos elevados para atender a demanda do mercado (CRUZ, 2013). Diante da complexidade dos caracteres mais importantes requer-se o uso de critérios de seleção mais eficientes.

Técnicas exploratórias multivariadas podem ser aplicadas no processo de seleção de genótipos superiores, analisando simultaneamente todos os caracteres agronômicos e a relação entre eles, além de discriminar qual destes mais influenciam no processo de seleção. Dentre estas podemos destacar a análise de componentes principais e a análise de agrupamento por métodos hierárquicos e não hierárquicos (HAIR et al., 2009).

A análise de componentes principais possui como objetivo principal a redução na dimensão do conjunto de dados, mantendo o máximo de informação relevantes em um menor número de componentes (BARBOSA et al., 2013; DALLASTRA et al., 2014; SILVA et al., 2010). Já a análise de agrupamento tem como objetivo classificar os indivíduos em grupos, com alta homogeneidade dentro dos grupos e alta heterogeneidade entre grupos (VIANNA et al., 2013). O estudo da seleção de genótipos de diversas culturas vem sendo realizados com o auxílio destas técnicas, conforme Bertini et al. (2010), Dallastra et al. (2014) e Vianna et al. (2013). Além

destes, métodos multivariados foram utilizados em estudos de divergência genética em soja (FERREIRA et al., 2015; PELUZIO et al., 2012; VILLELA et al., 2014).

Índices de seleção são metodologias que também auxiliam na identificação de genótipos superiores. Estes permitem efetuar, com eficiência, a seleção simultânea de um conjunto de caracteres agronômicos de expressividade econômica aumentando a possibilidade de sucesso de um programa de melhoramento (CRUZ, 2013; GONÇALVES et al., 2007; ROSADO et al., 2012).

O uso dos índices de seleção é vantajoso em soja, uma vez que proporcionam maiores ganhos totais, distribuídos entre todos os caracteres avaliados, situação mais adequada aos programas de melhoramento (COSTA et al., 2004). Destaque para o índice de soma de ranks de Mulamba e Mock (1978) que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento e apresenta como vantagem a eliminação da necessidade de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (REZENDE et al., 2014).

Mediante o exposto, o objetivo do presente estudo foi selecionar genótipos de soja Roundup Ready com bons caracteres agronômicos por meio de análises multivariadas e índice de seleção, identificar quais caracteres mais influenciam no processo de seleção e avaliar a relação entre eles, além de testar a eficiência das técnicas multivariadas no processo seletivo.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Análises agronômicas

O experimento foi conduzido no agrícola 2013/2014 na 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. Os genótipos avaliados no presente estudo foram obtidos por meio de hibridações artificiais entre genitores convencionais (parental feminino), constituindo-se em linhagens pertencentes ao programa de melhoramento genético da FCAV/UNESP Jaboticabal com genitores

portadores do gene RR, constituindo-se em cultivares comerciais (parental masculino), sendo avaliados um total de 20 cruzamentos.

Os tratamentos consistiram de 227 linhagens de soja na geração F₅, sendo estas portadoras ou não do gene RR, visto que até a presente geração, não havia sido realizada uma seleção específica para a resistência ao glifosato. O delineamento experimental utilizado foi de blocos aumentados de Federer (1956), onde cada parcela foi composta por uma fileira de 5m de comprimento, com espaçamento de 0,5m entre fileiras. Foram utilizadas duas cultivares padrões como testemunhas intercalares (CD-216 e Vmax), com uma repetição em cada bloco do total de 14.

Os genótipos foram avaliados, na medida em que atingiram os estádios fenológicos da soja ideais para as respectivas avaliações (FEHR; CAVINESS, 1977). Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos: número de dias para maturidade (NDM) corresponde ao número de dias entre a emergência e a maturidade da planta; altura da planta na maturidade (APM) altura mensurada do colo da planta até o ápice da haste principal (em cm), quando as mesmas encontravam-se em estágio R8; acamamento (Ac) avaliado em estágio R8 por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas); valor agronômico (VA) avaliado em estágio R8 por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agronômicas indesejáveis) a 5 (plantas com ótimas características agronômicas); número de ramos por planta (NR) obtido por meio da contagem do número de ramos das plantas; número de vagens por planta (NV) obtido por meio da contagem das vagens totais das plantas; Peso de cem sementes (PCS) obtido por meio da pesagem de 100 sementes, expresso em gramas e Produtividade de grãos (PG) obtido por meio da pesagem dos grãos produzidos pelas plantas da área útil da parcela, corrigido para 13% de umidade, convertido em kg ha⁻¹.

2.2. Análises moleculares

Os genótipos de soja Roundup Ready (RR) foram detectados em laboratório pela técnica de PCR, a qual distingue genótipos de soja pela presença de marcas

moleculares, oriundas de sequências específicas do DNA transgênico, o qual é amplificado. A identificação dos genótipos portadores do gene RR foi realizada por meio de *primers* específicos que pareiam na sequência *Forward* 5'TGATGTGATATCTCCACTGACG 3' e *Reverse* 5'TGTATCCCTTGAGCCATGTTGT 3', que codifica a região EPSPS. A sequência possui um fragmento no tamanho de 172pb (MARCELINO; GUIMARÃES; BARROS, 2007).

As amostras de DNA genômico foram extraídas de tecidos de trifólios jovens utilizando o método do CTAB descrito por Ferreira e Grattapaglia (1995). As reações de PCR e a separação por eletroforese em géis de agarose dos fragmentos amplificados foram realizadas de acordo com Silva et al. (2015).

Na Tabela 1, encontram-se listados os cruzamentos e genitores que foram utilizados para formação das populações segregantes, bem como a quantidade de genótipos de soja portadores do gene RR, caracterizados e identificados em geração F₅, para cada cruzamento.

Tabela 1. Cruzamentos e respectivos números de genótipos RR identificados por cruzamento.

Número do cruzamento	Genitores convencionais	Genitores RR	Total de genótipos	Genótipos RR	Código dos genótipos RR
C1	JAB.00-04-1/5A4D	X M 8230 RR	12	5	1 a 5
C2	JAB.00-03-3/1H1D	X M 7908 RR	11	8	6 a 13
C3	JAB.00-03-3/1H2D	X M 8360 RR	11	6	14 a 19
C4	JAB.00-01-21/4M1D	X M 8336 RR	10	7	20 a 26
C5	JAB.00-05-5/4A2D	X M 7578 RR	12	1	27
C6	JAB.00-05-5/4A2D	X M 7908 RR	9	8	28 a 35
C7	JAB.00-05-5/4A2D	X M 8221 RR	13	7	36 a 42
C8	JAB.00-05-1/5C3B	X M 7211 RR	12	4	43 a 46
C9	JAB.00-05-1/5C3B	X M 7639 RR	13	7	47 a 53
C10	JAB.00-05-1/5C3B	X M 8211 RR	12	3	54 a 56
C11	JAB.00-05-1/5C3B	X M 8336 RR	12	4	57 a 60
C12	JAB.00-05-1/5C3B	X M 8360 RR	11	3	61 a 63
C13	JAB.00-05-8/2D3C	X M 7211 RR	8	6	64 a 69
C14	JAB.00-05-8/2D3C	X M 7636 RR	12	0	-
C15	JAB.00-05-8/2D3C	X M 7908 RR	11	0	-

Continuação Tabela 1

Número do cruzamento	Genitores convencionais	Genitores RR	Total de genótipos	Genótipos RR	Código dos genótipos RR
C16	JAB.00-05-8/2D3C	X M 8336 RR	10	1	70
C17	JAB.00-06-2/3I3D	X M 8230 RR	11	5	71 a 75
C18	JAB.00-06-2/3I3D	X M 8236 RR	13	4	76 a 79
C19	JAB.00-02-30/1G4A	X M 8360 RR	11	2	80 a 81
C20	JAB.00-02-3/6A4D	X M 8360 RR	13	4	82 a 85
Total			227	85	-

2.3. Análises estatísticas

Os genótipos de soja portadores do gene RR foram codificados de 1 a 85, sendo a seleção posterior realizada com base nos caracteres agrônômicos avaliados.

Os dados foram padronizados resultando em média igual a zero e variância igual a um para todas as variáveis, de acordo com a recomendação (STATSOFT, 2004). Devido à estrutura de dependência e a complexidade de informação contida no conjunto original das variáveis, foram realizadas as análises multivariadas de componentes principais e agrupamento pelos métodos hierárquico de Ward e não hierárquico de K-médias (*K-means*), para os genótipos RR, visando melhor discriminação dos genótipos superiores e comparação dos resultados das análises exploratórias, bem como analisar a eficiência das metodologias. Todas as análises estatísticas multivariadas foram processadas por meio do software Statistica v.10 (STATSOFT, 2004).

Para a seleção de genótipos pela análise de componentes principais, estabeleceu-se um critério onde foram pré-determinadas as escalas nos eixos dos gráficos, por meio de elipse, para possibilitar melhor discriminação dos indivíduos com base nas diferenças entre as características, conforme Dallastra et al. (2014) e Vianna et al. (2013). A menor escala é menos rigorosa, compreende em seu eixo X valores de 2 a -2 e no eixo Y valores de 2 a -2. A segunda escala, sendo esta mais rigorosa, compreende valores no eixo X de 3 a -3 e no eixo Y com valores de 3 a -3, seguindo este padrão para todos os gráficos biplot. Portanto, cabe ao melhorista decidir qual será o rigor de seleção adequado a ser considerado na análise e,

consequentemente, sobre o número de indivíduos selecionados para os caracteres de interesse.

A análise de agrupamento pelo método de Ward foi realizada para gerar o dendrograma com o objetivo de se obter informações prévias sobre a quantidade de grupos a serem formados pelo conjunto de genótipos, com base na distância de ligação de grupo estabelecida. A medida de dissimilaridade entre os genótipos foi baseada na distância Euclidiana (HAIR et al., 2009).

Na análise de agrupamento pelo método de K-médias, foi pré-determinada a formação de 5 grupos para os genótipos de soja RR, sendo os pontos apresentados nos gráficos, os “centros” dos grupos para as características analisadas. Para determinação do número de grupos, levou-se em consideração as informações prévias geradas no dendrograma, com base na quantidade de grupos formados de acordo com a distância de ligação de grupo adotada. Portanto, o objetivo do K-médias é minimizar a distância entre cada ponto e o seu respectivo centróide (HAIR et al., 2009).

Para os genótipos de soja RR aplicou-se também o índice de seleção da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978), com intensidade de 19,00%, visando a seleção da mesma quantidade de genótipos discriminados pela análise de componentes principais para comparação dos resultados. Esta análise estatística foi processada por meio do aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de componentes principais, três autovalores foram superiores a um, explicando 67,58% da variância contida nas oito variáveis originais. Dessa forma foram considerados apenas autovalores acima de um (1,0), pois geram componentes com quantidades relevantes de informação das variáveis originais (BERTINI et al., 2010; DALLASTRA et al., 2014). Porém, para estes com valores abaixo de um, a quantidade de informação retida no componente não é relevante.

O autovalor para o primeiro componente principal (CP1), foi de 2,47, o que corresponde a 30,92% da variância total. As principais variáveis que explicaram essa retenção da variância foram: APM, AC e VA com valores de cargas fatoriais

(correlações) com CP1 acima de 0,5 (Tabela 2). O autovalor para o segundo componente principal (CP2), foi de 1,81, o que reteve 22,63% da variância total, explicada principalmente pelas características NR, NV e PG. O terceiro componente principal (CP3) reteve 14,03% da variância, explicada principalmente pela variável PG. Apenas correlações acima de 0,5 foram consideradas importantes.

Tabela 2. Correlação entre os caracteres agrônômicos e os componentes principais (CP) dos 85 genótipos de soja portadores do gene RR na geração F₅.

Caracteres	CP1	CP2	CP3
NDM	-0,445	0,061	-0,462
APM	-0,868	0,082	0,024
AC	-0,718	0,355	0,282
VA	0,733	-0,291	0,016
NR	0,420	0,727	-0,389
NV	0,301	0,879	-0,148
PCS	0,445	-0,016	0,468
PG	0,008	0,535	0,658

NDM: número de dias para maturidade; APM: altura da planta na maturidade; Ac: acamamento; VA: valor agrônômico; NR: número de ramos; NV: número de vagens; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

Para cada componente principal sinais iguais significam que os caracteres estão positivamente correlacionados e sinais opostos significam que os caracteres estão correlacionados negativamente (HAIR et al., 2009).

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (30,92%) e CP2 (22,63%) reteve no total 53,55% da variância original (Figura 1A) e ficou caracterizado pelos caracteres APM, AC, VA, NR, NV e PG, sendo possível selecionar os genótipos específicos 11, 22, 28, 30, 31, 34, 36, 39 e 63 e os genótipos altamente específicos 20, 29 e 32, para os caracteres NR, NV e PG. O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (30,92%) e CP3 (14,03) reteve 44,95% da variância remanescente (Figura 1B), e os genótipos 12, 13, 61 e 62 foram selecionados, sendo discriminados pelo caráter PG, que apresentou maior carga fatorial com o CP3.

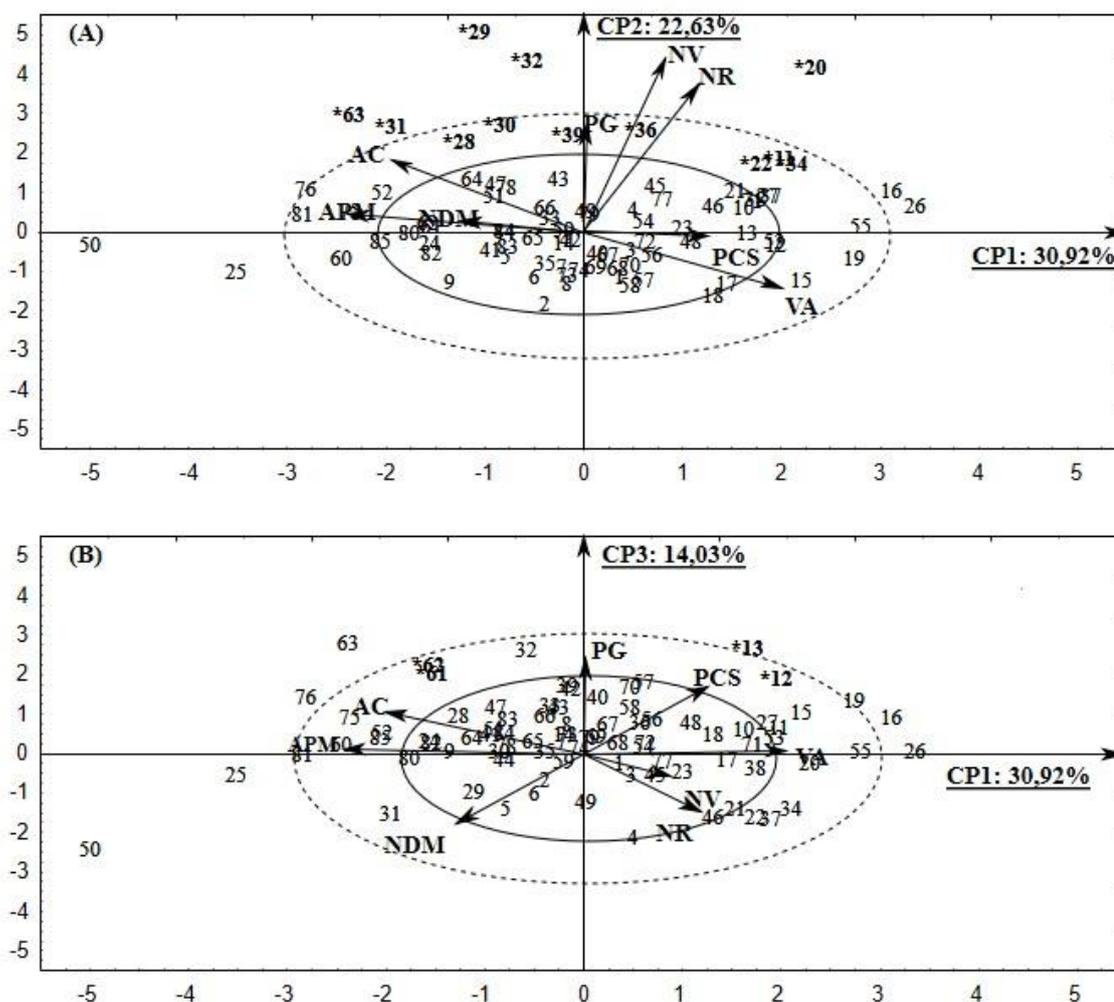


Figura 1. Gráfico biplot com dispersão dos 85 genótipos de soja portadores do gene RR em função dos componentes principais: CP1 x CP2 (A) e CP1 x CP3 (B), contendo a projeção dos vetores dos caracteres: número de dias para a maturidade (NDM); altura da planta na maturidade (APM); acamamento (Ac); valor agrônômico (VA); número de ramos (NR); número de vagens (NV); peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PG).

Um grande grupo de genótipos ficou com posicionamento centralizado no plano dos gráficos, significando que estes possuem valores médios para todos os caracteres, não apresentando diferenças significativas. Portanto, os valores para estes caracteres estão dentro de uma conformidade que não os caracterizam como superiores, ocorrendo certa homogeneidade dentro deste grupo.

Os genótipos que se localizaram entre as delimitações das escalas destacadas são específicos para os caracteres agrônômicos que os influenciam (Figura 1A e 1B). Por sua vez, para os genótipos que se localizaram nas

extremidades, pode-se inferir que estes apresentaram diferenças bem significativas dos demais, isto porque possuem caracteres muito específicos. Desta forma, os genótipos 20, 29 e 32 possuem padrão específico para os caracteres NR, NV e PG, por terem maiores valores fenotípicos para estes caracteres.

De acordo com a projeção dos vetores dos caracteres NDM e PG (Figura 1B), os genótipos 12 e 13 selecionados, além das maiores produtividades de grãos, caracterizaram-se também por apresentarem especificamente maior precocidade e menores valores para os caracteres APM e AC, sendo possível a seleção, devido ao porte menor e por sua arquitetura não acamada.

Na Figura 1A, de acordo com a projeção dos vetores é possível identificar as relações entre os caracteres agrônômicos. Para os genótipos selecionados, os caracteres NR e NV apresentaram alta correlação positiva com PG, estando posicionados no mesmo quadrante. Estes resultados são concordantes com aqueles obtidos por outros autores (NOGUEIRA et al., 2012; VIANNA et al., 2013). Sendo assim, tais caracteres fazem parte dos componentes de produção, ou seja, quanto maior o valor destes, maior é o valor da produtividade de grãos do genótipo, o que facilita a seleção de genótipos superiores, com maior eficiência. Outro caráter importante é a altura da planta na maturidade, pois exerce grande efeito indireto sobre a produtividade de grãos da soja por meio do número de vagens, podendo este ser utilizado na seleção indireta para produtividade de grãos (ALCANTARA NETO et al., 2011; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010).

Na Figura 1B, verificou-se que o caráter PCS foi o que mais contribuiu com PG, pois ambos estão fortemente correlacionados estando posicionados no mesmo quadrante. Isso pode ser explicado pelo fato dos genótipos apresentarem maior PCS, devido ao maior tamanho de sementes, em razão da menor quantidade produzida por planta, já que estes genótipos sofreram baixa influência dos componentes de produção NR e NV. De acordo com Dallastra et al. (2014) quanto menor o número de ramos e número de vagens, menor é o número de sementes por planta e maior é o peso de cem sementes.

Para o grupo de genótipos selecionados, nem todos os cruzamentos foram representados. Desta forma, analisando os parentais envolvidos nos cruzamentos, observou-se que os genitores femininos JAB.00-05-5/4A2D e JAB.00-06-2/3I3D

foram os mais eficientes, com 6 e 5 genótipos RR selecionados, respectivamente. O genitor masculino M 8230 RR foi o mais eficiente, com 5 genótipos selecionados. Segundo Gonçalves et al. (2014), para formação de populações segregantes a escolha dos genitores é uma etapa crucial para garantir o sucesso em programas de melhoramento genético, em que a capacidade de combinação com a presença de genes complementares é em grande parte a responsável pelo sucesso.

Na Figura 2, é apresentado o dendrograma gerado pelo método de Ward da análise de agrupamento. De modo geral verifica-se a formação de dois grandes grupos, sendo denominados grupos A e B. Com mais rigor de seleção, mediante o corte adotado, pode-se verificar a formação de cinco subgrupos, sendo, dois subgrupos dentro do grupo A denominados de A1 e A2, e três subgrupos dentro do grupo B denominados de B1, B2 e B3. Diante dos grupos formados constatou-se, a divergência genética entre os genótipos destas populações, baseada nas características estudadas. Porém, indivíduos de um mesmo subgrupo apresentam grande semelhança, enquanto indivíduos de subgrupos diferentes, são bem divergentes.

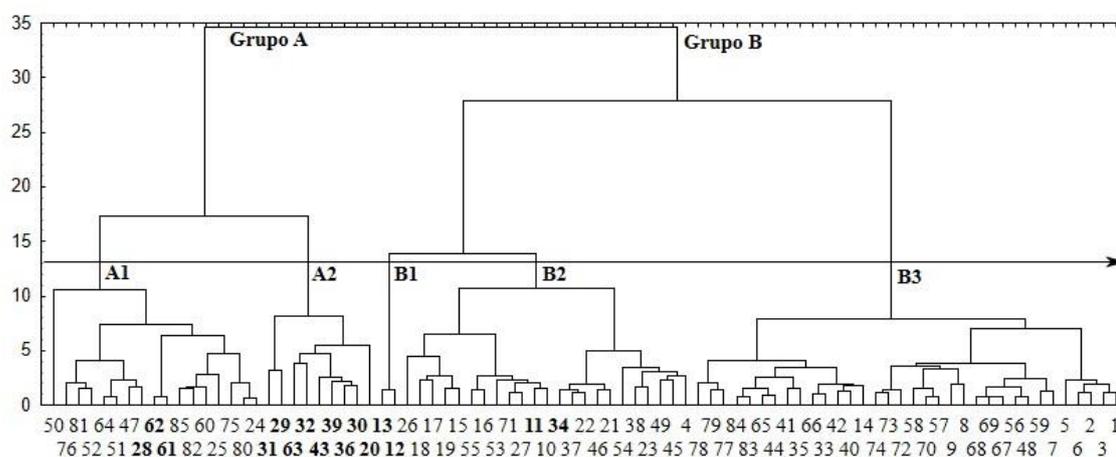


Figura 2. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de Ward, para os caracteres agrônômicos: número de dias para a maturidade (NDM); altura da planta na maturidade (APM); acamamento (Ac); valor agrônômico (VA); número de ramos (NR); número de vagens (NV); peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PG). Os genótipos discriminados na análise de componentes principais encontram-se em negrito.

No subgrupo A2, foram classificados apenas genótipos selecionados na análise de componentes principais, pois estes genótipos possuem alta semelhança para os caracteres PG, NR e NV. No subgrupo B1 foram agrupados os dois genótipos selecionados na análise de componentes principais com maior precocidade e específicos para produtividade de grãos e peso de cem sementes, sendo estes genótipos os que apresentam maior semelhança para tais caracteres.

Os genótipos 28, 61 e 62 do subgrupo A1 além de alta produtividade de grãos, são semelhantes também para maior altura da planta na maturidade, conseqüentemente elevado grau de acamamento, enquanto os genótipos 11 e 34 do subgrupo B2 são similares para menor altura da planta na maturidade, baixo acamamento e elevado rendimento de grãos.

Na Figura 3, é apresentado o gráfico da análise de agrupamento gerado pelo método de K-médias com 85 genótipos de soja para oito caracteres agrônômicos, distribuídos em cinco grupos (*clusters*). A classificação dos genótipos por grupos encontra-se listada na Tabela 3.

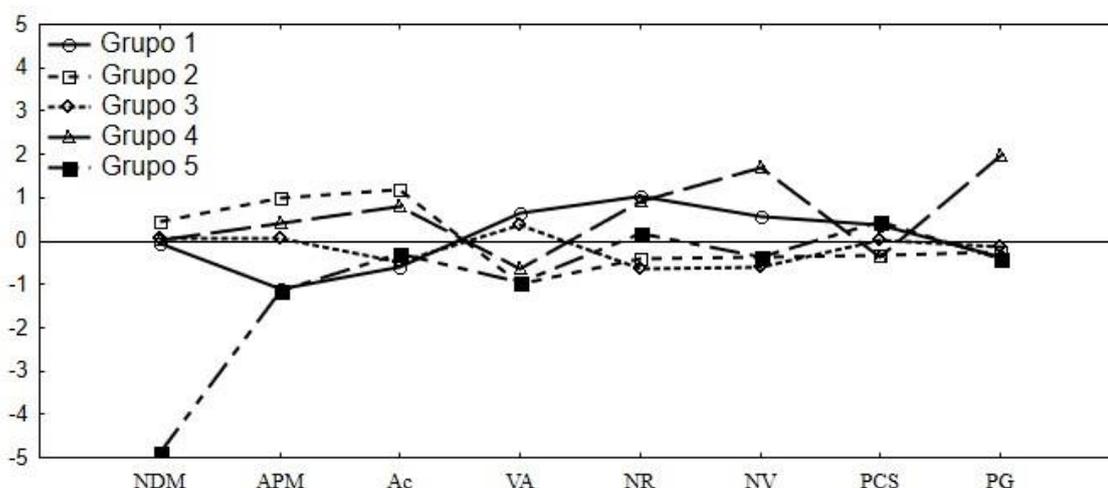


Figura 3. Gráfico do perfil da distribuição dos centróides dos grupos na análise de agrupamento por k-médias formados a partir dos caracteres agrônômicos: número de dias para a maturidade (NDM); altura da planta na maturidade (APM); acamamento (Ac); valor agrônômico (VA); número de ramos (NR); número de vagens (NV); peso de cem sementes (PCS) e produtividade de grãos (PG).

Constatou-se que o grupo quatro (Figura 3), é caracterizado por apresentar NDM, APM e AC acima da média e valor agrônômico abaixo da média. Verifica-se

também, que NR e NV apresentam valores altos, o que caracteriza este grupo de genótipos. Com isso, os genótipos deste grupo apresentam o maior valor encontrado para PG entre os grupos formados. Isto reafirma que a combinação de NR e NV determina diretamente o potencial produtivo de um genótipo de soja. Resultados de alta correlação fenotípica positiva entre estes foram obtidos em outros estudos (ALCANTARA NETO et al., 2011; ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010).

Tabela 3. Agrupamento de otimização entre 85 genótipos de soja RR, obtidos pelo método K-média com base em 8 características agronômicas, utilizando a distância Euclidiana.

Grupos	Genótipos
1	4 10 11 16 19 21 22 23 26 27 34 37 38 45 46 49 53 54 55 71 77
2	24 25 31 41 47 50 51 52 60 61 62 64 75 76 78 80 81 82 85
3	1 2 3 5 6 7 8 9 14 15 17 18 33 35 40 42 44 48 56 57 58 59 65 66 67 68 69 70 72 73 74 79 83 84
4	20 28 29 30 32 36 39 43 63
5	12 13

O quinto grupo (Figura 3), caracteriza-se por apresentar genótipos com maior número de características com valores expressivamente abaixo da média para NDM, APM, AC, VA, NV e PG. Este é o grupo de genótipos com maior precocidade e com reduzida altura de planta na maturidade, no entanto, quando comparado com todos os demais grupos, a produtividade de grãos praticamente não difere, com exceção do grupo 4, que consiste naquele de maior produtividade.

Genótipos que apresentam menores valores para altura da planta na maturidade geralmente estão relacionados ao ciclo mais curto em função do menor intervalo de dias nos estádios vegetativos e reprodutivos. Dessa forma, o habito de crescimento indeterminado em genótipos de soja é uma característica de extrema importância, pois visa alcançar maior valor de altura na maturidade, mesmo em genótipos de ciclo mais precoce (MARQUES; ROCHA; HAMAWAKI, 2008).

Os grupos de genótipos 4 e 5, foram os que apresentaram maiores dispersões das características e, conseqüentemente, maior variabilidade genética entre si. Podendo ser utilizados em novas hibridações para formação de populações segregantes, com o objetivo de reunir em um único indivíduo as características de precocidade aliada à maior altura da planta na maturidade e maiores valores para os

componentes de produção, conseqüentemente, com maior produtividade de grãos. Os demais grupos de genótipos não apresentaram tanta variação, pois a média da produtividade de grãos foi praticamente semelhante.

A análise de agrupamento de modo geral, auxilia o melhorista quanto à utilização de um grupo específico de genótipos, de acordo com a característica buscada, o que possibilita a utilização dos mesmos, futuramente, em cultivos comerciais ou mesmo para a composição de hibridações.

Resultados semelhantes em relação aos métodos multivariados foram obtidos por Vianna et al. (2013), em estudo de influência de caracteres agronômicos na seleção de genótipos de soja com resistência à ferrugem asiática e por Dallastra et al. (2014), na seleção de progênies de soja em populações segregantes descendentes de genitores RR. Barbosa et al. (2013), concluíram que as técnicas multivariadas de análise de agrupamento e componentes principais são ferramentas eficientes para discriminar lotes de sementes de soja.

Quando comparados, o resultado da análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward gerado por meio do dendrograma, foi semelhante àquele obtido pelo método não hierárquico de K-médias do perfil de centróide. Ainda neste contexto, os resultados das análises de agrupamento foram semelhantes aos obtidos na análise de componentes principais, pois classificaram os genótipos altamente específicos, selecionados para os caracteres anteriormente citados, dentro do mesmo grupo, indicando a semelhança entre os resultados e a eficiência das técnicas exploratórias multivariadas na seleção de genótipos de soja com bons atributos agronômicos.

Com a possibilidade de aplicação de índice de seleção em gerações avançadas de melhoramento, utilizou-se o índice de Mulamba e Mock (1978) para a predição dos ganhos com a seleção. Aplicou-se uma intensidade de seleção de 19,0% com o objetivo de selecionar 16 genótipos de soja, ou seja, a mesma quantidade selecionada pela análise de componentes principais, visando a comparação entre os resultados e a coincidência entre estes métodos de seleção.

Os genótipos de soja RR selecionados pelo índice de Mulamba e Mock (1978), foram o 7, 11, 20, 22, 23, 28, 29, 30, 32, 36, 64, 65, 78, 82, 83 e 84. Verificou-se coincidência com a análise multivariada para os genótipos 11, 20, 22,

28, 29, 30, 32 e 36, portanto existe concordância entre estes métodos, sendo eficientes no processo seletivo de genótipos de soja.

Os caracteres que apresentaram maiores valores de ganhos com a seleção foram número de vagens (41,51%), número de ramos (19,02%) e produtividade de grãos (16,03%) (Tabela 4). Desta forma, a seleção baseada nos componentes primários de produção de soja (número de ramos e de vagens), possibilita a obtenção de genótipos com maior produtividade de grãos via seleção indireta. A seleção por meio do índice baseado na soma de 'ranks' de Mulamba & Mock é vantajosa em soja, uma vez que contribui para maiores ganhos totais para os caracteres avaliados, relacionados com a produtividade de grãos, sendo assim, a estratégia de seleção revelou-se eficiente na seleção dos genótipos.

Tabela 4. Estimativas dos ganhos de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978), em genótipos F₅ de soja RR, para os caracteres número de dias para maturidade (NDM), altura da planta na maturidade (APM) em cm, acamamento (Ac), valor agronômico (VA), número de ramos (NR), número de vagens (NV), peso de cem sementes (PCS) em g e produtividade de grãos (PG) em kg ha⁻¹.

Parâmetros	NDM	APM	AC	VA	NR	NV	PCS	PG
X ₀	122,00	97,32	1,38	2,82	3,18	75,38	12,34	3.114,67
X _s	124,53	99,31	1,46	2,91	3,83	108,81	12,16	4.115,68
D _s	2,53	1,99	0,08	0,09	0,65	33,43	0,18	1.001,01
h ² re	0,993	0,689	0,829	0,619	0,928	0,935	0,040	0,498
G _s	2,51	1,37	0,06	0,05	0,60	31,29	0,01	499,21
G _s %	2,06	1,41	4,61	1,84	19,02	41,51	0,06	16,03

X₀: média original; X_s: média selecionada; h²re: herdabilidade restrita entre; D_s: diferencial de seleção.

De acordo com Costa et al. (2004), o índice baseado na soma de "ranks" de Mulamba & Mock foi o mais adequado com progressos superiores em soja em várias situações analisadas. Rosado et al. (2012) concluíram que o índice baseado na soma de 'ranks' de Mulamba & Mock revelou-se mais adequado, pois promoveu distribuição de ganhos equilibrada, selecionando genótipos superiores. Gonçalves et al. (2007) afirmam que este também, possui boa eficácia nas estimativas e superioridade com relação a vários outros índices utilizados.

4. CONCLUSÕES

A análise de componentes principais permitiu a discriminação e seleção de 16 genótipos de soja Roundup Ready com superioridade agrônômica.

Os caracteres que compõe os componentes de produção (Número de ramos e de vagens) exerceram maior influência sobre a produtividade de grãos, pois relacionaram-se positivamente.

Os resultados das análises de agrupamento pelo método de *K-means* e Ward foram semelhantes, pois agruparam os genótipos específicos para os caracteres selecionados na análise de componentes principais, em um mesmo grupo.

Houve concordância dos resultados das análises multivariadas com o índice de seleção de Mulamba e Mock quanto aos genótipos selecionados. Sendo assim, as técnicas exploratórias multivariadas são eficientes na seleção de genótipos de soja com bons atributos agrônômicos.

5. REFERÊNCIAS

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

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

BARBOSA, R. M.; VIEIRA, B. G. T. L.; FERRAUDO, A. S.; CORÁ, J. E.; VIEIRA, R. D. Discrimination of soybean seed lots by multivariate exploratory techniques. **Journal of Seed Science**, v. 35, n. 3, p. 302-310, 2013.

BERTINI, C. H. C. M.; ALMEIDA, W. S.; SILVA, A. P. M.; LIMA, J. W.; 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.

CÉLERES. **Acompanhamento da adoção de biotecnologia agrícola no Brasil**. 3º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Julho 2015. Disponível em: <http://www.celeres.com.br/docs/biotecnologia/IB1501_150611.pdf>. Acesso em: 02 dez. 2015.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 12º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Setembro 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_09_11_08_57_48_boletim_graos_setembro_2015.pdf>. Acesso em: 01 dez. 2015.

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. 1095-1102, 2004.

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

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.

FEDERER, W.T. Augmented (or hoonuiaku) designs. **Hawaiian Planters Record**, v. 55, n. 1, p. 191-208, 1956.

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

FERREIRA JUNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V.F., MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

FERREIRA, M. E.; GRATTAPAGLIA, D. **Introdução ao uso de marcadores RAPD e RFLP em análise genética**. Brasília: EMPRAPA-CENARGEN, 1995. 220 p. (EMBRAPACENARGEN. Documentos, 20).

GONÇALVES, A.; SIMÕES, L.; FREITAS, S. D. P.; AMARAL, A. T.; SCAPIM, C. A.; RODRIGUES, R.; MARINHO, C. D.; PAGLIOSA, E. S. Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. **Chilean journal of agricultural research**, v. 74, n. 1, p. 10-15, 2014.

GONÇALVES, G. M.; VIANA, A. P.; BEZERRA NETO, F. V.; PEREIRA, M. G.; PEREIRA, T. N. S. Seleção e herdabilidade na predição de ganhos genéticos em maracujá-amarelo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 2, p. 193-198, 2007.

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

MARCELINO, F. C.; GUIMARÃES, M. F. M.; BARROS, E. G. Detecção e quantificação de alimentos geneticamente modificados: o panorama brasileiro. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 313, p. 239-249, 2007.

MARQUES, M. C.; ROCHA, J.; HAMAWAKI, O. T. Avaliação do teor de óleo de cultivares de soja da UFU visando a produção de biodiesel. **Horizonte Científico**, Uberlândia, v. 2, n. 1, p. 207-219, 2008.

MATSUO, E.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SILVA, A. A.; OLIVEIRA, R. C. T.; NOGUEIRA, A. P. O.; TANCREDI, F. D. Resistance of soybean genotypes to glyphosate. **Planta Daninha**, Viçosa, v. 27, n. SPE, p. 1063-1073, 2009.

MENEGATTI, A. L. A.; BARROS, A. L. M. D. Análise comparativa dos custos de produção entre soja transgênica e convencional: um estudo de caso para o Estado do Mato Grosso do Sul. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 45, n. 1, p. 163-183, 2007.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v. 7, n. 1, p. 40-51, 1978.

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

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

REZENDE, J. C.; BOTELHO, C. E.; OLIVEIRA, A. C. B.; SILVA, F. L.; CARVALHO, G. R.; PEREIRA, A. A. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, Lavras, v. 9, n. 3, p. 347-353, 2014.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012.

SILVA, F. M. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; VILLELA, O. T.; PERECIN, D.; MAURO, A. O. D. Toothpick test: a methodology for the detection of RR soybean plants. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 436-442, 2015.

SILVA, M. O.; SANTOS FREIRE, M. B. G.; MENDES, A. M. S.; FREIRE, F. J.; CAMPOS, M. C. C.; AMORIM, L. B. Discriminação de diferentes classes de solos irrigados com águas salinas, na região de Mossoró (RN), com o uso de análise multivariada. **Ambiência**, Mossoró, v. 6, n. 2, p. 261-270, 2010.

STATSOFT. **Statistica**: data analysis software system, version 10. Tulsa, 2004. Disponível em: <<http://www.statsoft.com>>. Acesso em: 25 jul. 2015.

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

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

CAPÍTULO 3 – DESEMPENHO AGRONÔMICO E ANÁLISE DE TRILHA EM GENÓTIPOS DE SOJA ROUNDUP READY E CONVENCIONAIS ORIUNDOS DE CRUZAMENTOS BIPARENTAIS

RESUMO - Desde a implantação da soja Roundup Ready em cultivos comerciais, surgiram alguns questionamentos quanto à eficiência de produção dessas cultivares quando comparadas com cultivares convencionais. Neste contexto, o objetivo do presente estudo consistiu em comparar o desempenho agrônômico de genótipos de soja RR com convencionais, oriundos de cruzamentos biparentais, avaliando por meio da análise de trilha, a relação de caracteres de importância para a cultura com a produtividade de grãos. Foi utilizado o delineamento de blocos ao acaso com três repetições. Dentre os genótipos RR analisados, 3 genótipos obtiveram alta produtividade de grãos, com valores médios superiores a 4.575,5 kg ha⁻¹, enquanto que para os genótipos convencionais, dez genótipos, além da testemunha Conquista apresentaram superioridade para este caráter, com valores médios superiores a 3.511,4 Kg ha⁻¹. De modo geral, os genótipos de soja RR mais produtivos, apresentaram valores superiores quando comparados com os genótipos convencionais de maior rendimento. No entanto, o grupo convencional apresentou maior número de genótipos superiores com comportamento semelhante quando comparado com a soja RR. Para o grupo de genótipos de soja RR todos os caracteres agrônômicos, exceto peso de sementes, correlacionaram-se positivamente com produção de grãos. Para o grupo de genótipos de soja convencional não houve correlação significativa entre produção de grãos e todos os caracteres agrônômicos analisados. A correlação genotípica e a análise de trilha indicaram os caracteres altura de planta no florescimento e altura de planta na maturação como de maior efeito direto favorável sobre a produção de grãos.

Palavras-chave: desempenho produtivo, efeito direto, efeito indireto, *Glycine max*, soja RR.

1. INTRODUÇÃO

A soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é considerada uma das leguminosas mais importantes a nível mundial para produção de grãos, devido principalmente ao fato de ser uma das principais culturas fornecedora de proteína e óleo vegetal utilizado na alimentação humana e animal (LIMA et al., 2015).

No Brasil, o cultivo de soja tornou-se uma das atividades econômicas mais expressivas da agricultura, sendo a cultura mais cultivada no país e responsável por uma das principais fontes de divisas do agronegócio brasileiro (ANSELMO et al., 2011). Na safra 2014/15, com uma produção de 96,24 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 32,09 milhões de hectares o Brasil estabeleceu-se novamente como o segundo maior produtor mundial de soja (CONAB, 2015). Na última safra a área semeada com cultivares Roundup Ready (RR) no Brasil alcançou 93,5% da área total, correspondendo a 29,4 milhões de hectares (CÉLERES, 2015). O incentivo à adoção de cultivares RR baseia-se na facilidade de manejo de áreas infestadas com plantas daninhas (LIMA et al., 2008).

Atualmente, alguns dos principais desafios dos programas de melhoramento genético de soja consistem em desenvolver cultivares que apresentem simultaneamente elevada produtividade, tolerância ao acamamento e resistência a pragas, doenças e herbicidas, além de boa adaptação e boa previsibilidade de desempenho nos diferentes ambientes cultivados. Levando em conta estes caracteres, o melhoramento genético da soja tem proporcionado grande contribuição para elevar a produtividade aliada à estabilidade de produção, reduzindo os custos e aumentando a rentabilidade da cultura.

O desempenho agrônômico da soja é muito influenciado pela interação genótipo x ambiente, a que torna difícil a identificação de genótipos superiores estáveis para as diversas regiões de cultivo (BATISTA et al., 2015; BRANQUINHO et al., 2014). Assim, a fim de recomendar novos cultivares, estudos regionais que visam minimizar os efeitos ambientais sobre os cultivares em desenvolvimento, são necessários.

Desde a implantação da soja RR em cultivos comerciais, surgiram alguns questionamentos quanto à eficiência de produção dessas cultivares quando comparadas com cultivares convencionais. Na literatura, parte dos estudos já

realizados comparando os dois grupos, demonstraram diferenças no desempenho agrônomo (FONSECA et al., 2013; LIMA et al., 2008; LIMA et al., 2015; NEVES et al., 2013).

Em soja, a produtividade de grãos, assim como em outras culturas, é um caráter complexo, pois é resultante da expressão e associação de vários fatores que atuam indiretamente e interagem entre si. O conhecimento das associações entre caracteres, estimadas pelas correlações genéticas é de grande importância no melhoramento de plantas, pois fornece informações úteis ao melhorista que auxiliam no processo seletivo (MALIK et al., 2007; NOGUEIRA et al., 2012). Para caracteres de baixa herdabilidade, e/ou de difícil avaliação, pode ser praticada a seleção indireta utilizando outro caráter que apresente alta herdabilidade e/ou fácil avaliação, desde que este esteja altamente correlacionado com aquele de difícil seleção direta (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; MACHIKOWA; LAOSUWAN, 2011).

A decomposição dos coeficientes de correlações em efeitos direto e indireto dos caracteres agrônomo, que atuam sobre a produtividade de grãos, por meio da análise de trilha é de grande importância, pois permite uma identificação mais precisa dos caracteres chaves que determinam a produtividade (AKRAM et al., 2011; ALCÂNTARA NETO et al., 2011; CHANDEL; PATEL; PATEL, 2014).

Diante da escassez de informação e de pesquisas que contrastem o desempenho agrônomo da soja RR com a Convencional, estudos comparativos entre genótipos de ambos os grupos tornam-se importantes. Assim sendo, o objetivo do presente estudo consistiu em comparar o desempenho agrônomo de genótipos de soja RR com convencionais, oriundos de cruzamentos biparentais e avaliar por meio da análise de trilha, a relação entre caracteres de importância agrônomo com a produtividade de grãos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local e manejo dos experimentos

Foram conduzidos dois experimentos no ano agrícola 2014/2015 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, com altitude aproximada de 595 m. O solo da área experimental é classificado como Latossolo Vermelho Eutrófico, com relevo suavemente ondulado. O clima da região é do tipo Cwa, segundo a classificação climática global de Köppen, com verão quente e úmido e inverno seco com temperatura média anual de 22,2 ° C e precipitação média anual de 1.451 mm (VIANNA et al., 2013).

Os experimentos foram conduzidos no delineamento experimental de blocos ao acaso com três repetições. Cada parcela experimental consistiu de quatro linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m entre si, sendo considerada como área útil as duas linhas centrais, desprezando-se 0,5 m de cada extremidade, totalizando 4 m².

Antes da semeadura, foram realizadas as operações de preparo do solo. A adubação foi realizada conforme as exigências da cultura, sendo que, após análise prévia do solo, foram aplicados 350 kg ha⁻¹ da fórmula 00-20-20. As sementes foram inoculadas com o inoculante Gelfix 5 e a semeadura foi realizada mecanicamente no dia 18 de novembro de 2014, para os dois experimentos. As parcelas experimentais foram mantidas, durante todo o ciclo da cultura, com rigoroso controle de pragas, doenças e plantas daninhas, conforme recomendações para a cultura da soja. Todos os tratamentos culturais citados foram feitos de acordo com as recomendações da Embrapa Soja (EMBRAPA, 2013).

2.2. Material genético

Os genótipos utilizados foram previamente desenvolvidos a partir de cruzamentos biparentais entre genitores portadores do gene RR e genótipos convencionais superiores. Os genitores de soja RR eram cultivares comerciais e os genitores convencionais eram linhagens de soja com bom desempenho agrônomo para os caracteres relacionados à produção de grãos, pertencentes ao programa de melhoramento genético da Universidade Estadual Paulista – UNESP/FCAV Câmpus de Jaboticabal (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogias de cruzamentos realizados entre genitores RR e convencionais, com os respectivos códigos atribuídos a cada cruzamento.

Número do cruzamento	Genitores RR		Genitores convencionais
C4	M 8336 RR	X	JAB.00-01-21/4M1D
C5	M 7578 RR	X	JAB.00-05-5/4A2D
C6	M 7908 RR	X	JAB.00-05-5/4A2D
C7	M 8221 RR	X	JAB.00-05-5/4A2D
C8	M 7211 RR	X	JAB.00-05-1/5C3B
C9	M 7639 RR	X	JAB.00-05-1/5C3B
C10	M 8211 RR	X	JAB.00-05-1/5C3B
C11	M 8336 RR	X	JAB.00-05-1/5C3B
C12	M 8360 RR	X	JAB.00-05-1/5C3B
C13	M 7211 RR	X	JAB.00-05-8/2D3C
C14	M 7636 RR	X	JAB.00-05-8/2D3C
C15	M 7908 RR	X	JAB.00-05-8/2D3C
C16	M 8336 RR	X	JAB.00-05-8/2D3C
C17	M 8230 RR	X	JAB.00-06-2/3I3D
C18	M 8236 RR	X	JAB.00-06-2/3I3D
C20	M 8360 RR	X	JAB.00-02-3/6A4D

As progênies resultantes dos referidos cruzamentos, foram conduzidas pelo método genealógico até a geração F₅, onde as mesmas foram separadas em dois grupos: o primeiro contendo os genótipos portadores do gene RR e o segundo contendo os genótipos convencionais. A caracterização e identificação dos genótipos RR foi realizada em laboratório, sendo detectados pela técnica de PCR, a qual distingue genótipos de soja pela presença de marcas moleculares, oriundas de sequências específicas do DNA transgênico, o qual é amplificado. A identificação dos genótipos RR foi realizada por meio de *primers* específicos que pareiam na sequência *Forward* 5'TGATGTGATATCTCCACTGACG 3' e *Reverse* 5'TGTATCCCTTGAGCCATGTTGT 3', que codifica a região EPSPS (MARCELINO; GUIMARÃES; BARROS, 2007).

Sendo assim, no presente estudo foram avaliados genótipos de geração F₆, em dois experimentos distintos, após o processo de seleção dos genótipos superiores de cada grupo identificado. O experimento I, foi composto por 27 genótipos de soja portadores do gene RR e duas testemunhas (BMX Força RR e

BRS Valiosa RR). O experimento II, foi composto por 23 genótipos convencionais e duas cultivares convencionais como testemunhas (CD-216 e Conquista).

2.3 Caracteres agronômicos avaliados

Os genótipos foram avaliados, na medida em que atingiram os estádios fenológicos da soja ideais para as respectivas avaliações (FEHR; CAVINESS, 1977). Foram avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

- **Altura da planta no florescimento (APF):** altura mensurada do colo da planta até o ápice da haste principal (em cm), quando aproximadamente 50% das plantas da área útil da parcela apresentavam-se em estágio R1;
- **Número de dias para maturidade (NDM):** número de dias compreendidos entre os estádios fenológicos VE e R8;
- **Altura da planta na maturidade (APM):** altura mensurada do colo da planta até o ápice da haste principal (em cm), quando as mesmas encontravam-se em estágio R8;
- **Altura de inserção da primeira vagem (AIV):** altura mensurada do colo da planta até a inserção da primeira vagem na haste principal (em cm) quando as mesmas encontravam-se em estágio R8;
- **Acamamento (Ac):** avaliado em estágio R8 por meio de uma escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas eretas) a 5 (todas as plantas acamadas);
- **Valor agronômico (VA):** avaliado em estágio R8 por meio de uma escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas com características agronômicas indesejáveis) a 5 (plantas com ótimas características agronômicas), levando em consideração um conjunto de caracteres visuais de interesse, tais como: arquitetura da planta, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade da planta, debulha prematura das vagens e retenção foliar na maturidade;
- **Peso de cem sementes (PCS):** obtido por meio da contagem e pesagem de 100 sementes (em g);
- **Produtividade de grãos (PG):** caráter obtido por meio do peso dos grãos produzidos pelas plantas da área útil da parcela, corrigido para 13% de umidade e convertido em kg ha⁻¹.

2.4 Análises estatísticas

Para as análises estatísticas, foi utilizado o modelo matemático da análise de blocos ao acaso (DBC) conforme descrito por Cruz e Regazzi (2001), o qual é dado por:

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

Onde:

Y_{ij} = observação do tratamento i , na repetição j ;

μ = média geral do caráter;

β_j = efeito do j – ésimo bloco;

τ_i = efeito do i – ésimo tratamento;

ε_{ij} = efeito do erro aleatório

Para a transformação de dados, foi utilizada a metodologia de Box e Cox (1964) quando necessário. Os dados de cada experimento (I e II) foram submetidos à análise de variância utilizando-se o procedimento GLM do *software* SAS® 9.3 (2011). Em seguida, os mesmos foram submetidos as análises de agrupamento de médias (Scott-Knott, a nível de 5% de probabilidade), correlações fenotípicas, correlações genotípicas e análise de trilha, utilizando-se o aplicativo computacional Genes (CRUZ, 2013).

A análise de trilha consiste na decomposição dos coeficientes de correlações em efeitos direto e indireto, e foi obtida de acordo com o método proposto por Wright (1921). O caráter PG foi escolhido como variável principal, ou seja, os desdobramentos das correlações em efeitos diretos e indiretos dos demais caracteres foram estimados sobre a PG. Antes da análise de trilha, foi realizado o diagnóstico de multicolinearidade, sendo este grau de multicolinearidade da matriz $X'X$ estabelecido com base no seu número de condição (NC), que é a razão entre o maior e o menor autovalor da matriz conforme Montgomery e Peck (1981), ou seja, quando o $NC < 100$, a multicolinearidade pode ser considerada fraca, não representando problemas para a análise; quando $100 \leq NC < 1000$, a multicolinearidade é tida como moderada a forte, e quando $NC \geq 1000$, a

multicolinearidade é considerada severa, provocando maiores complicações no estudo.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de variância possibilitou verificar diferenças significativas pelo teste F a 1% de probabilidade, entre os genótipos RR para todos os caracteres avaliados. Os coeficientes de variação experimental oscilaram de 2,48% (NDM) a 19,31% (PG) (Tabela 2), estando dentro dos valores adequados.

Tabela 2. Quadrados médios obtidos na análise de variância para oito caracteres avaliados em 27 genótipos F₆ de soja RR e 2 testemunhas no ano agrícola 2014/2015.

FV	GL	NDM	APF	APM	AIV
Bloco	2	3,24	55,87**	47,96**	1,59
Genótipo	28	59,16**	56,43**	126,32**	4,77**
Resíduo	43	9,87	13,65	34,68	1,65
Média***		120,90	62,09	66,55	8,99
CV (%)		2,59	5,95	8,84	14,29
FV	GL	AC ¹	VA ¹	PCS	PG
Bloco	2	0,01	0,01	2,31	118161,76
Genótipo	28	0,03**	0,01**	5,42**	1661561,20**
Resíduo	43	0,01	0,01	0,88	420818,09
Média***		1,61	3,41	15,11	3.358,65
CV (%)		12,39	9,94	6,22	19,31

** Significativos a 1% de probabilidade pelo teste F; ¹ Transformação $1/X^{0,5}$; *** Valores apresentados sem a transformação dos dados; CV: coeficiente de variação; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

Os genótipos convencionais, também apresentaram diferenças significativas a 1% de probabilidade, para todos os caracteres avaliados, exceto para o caráter PG (5% de significância de probabilidade). Os coeficientes de variação experimental oscilaram de 1,47% (NDM) a 21,57% (PG) (Tabela 3), também sendo considerados adequados, em função da natureza dos caracteres avaliados.

Tabela 3. Quadrados médios obtidos na análise de variância para oito caracteres em 23 genótipos F₆ de soja convencional e 2 testemunhas no ano agrícola 2014/2015.

FV	GL	NDM	APF	APM	AIV
Bloco	2	6,83	23,40	23,76	0,34
Genótipo	24	62,93**	113,07**	150,27**	3,01**
Resíduo	31	3,10	33,79	40,19	2,25
Média***		121,32	68,56	73,63	9,52
CV (%)		1,45	8,47	8,61	15,75
FV	GL	AC ¹	VA	PCS	PG
Bloco	2	0,04	0,16	3,20	2925437,28
Genótipo	24	0,03**	0,63**	4,55**	1160924,63*
Resíduo	31	0,01	0,15	1,21	535099,00
Média***		2,03	3,43	15,15	3.390,07
CV (%)		13,33	11,27	7,26	21,57

** e * Significativos a 1 e 5% de probabilidade pelo teste F. ¹ Transformação $1/X^{0,5}$; *** Valores apresentados sem a transformação dos dados; CV: coeficiente de variação; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

Entre os caracteres analisados (Tabela 2 e 3), PG apresentou o maior coeficiente de variação, tanto para o grupo de genótipos RR quanto para o grupo de genótipos convencionais. Isso pode ser explicado pelo fato, de ser um caráter de natureza quantitativa controlado por muitos genes e, que tende a ser altamente influenciado pelo ambiente (COSTA et al., 2008).

Para o grupo de genótipos RR (Tabela 4), assim como para o grupo convencional (Tabela 5) os resultados foram significativos pelo teste de Scott-Knott ao nível de 5% de probabilidade para todos os caracteres avaliados.

Tabela 4. Valores médios obtidos para oito caracteres em 27 genótipos F₆ de soja RR e 2 testemunhas no ano agrícola 2014/2015.

Genótipos	NDM	APF	APM	AIV	AC	VA	PCS	PG
JAB.09-04/4 RR	126,4 a	60,9 d	68,2 c	9,7 a	1,8 a	3,4 a	17,9 a	2.860,8 c
JAB.09-04/7 RR	110,2 c	56,0 e	57,0 d	6,8 c	1,0 b	3,5 a	14,5 c	2.716,4 c
JAB.09-04/8 RR	110,2 c	57,9 d	58,7 d	8,0 b	1,2 b	2,2 b	15,1 c	2.755,4 c
JAB.09-05/8 RR	122,0 b	64,2 c	89,1 a	10,8 a	1,8 a	4,3 a	13,6 d	4.994,8 a
JAB.09-06/1 RR	120,3 b	65,3 c	68,2 c	8,6 b	1,2 b	3,8 a	19,0 a	3.831,7 b
JAB.09-06/2 RR	118,0 b	64,1 c	68,3 c	10,7 a	1,2 b	4,2 a	17,3 b	3.956,5 b
JAB.09-06/4 RR	121,7 b	65,2 c	67,2 c	9,2 a	1,5 a	3,7 a	14,9 c	4.050,8 b
JAB.09-06/7 RR	110,3 c	58,6 d	60,1 d	4,6 d	1,0 b	2,6 b	16,5 b	3.286,9 c
JAB.09-07/1 RR	111,8 c	52,9 e	53,4 d	6,4 c	1,2 b	3,1 b	17,3 b	2.039,7 c
JAB.09-13/1 RR	118,4 b	64,0 c	63,7 d	8,9 a	1,8 a	2,9 b	15,2 c	3.341,8 c
JAB.09-17/4 RR	131,4 a	63,3 c	68,1 c	10,4 a	1,5 a	4,9 a	11,6 e	4.297,3 b
JAB.09-17/7 RR	126,0 a	75,2 a	79,3 b	9,7 a	3,0 a	3,5 a	13,9 d	4.575,7 a
JAB.09-18/2 RR	125,3 a	63,7 c	63,7 d	9,1 a	1,5 a	3,8 a	14,8 c	3.704,2 b
JAB.09-18/3 RR	126,7 a	60,4 d	67,3 c	10,6 a	1,5 a	4,2 a	13,7 d	2.815,5 c
JAB.09-18/8 RR	126,4 a	60,7 d	69,8 c	11,1 a	1,0 b	4,2 a	13,5 d	3.972,8 b
JAB.09-20/3 RR	120,0 b	56,0 e	62,3 d	9,1 a	2,0 a	3,2 b	14,3 c	3.199,6 c
JAB.09-20/8 RR	123,3 b	62,8 c	63,3 d	9,7 a	1,5 a	3,3 a	13,7 d	2.956,7 c
JAB.09-06/1 RR	118,9 b	61,4 d	59,1 d	8,0 b	1,0 b	3,4 a	16,0 c	2.171,9 c
JAB.09-06/5 RR	120,3 b	62,9 c	62,2 d	8,3 b	1,2 b	3,5 a	15,3 c	2.815,1 c
JAB.09-06/6 RR	119,0 b	59,1 d	59,2 d	8,3 b	1,5 a	3,0 b	15,5 c	3.342,7 c
JAB.09-08/3 RR	124,9 a	67,0 c	74,4 b	9,5 a	1,5 a	4,2 a	14,7 c	4.887,9 a
JAB.09-09/3 RR	121,7 b	60,1 d	67,9 c	10,3 a	1,8 a	3,0 b	14,6 c	2.765,5 c
JAB.09-09/4 RR	119,3 b	59,4 d	63,4 d	8,0 b	2,5 a	2,5 b	14,7 c	2.553,9 c
JAB.09-09/5 RR	121,9 b	67,0 c	72,3 b	8,9 a	1,8 a	3,2 a	14,6 c	4.166,0 b
JAB.09-09/6 RR	120,7 b	63,0 c	64,6 c	7,6 b	2,0 a	2,8 b	14,7 c	3.284,2 c
JAB.09-09/7 RR	123,2 b	63,9 c	66,6 c	9,6 a	2,2 a	3,5 a	14,9 c	3.655,5 b
JAB.09-09/8 RR	123,0 b	64,9 c	65,8 c	9,1 a	1,8 a	2,8 b	14,9 c	3.402,6 c
BMX Força RR	115,3 c	52,8 e	70,5 c	7,6 b	1,7 a	2,8 b	15,7 c	2.269,3 c
BRS Valiosa RR	125,9 a	69,3 b	69,4 c	10,0 a	2,8 a	3,7 a	15,6 c	2.235,0 c

Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$); NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônômico; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

Tabela 5. Valores médios obtidos para oito caracteres em 23 genótipos F₆ de soja convencional e 2 testemunhas no ano agrícola 2014/2015.

Genótipos	NDM	APF	APM	AIV	AC	VA	PCS	PG
JAB.09-05/7	120,9 c	66,8 c	98,2 a	9,1 b	2,1 a	3,5 c	12,7 c	4.326,2 a
JAB.09-10/2	123,4 b	74,5 b	73,2 c	10,9 a	1,4 b	4,0 b	14,3 b	4.492,7 a
JAB.09-11/5	125,7 a	77,4 b	80,9 b	10,5 a	4,0 a	2,7 d	14,7 b	3.716,9 a
JAB.09-11/7	124,4 a	66,9 c	73,5 c	9,9 a	1,9 a	4,0 b	14,8 b	3.345,6 b
JAB.09-13/2	119,4 c	65,7 c	68,8 c	8,3 b	1,9 a	3,5 c	15,3 b	4.484,6 a
JAB.09-14/2	125,7 a	85,0 a	86,8 b	9,4 b	3,0 a	3,5 c	12,7 c	3.777,7 a
JAB.09-15/1	117,9 d	68,2 c	70,6 c	11,1 a	1,6 b	3,2 c	15,6 b	2.693,6 b
JAB.09-15/2	116,4 d	68,5 c	72,9 c	8,4 b	1,1 b	3,2 c	13,6 c	2.688,7 b
JAB.09-15/6	115,8 d	65,0 c	63,6 d	9,0 b	1,3 b	3,3 c	17,5 a	3.727,0 a
JAB.09-15/7	117,2 d	61,7 c	65,4 d	8,1 b	1,3 b	2,9 d	17,3 a	3.196,3 b
JAB.09-18/5	122,3 b	58,5 c	62,6 d	7,9 b	1,6 b	3,3 c	17,4 a	4.502,6 a
JAB.09-20/1	121,3 b	77,3 b	79,9 b	9,1 b	1,3 b	3,7 b	16,1 a	3.511,4 a
JAB.09-20/2	122,4 b	73,0 b	77,9 b	12,9 a	1,6 b	3,5 c	17,9 a	3.106,0 b
JAB.09-06/2	120,3 c	69,1 c	72,8 c	8,5 b	1,3 b	3,3 c	16,5 a	2.579,2 b
JAB.09-07/1	123,0 b	54,5 c	71,3 c	9,4 b	2,5 a	3,2 c	13,6 c	2.498,2 b
JAB.09-12/8	123,8 a	73,4 b	85,7 b	9,8 a	2,8 a	3,8 b	14,4 b	2.792,7 b
JAB.09-14/3	122,3 b	68,3 c	73,3 c	9,7 a	2,0 a	3,3 c	14,9 b	2.389,6 b
JAB.09-16/1	122,7 b	69,5 c	73,9 c	10,4 a	1,3 b	3,9 b	15,5 b	4.369,3 a
JAB.09-16/3	119,4 c	62,3 c	68,8 c	8,8 b	2,1 a	2,5 d	14,5 b	3.170,7 b
JAB.09-16/4	123,7 a	73,8 b	77,0 b	10,1 a	2,5 a	3,2 c	15,4 b	3.529,8 a
JAB.09-16/5	122,0 b	64,8 c	66,0 d	7,9 b	1,8 a	3,0 d	14,7 b	3.257,2 b
JAB.09-17/7	124,0 a	69,8 c	74,3 c	10,2 a	2,7 a	3,3 c	14,2 b	3.313,3 b
JAB.09-18/8	125,7 a	62,3 c	63,6 d	8,3 b	2,5 a	2,9 d	14,3 b	2.839,7 b
(CD-216)	98,3 e	64,1 c	70,2 c	9,4 b	1,1 b	4,3 b	15,6 b	2.101,7 b
Conquista	125,3 a	64,7 c	66,0 d	10,7 a	1,3 b	4,8 a	16,5 a	4.260,8 a

Médias seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$); NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônomo; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

A produtividade de grãos (PG) é, sem dúvida, o caráter de maior importância em um programa de melhoramento genético. Para este caráter, observou-se valores médios de 2.039,7 a 4.994,8 kg ha⁻¹, para o grupo RR (Tabela 4). Os genótipos JAB.09-05/8 RR, JAB.09-17/7 RR e JAB.09-08/3 RR se sobressaíram para PG, com valores médios superiores à 4.575,5 kg ha⁻¹. Além destes, estatisticamente superiores aos demais, outros 14 genótipos apresentaram PG superior à média nacional que é de 2.999 Kg ha⁻¹ (CONAB, 2015). Para os genótipos convencionais, o caráter PG apresentou valores médios entre 2.101,7 e 4.502,6 kg ha⁻¹ (Tabela 5). Dez genótipos, além da testemunha Conquista, apresentaram superioridade para o

caráter, com valores médios superiores à 3.511,4 Kg ha⁻¹. Além destes, outros 6 genótipos, apesar de não diferirem estatisticamente do grupo de menores médias, apresentaram valores superiores à média nacional.

De forma geral, os melhores genótipos RR apresentaram PG superior às testemunhas, enquanto os melhores genótipos convencionais foram estatisticamente iguais à testemunha Conquista. Apesar dos genótipos convencionais apresentarem maior número de genótipos estatisticamente superiores, a partir da média geral dos experimentos (3.359 kg ha⁻¹ - genótipos RR e 3.390 kg ha⁻¹ - genótipos convencionais) pode-se observar que a presença de alelos favoráveis para o caráter PG é mais importante para a obtenção de elevadas produtividades do que a presença ou ausência do gene RR.

Lima et al. (2015), comparando cultivares de soja convencionais com RR essencialmente derivadas, observaram diferenças entre as cultivares estudadas, pois a cultivar convencional M-SOY 6101, teve rendimento 31,9% superior quando comparado com a essencialmente derivada M-SOY 7211 RR. Enquanto a cultivar essencialmente derivada BRS Valiosa RR apresentou rendimento 28,5% superior em relação à cultivar convencional BRS/MG46 Conquista. Fonseca et al. (2013), concluíram que para APM, AIV e PG, os genótipos RR apresentaram valores superiores a genótipos convencionais. Enquanto Lima et al. (2008), avaliando linhagens de soja no Estado do Paraná, não identificaram diferença para o desempenho produtivo entre linhagens de soja convencional e RR.

Os melhores genótipos RR (Tabela 4) para o caráter NDM foram JAB.09-04/7 RR, JAB.09-04/8 RR, JAB.09-06/7 RR, JAB.09-07/1 RR e a cultivar BMX Força RR, apresentando ciclo entre 110,2 e 115,3 dias, e conseqüentemente, classificados em grupo de maturidade variando de 5.4 e 5.9, respectivamente, conforme Alliprandini et al. (2009), sendo caracterizados como genótipos de ciclo precoce (ROCHA et al. 2012; SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Apesar destes genótipos terem apresentado os melhores valores para NDM, não apresentaram valores satisfatórios para PG, sendo os melhores valores para PG apresentados pelos genótipos de ciclo tardio. Para os genótipos convencionais (Tabela 5), o ciclo variou de 98,0 (CD-216) a 125,7 dias (JAB.09-11/5, JAB.09-14/2 e JAB.09-18/8), sendo classificados em grupo de maturidade de 4.2 a 6.9, respectivamente, de acordo com Alliprandini et al.

(2009), com destaque para o genótipo JAB.09-15/6, que além de NDM reduzido apresentou resultados satisfatórios para PG e os demais caracteres.

De maneira geral, os genótipos RR apresentaram maior precocidade quando comparados com os genótipos convencionais. A precocidade é considerada uma característica desejável principalmente para o cultivo em áreas de renovação de canaviais ou para atender áreas de safrinha em regiões onde a segunda safra é tradicional (UNÊDA-TREVISOLI et al., 2010). Vale ressaltar que o NDM pode variar de acordo com a região de cultivo, pois é influenciado pela latitude, devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo (ROCHA et al., 2012).

Os genótipos RR com menor NDM, também apresentaram os menores valores para APF e APM, enquanto os genótipos convencionais com valores superiores para NDM, também apresentaram superioridade para APF e APM. De acordo com Dallastra et al. (2014), genótipos com NDM reduzido (mais precoces) também podem apresentar APF e APM reduzidos devido a redução dos estádios vegetativo e reprodutivo da planta.

Para o caráter APF, o genótipo JAB.09-17/7 RR, foi superior aos demais (Tabela 4). Em seguida, outros 14 genótipos RR apresentaram valores intermediários para APF, variando de 62,8 (JAB.09-20/8) a 67,0 cm (JAB.09-08/3 e JAB.09-09/5). Para os genótipos convencionais (Tabela 5), JAB.09-14/2 foi superior a todos os demais para o caráter APF. Em seguida, outros 6 genótipos apresentaram valores intermediários para APF, variando de 73,0 (JAB.09-20/2) a 77,4 cm (JAB.09-11/5).

Para APM, os valores variaram de 53,4 (JAB.09-07/1 RR) a 89,1 cm (JAB.09-05/8 RR) para os genótipos RR (Tabela 4), sendo que para os genótipos com PG superior, os valores médios para APM variaram de 74,4 a 89,1 cm. Por sua vez, para os genótipos convencionais (Tabela 5) os valores variaram de 63,6 (JAB.09-15/6 e JAB.09-18/8) a 98,2 cm (JAB.09-05/7), sendo que para os genótipos com superioridade para PG, os valores para APM variaram de 62,6 a 98,2 cm. No presente estudo, é notório que os genótipos RR com maior APM apresentaram também, maiores valores médios de PG.

De modo geral, tanto os genótipos RR, quanto os convencionais com superioridade para PG apresentaram valores médios satisfatórios para os caracteres

APF e APM, estando próximos ou igual ao valor recomendado para a cultura que é de 55,0 e 80,0 cm, respectivamente (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009). Segundo Amorim et al. (2011), deve-se considerar APM mínima de 50 cm para a cultura da soja, enquanto que Carvalho et al. (2010), afirmam que plantas com APM superior a 100 cm tendem ao acamamento e dificultam a eficiência das máquinas colhedoras. Desta forma, os genótipos avaliados (RR e convencionais) com maior PG atendem às exigências impostas para a cultura, em relação a estes caracteres. Diante do exposto, o caráter APM é de fundamental importância para uma boa performance de genótipos de soja, pois está relacionado ao caráter PG e com perdas durante a colheita mecanizada.

A determinação do tipo de crescimento de uma planta de soja pode ser baseada na relação entre APF e APM, podendo ser classificada como de ciclo determinado ou indeterminado (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005). O tipo de crescimento indeterminado em genótipos de soja é uma característica de extrema importância, principalmente quando se trata de genótipos com ciclo reduzido (MARQUES; ROCHA; HAMAWAKI, 2008).

Para o caráter AIV, os genótipos RR (Tabela 4), apresentaram valores entre 4,6 (JAB.09-06/7 RR) a 11,1 cm (JAB.09-18/8 RR), enquanto que os genótipos convencionais (Tabela 5) apresentaram AIV entre 7,9 (JAB.09-18/5 e JAB.09-16/5) e 12,9 cm (JAB.09-20/2). Almeida, Peluzio e Afferri (2011) ressaltam que a seleção de plantas com AIV inferior a 10 cm e APM superior a 80 cm pode acarretar em perdas na colheita mecanizada, enquanto que Rocha et al. (2012) afirmam que, a AIV satisfatória está em torno de 15,0 cm, embora colhedoras mais modernas possam efetuar boa colheita com plantas apresentando primeiras vagens a 10,0 cm. Assim sendo, os genótipos RR com melhores valores para PG também apresentaram bons valores para AIV, enquanto que, para os genótipos convencionais, os mais produtivos apresentaram alta variação para o caráter AIV.

Para o caráter AC, 9 genótipos RR (Tabela 4) e 12 convencionais (Tabela 5) apresentaram os melhores valores para o caráter, com notas variando de 1,0 a 1,2 e 1,1 a 1,6, respectivamente. Os genótipos convencionais, de maneira geral, apresentaram maiores valores para AC, quando comparados com os genótipos RR. Isso pode ser explicado, pelo fato dos genótipos convencionais terem apresentado

maior APM, pois segundo Carvalho et al. (2010), plantas com valores de APM elevado tendem ao acamamento com maior facilidade. No presente estudo, este fato se confirmou, pois genótipos com maiores valores de APF e APM também apresentaram AC elevado, indicando relação entre estes caracteres. O caráter AC sempre deve ser levado em consideração durante o processo de seleção de genótipos superiores, pois plantas com AC reduzido podem minimizar as perdas durante o processo de colheita mecanizada.

Em relação ao caráter VA, os melhores genótipos RR (Tabela 4), apresentaram valores variando entre 3,4 e 4,9, sendo que os genótipos com PG superior, ficaram compreendidos dentro deste intervalo. Porém, os genótipos convencionais (Tabela 5) com PG superior não apresentaram necessariamente VA elevado. Desta forma, a PG, não foi afetada diretamente pelo VA, devido a este ser mensurado levando em consideração um conjunto de características da planta, tais como: arquitetura, deiscência de vagens e sanidade da planta, entre outros. Pode-se observar ainda que, tanto para os genótipos RR quanto para os convencionais, identificou-se relação positiva entre VA, APF, APM e PG. Portanto, genótipos com essas características tendem a apresentar melhor performance, corroborando com os resultados obtidos por Ferreira Junior et al. (2015).

Para o caráter PCS os genótipos RR (Tabela 4) apresentaram valores médios entre 11,6 (JAB.09-17/4 RR) e 19,0 gramas (JAB.09-06/1 RR), enquanto os convencionais (Tabela 5) apresentaram valores médios entre 12,7 (JAB.09-05/7 e JAB.09-14/2) e 17,9 gramas (JAB.09-20/2). Os genótipos RR com superioridade para PG, apresentaram valores médios inferiores para PCS. Segundo Dallastra et al. (2014), isso pode ter ocorrido pelo fato de que plantas mais produtivas tendem a produzir sementes de tamanho menor em razão da maior quantidade de sementes produzida por planta. Neves et al. (2013) avaliando a performance agrônômica de genótipos de soja em condições de baixa latitude, observaram que os genótipos de ciclo mais tardios (maior NDM) também apresentaram valores superiores para PCS. Enquanto que Rigon et al. (2012) e Xavier, Araújo e Santos (2008) encontraram correlação direta entre PCS e PG, relatando que é possível obter ganhos de produtividade realizando seleção indireta sobre o caráter PCS.

O potencial de rendimento de grãos dos genótipos pode ser influenciado por fatores climáticos, principalmente a umidade, temperatura e fotoperíodo que variam entre regiões e em diferentes épocas do ano (ROCHA et al., 2012). Devido à existência de interação genótipo x ambiente, avaliações contínuas em ensaios de rede são necessárias, a fim de determinar o comportamento agrônomo de genótipos e sua adaptação a diferentes condições locais (PORTO; CARVALHO; PINTO, 2007). Dessa forma, o desenvolvimento de novas cultivares de soja é de fundamental importância para o aumento da produtividade de grãos e a estabilidade de produção.

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica e genotípica, para os dois grupos de genótipos estudados, encontram-se na (Tabela 6).

Tabela 6. Estimativas dos coeficientes de correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) entre caracteres agrônômicos avaliados em genótipos de soja RR (acima da diagonal) e convencionais (abaixo da diagonal).

Car.		NDM	APF	APM	AIV	AC	VA	PCS	PG
NDM	rf	1	0,563**	0,573**	0,773**	-0,487**	-0,644**	-0,439*	0,484*
	rg	1	0,671**	0,630**	0,851**	0,430*	0,715**	-0,493**	0,538**
APF	rf	0,357	1	0,698**	0,441*	0,473*	0,332	-0,170	0,705**
	rg	0,456*	1	0,761**	0,462*	0,620**	0,464*	-0,194	0,854**
APM	rf	0,327	0,608**	1	0,647**	0,442*	0,521**	-0,301	0,806**
	rg	0,408*	0,655**	1	0,689**	0,507**	0,688**	-0,330	0,962**
AIV	rf	0,299	0,461*	0,350	1	0,265	0,642**	-0,398*	0,477*
	rg	0,343	0,552**	0,368	1	0,320	0,753**	-0,455*	0,531**
AC	rf	0,678**	0,298	0,392	0,166	1	-0,159	-0,304	0,244
	rg	0,757**	0,393	0,435*	0,211	1	-0,083	-0,353	0,397
VA	rf	0,195	0,344	0,331	0,334	-0,313	1	-0,287	0,570**
	rg	0,267**	0,347	0,361	0,393	-0,261	1	-0,397*	0,618**
PCS	rf	-0,376	-0,175	-0,495*	0,085	-0,489*	-0,037	1	-0,301
	rg	-0,434*	-0,201	-0,571**	0,104	-0,552**	-0,046	1	-0,416*
PG	rf	0,100	0,163	0,133	-0,022	-0,066	0,327	0,045	1
	rg	0,194	0,071	0,094	-0,066	-0,007	0,320	-0,015	1

** e * Significativos a 1% e 5% de probabilidade, respectivamente pelo teste t; Car: Caracteres; NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônomo; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

No estudo de correlações, três aspectos devem ser considerados: a direção, a significância e a magnitude. Correlações positivas indicam a tendência de uma variável aumentar quando a outra aumenta, ao passo que, correlações negativas indicam tendência de uma variável aumentar enquanto a outra diminui (NOGUEIRA et al., 2012). Correlações positivas indicam, possivelmente, a ocorrência de pleiotropismo, no qual um mesmo gene influencia na expressão de mais de um caráter (FALCONER, 1987). O conhecimento dessa associação é importante no melhoramento de plantas, pois possibilita a seleção simultânea de dois ou mais caracteres correlacionados (NOGUEIRA et al., 2012).

As correlações genóticas apresentaram, de maneira geral, valores superiores às suas correspondentes correlações fenotípicas. Quando as correlações genóticas são superiores às suas correspondentes correlações fenotípicas, é um indicativo de que a expressão fenotípica é reduzida pelas influências ambientais, ou seja, as associações encontradas ocorrem principalmente devido às causas genéticas (ALMEIDA; PELUZIO; AFFERRI, 2010; MACHIKOWA; LAOSUWAN, 2011)

Para o grupo de genótipos RR todos os caracteres agronômicos, exceto PCS, correlacionaram-se positivamente com PG, tanto para o coeficiente fenotípico quanto para o genotípico (Tabela 6). Estes resultados concordam com os obtidos por Akram et al. (2011) e Haghi et al. (2012), que verificaram correlação negativa e não significativa entre PCS e PG.

Correlações genóticas positivas, significativas ($p < 0,01$) e de alta magnitude foram observadas entre o caráter PG e os caracteres NDM (0,538), APF (0,854), APM (0,962), AIV (0,531) e VA (0,618) (Tabela 6), indicando que a seleção de plantas de ciclo mais tardio, aliada à maior altura no florescimento e na maturidade, inserção da primeira vagem mais alta e elevado índice de valor agronômico resultará em plantas mais produtivas, concordando com os resultados de Akram et al. (2011) e Malik et al. (2007). Leite et al. (2015) observaram correlações fenotípicas e genóticas positivas ($p < 0,01$) entre o caráter APM e os caracteres PG e AIV e afirmaram que, a seleção de plantas mais altas e inserção de vagens alta é facilitada e resulta em plantas mais produtivas, pois o caráter APM exerce grande influência sobre PG.

Foi observada correlação genotípica positiva ($p < 0,01$) entre o caráter NDM e os caracteres APF (0,671), APM (0,530), AIV (0,851) e VA (0,715) (Tabela 6). Estes resultados corroboram com os obtidos por Nogueira et al. (2012). No entanto, divergem dos resultados obtidos por Almeida, Peluzio e Afferri (2010), que encontraram correlações não significativas e de baixa magnitude entre estes caracteres.

As correlações genotípicas foram positivas e significativas ($p < 0,01$) entre APM e os caracteres APF (0,761), AIV (0,689), AC (0,507) e VA (0,688) (Tabela 6), indicando que a seleção de plantas de estatura elevada simultaneamente promove a seleção de plantas com os demais caracteres relacionados, também elevados. Haghi et al. (2012) encontraram, para o caráter APM correlação positiva com AIV (0,750), a qual pode ser atribuída a um maior crescimento vegetativo das plantas.

Para os genótipos convencionais não houve correlação significativa no coeficiente fenotípico e genotípico entre PG e todos os caracteres agrônômicos analisados (Tabela 6). Estes resultados concordam com os obtidos por, Haghi et al. (2012) e Ramteke et al. (2010), que observaram para PG, uma correlação negativa e não significativa com os caracteres APM, AIV e PCS. Neste caso, a seleção deve ser aplicada diretamente sobre o caráter PG, pois nenhum outro caráter é eficiente para ser adotado como critério de seleção indireta. Para este grupo de genótipos, correlações genotípicas positivas e significativas ($p < 0,01$) e de alta magnitude foram observadas entre APF e APM (0,655) e AIV (0,552).

Para os dois grupos de genótipos de soja (RR e Convencional), o caráter PCS correlacionou-se negativamente com todos os demais caracteres agrônômicos, exceto AIV, para os genótipos convencionais (Tabela 6). Resultados similares foram obtidos por Machikowa e Laosuwan (2011), Ramteke et al. (2010) e Silva et al. (2015). Estes resultados revelam que a seleção de plantas de ciclo mais tardio e maior APM não resultariam em plantas com sementes de maior peso. Divergindo do resultado obtido no presente estudo, Almeida, Peluzio e Afferri (2010) observaram correlação positiva e significativa entre o caráter PCS ($p < 0,05$) e os caracteres AIV, NDM e PG.

As informações obtidas a partir dos coeficientes de correlação podem ser detalhadas por meio da análise de trilha, a qual tem se mostrado útil em fornecer

informações adicionais que descreve as relações de causa e efeito entre a variável dependente (principal) e as variáveis independentes (explicativas).

Os efeitos diretos e indiretos dos caracteres agrônômicos estudados para os coeficientes fenotípicos e genotípicos sobre PG são apresentados na Tabela 7.

Tabela 7. Desdobramento das correlações fenotípicas (rf) e genotípicas (rg) em componentes de efeito direto e indireto envolvendo a variável dependente principal (PG) e as variáveis independentes explicativas (NDM, APF, APM, AIV, AC, VA, PCS), para genótipos de soja RR e Convencionais.

Variável	Efeitos	Genótipos RR		Genótipos convencionais	
		rf	rg	rf	rg
NDM	Efeito direto sobre PG	-0,1227	-0,1209	0,0526	0,0434
	Efeito indireto via APF	0,2096	0,3710	0,0295	-0,0153
	Efeito indireto via APM	0,3363	0,4264	0,0333	0,0258
	Efeito indireto via AIV	-0,1421	0,0075	-0,0845	-0,1401
	Efeito indireto via AC	-0,0355	-0,1589	0,0775	0,2556
	Efeito indireto via VA	0,1804	-0,0994	0,0770	0,1498
	Efeito indireto via PCS	0,0585	0,1359	-0,0847	-0,1247
Total (diretos e indiretos)		0,4846	0,5389	0,1008	0,1945
APF	Efeito direto sobre PG	0,3717	0,5525	0,0825	-0,0335
	Efeito indireto via NDM	-0,0691	-0,0812	0,0188	0,0198
	Efeito indireto via APM	0,4099	0,5153	0,0618	0,0413
	Efeito indireto via AIV	-0,0812	0,0041	-0,1300	-0,2253
	Efeito indireto via AC	-0,0425	-0,2293	0,0341	0,1327
	Efeito indireto via VA	0,0944	-0,0645	0,1354	0,1946
	Efeito indireto via PCS	0,0226	0,0535	-0,0395	-0,0578
Total (diretos e indiretos)		0,7058	0,8542	0,1632	0,0718
APM	Efeito direto sobre PG	0,5870	0,6768	0,1016	0,0631
	Efeito indireto via NDM	-0,0703	-0,0762	0,0172	0,0177
	Efeito indireto via APF	0,2595	0,4207	0,0502	-0,0219
	Efeito indireto via AIV	-0,1190	0,0061	-0,0988	-0,1502
	Efeito indireto via AC	-0,0397	-0,1874	0,0448	0,1468
	Efeito indireto via VA	0,1482	-0,0956	0,1303	0,2027
	Efeito indireto via PCS	0,0402	0,0910	-0,1116	-0,1640
Total (diretos e indiretos)		0,806	0,9625	0,1338	0,0943
AIV	Efeito direto sobre PG	-0,1838	0,0089	-0,2821	-0,4081
	Efeito indireto via NDM	-0,0948	-0,1030	0,0157	0,0149
	Efeito indireto via APF	0,1642	0,2553	0,0380	-0,0185
	Efeito indireto via APM	0,3802	0,4665	0,0356	0,0232
	Efeito indireto via AC	-0,0238	-0,1184	0,0190	0,0713
	Efeito indireto via VA	0,1827	-0,1046	0,1318	0,2207
	Efeito indireto via PCS	0,0530	0,1255	0,0193	0,0299
Total (diretos e indiretos)		0,4778	0,5319	-0,0224	-0,0665

Continuação Tabela 7

Variável	Efeitos	Genótipos RR		Genótipos convencionais	
		rf	rg	rf	rg
AC	Efeito direto sobre PG	-0,0898	-0,3694	0,1142	0,3373
	Efeito indireto via NDM	-0,0485	-0,0520	0,0357	0,0329
	Efeito indireto via APF	0,1760	0,3429	0,0246	-0,0132
	Efeito indireto via APM	0,2600	0,3435	0,0399	0,0274
	Efeito indireto via AIV	-0,0488	0,0028	-0,0469	-0,0863
	Efeito indireto via VA	-0,0452	0,0115	-0,1234	-0,1465
	Efeito indireto via PCS	0,0405	0,0975	-0,1102	-0,1587
Total (diretos e indiretos)		0,2442	0,3073	-0,0662	-0,0072
VA	Efeito direto sobre PG	0,2842	-0,1389	0,3936	0,5603
	Efeito indireto via NDM	-0,0778	-0,0865	0,0102	0,0116
	Efeito indireto via APF	0,1234	0,2568	0,0283	-0,0116
	Efeito indireto via APM	0,3061	0,4661	0,0336	0,0228
	Efeito indireto via AIV	-0,1181	0,0067	-0,0944	-0,1607
	Efeito indireto via AC	0,0143	0,0307	-0,0358	-0,0882
	Efeito indireto via PCS	0,0383	0,1095	-0,0084	-0,0132
Total (diretos e indiretos)		0,5705	0,6180	0,3273	0,3209
PCS	Efeito direto sobre PG	-0,1332	-0,2756	0,2253	0,2872
	Efeito indireto via NDM	0,0539	0,0596	-0,0197	-0,0188
	Efeito indireto via APF	-0,0632	-0,1074	-0,0144	0,0067
	Efeito indireto via APM	-0,1772	-0,2235	-0,0503	-0,0360
	Efeito indireto via AIV	0,0732	-0,0040	-0,0242	-0,0425
	Efeito indireto via AC	0,0273	0,1307	-0,0559	-0,1864
	Efeito indireto via VA	-0,0817	0,0552	-0,0146	-0,0258
Total (diretos e indiretos)		-0,3010	-0,4168	0,0458	-0,0159
Coeficiente de determinação (R ²)		0,7685	0,9785	0,1702	0,2119
Efeito da variável residual		0,4810	0,1465	0,9108	0,8877
Número de condição		40,4320	131,1506	27,1089	70,7927
Colinearidade da matriz		Fraca	Moderada	Fraca	Fraca

NDM: número de dias para a maturidade; APF: altura da planta no florescimento; APM: altura da planta na maturidade; AIV: altura de inserção da primeira vagem; AC: acamamento; VA: valor agrônomo; PCS: peso de cem sementes; PG: produtividade de grãos.

Para a análise de trilha, foi verificada multicolinearidade fraca e moderada, indicando que a razão entre o maior e o menor autovalor das matrizes de correlações foram próximos e inferiores a 100 e portanto, não comprometem o resultado da análise.

Para os genótipos RR, o coeficiente de determinação no modelo da análise de trilha, para o efeito genotípico, foi de 0,9785 e o efeito residual foi de 0,1465, enquanto que para o efeito fenotípico, foi de 0,7685 e 0,4810, respectivamente.

Alcântara Neto et al. (2011) observaram resultados semelhantes avaliando a influência de alguns caracteres agrônômicos, sobre o rendimento de grãos de soja. Assim, no presente estudo o modelo explicativo adotado expressou a relação causa e efeito entre as variáveis explicativas e a PG nos efeitos fenotípicos e genotípicos. Para os genótipos convencionais, a interpretação dos efeitos fenotípicos e genotípicos das variáveis explicativas sobre a PG deve ser realizada de forma cuidadosa, pois os efeitos residuais (0,9108 e 0,8877) foram elevados enquanto os coeficientes de determinação (0,1702 e 0,2119) foram reduzidos.

Em ambos os grupos de genótipos, os efeitos diretos genotípicos superaram os efeitos diretos fenotípicos (Tabela 7), concordando com as estimativas de correlações (Tabela 6). Sendo assim, os efeitos diretos genotípicos são intrinsecamente mais úteis que os efeitos fenotípicos para decidir estratégias de seleção. Assim sendo, neste caso, as correlações genotípicas explicam a verdadeira associação entre os caracteres analisados, com o caráter PG.

Para os genótipos RR, os caracteres que mais influenciaram a PG foram APF, APM e VA, pois estes, apresentaram os maiores valores dos efeitos diretos genotípicos favoráveis (Tabela 7). Desta forma, os caracteres APF e APM podem ser considerados como caracteres chaves no melhoramento genético de soja para elevar o rendimento de grãos, pois exercem grande contribuição na determinação de PG. Segundo Akram et al. (2011) e Malik et al. (2007) a APM pode ser utilizada como critério de seleção indireta para PG, devido ao fato de ter sido o caráter mais importante para determinar PG. Enquanto Alcântara Neto et al. (2011) observaram efeito direto negativo de APM sobre PG.

Os caracteres NDM, APF, AIV e VA apresentaram os maiores efeitos indiretos positivos via APM sobre PG no coeficiente genotípico para os genótipos RR (Tabela 7). Estes efeitos indiretos apresentam alta contribuição nas correlações destas variáveis com PG, devido aos efeitos diretos terem sido negativos e/ou inferiores às correlações genotípicas, com exceção para APF, concordando com os resultados obtido por Malik et al. (2007). Estes resultados divergem dos obtidos por Akram et al. (2011) e Chandel, Patel e Patel (2014), que observaram efeito direto positivo de NDM sobre PG e efeito indireto negativo via APM.

Os efeitos direto e indireto genotípicos de PCS sobre PG foram negativos e de baixa magnitude para os genótipos RR (Tabela 7), demonstrando ser uma variável com pouca relação causa e efeito sobre PG. Chandel, Patel e Patel (2014) observaram efeito direto negativo e de baixa magnitude de PCS sobre PG, bem como efeito indireto via outros caracteres, concordando com os resultados obtidos no presente estudo.

O caráter AC apresentou efeito direto genotípico negativo sobre PG, indicando uma condição favorável, pois os genótipos mais produtivos não apresentaram problemas de acamamento. A correlação genotípica positiva entre AC e PG, ocorreu devido aos efeitos indiretos de AC via APF e APM sobre PG.

No grupo de genótipos de soja convencional, para o coeficiente fenotípico e genotípico, todos os caracteres, exceto VA e PCS, apresentaram efeitos diretos e indiretos sem relevância sobre PG, sendo estes de baixa magnitude e em grande parte com sinal negativo (Tabela 7). Resultados semelhantes foram obtidos por Haghi et al. (2012), os quais observaram para grande parte dos caracteres estudados, efeitos direto e indireto negativos e de baixa magnitude sobre PG. O caráter VA teve maior influência sobre PG seguido pelo PCS, pois estes caracteres apresentaram efeito direto positivo favorável sobre PG no coeficiente genotípico. Enquanto para os caracteres NDM, APF, APM, AIV e AC, os efeitos diretos e indiretos sobre PG foram de baixa magnitude.

De forma geral, para os genótipos em estudo, houve influência na magnitude das correlações fenotípicas e genotípicas entre a PG e a maioria dos caracteres agrônômicos. Além disso, os caracteres APF e APM apresentaram efeito direto favorável e podem ser utilizados na seleção indireta para PG em soja.

4. CONCLUSÕES

Os genótipos de soja apresentaram desempenho produtivo diferenciado dentro do grupo RR e convencional. Os genótipos RR mais produtivos, apresentaram valores superiores quando comparados com os genótipos convencionais de maior rendimento. O grupo convencional apresentou maior número de genótipos superiores com comportamento semelhante quando

comparado com o grupo RR. A presença ou ausência do gene RR não é um fator determinante para elevar o desempenho produtivo.

Para os genótipos RR, a correlação genotípica e a análise de trilha indicaram os caracteres APF e APM como de maior efeito direto favorável sobre a PG. Os caracteres APF e APM podem ser considerados como caracteres chaves no melhoramento genético de soja para elevar o rendimento de grãos, pois exercem grande contribuição na determinação da PG.

Os genótipos convencionais não apresentaram correlações significativas entre PG e todos os caracteres agronômicos analisados e conseqüentemente, os efeitos direto e indireto foram sem relevância sobre PG, exceto para VA e PCS.

5. REFERÊNCIAS

AKRAM, R. M.; FARES, W. M.; FATEH, H. S. A.; RIZK, A. M. A. Genetic variability, correlation and path analysis in soybean. **Egyptian Journal Plant Breed**, v. 15, n. 1, p. 89-102, 2011.

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

ALLIPRANDINI, L. F.; ABATTI, C.; BERTAGNOLLI, P. F.; CAVASSIM, J. E.; GABE, H. L.; KUREK, A.; ... e STECKLING, C. Understanding soybean maturity groups in Brazil: environment, cultivar classification, and stability. **Crop Science**, Madison, v. 49, n. 3, p. 801-808, 2009.

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

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

AMORIM, F. A.; HAMAWAKI, O. T.; SOUSA, L. B.; LANA, R. M. Q.; HAMAWAKI, C. D. L. Época de semeadura no Potencial produtivo de Soja em Uberlândia-MG. Semina. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 32, n. 4, p. 1793-1802, 2011.

ANSELMO, J. L.; ANDRADE, J. A. C.; LAZARINI, E.; COSTA, D. S.; LEAL, A. J. F. Estabilidade e adaptabilidade de cultivares transgênicas e convencionais de soja, na região dos Chapadões. **Científica**, Jaboticabal, v. 39, n. 1, p. 69-78, 2011.

BATISTA, R. O.; HAMAWAKI, R. L.; SOUSA, L. B.; NOGUEIRA, A. P. O.; HAMAWAKI, O. T. Adaptability and stability of soybean genotypes in off-season cultivation. **Genetics and molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 3, p. 9633-9645, 2015.

BOX, G. E. P.; COX, D. R. An analysis of transformations (with discussion). **Journal of the Royal Statistical Society**, Londres, v.26, n. 2, p. 211–252, 1964.

BRANQUINHO, R. G.; DUARTE, J. B.; SOUZA, P. I. M.; SILVA NETO, S. P.; PACHECO, R. M. Estratificação ambiental e otimização de rede de ensaios de genótipos de soja no Cerrado. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 49, n. 10, p. 783-795, 2014.

CARVALHO, E. R.; REZENDE, P. M.; OGOSHI, F. G. A.; BOTREL, E. P.; ALCANTARA, H. P.; SANTOS, J. P. Desempenho de cultivares de soja [*Glycine max* (L.) Merrill] em cultivo de verão no sul de Minas Gerais. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, n. 4, p. 892-899, 2010.

CÉLERES. **Acompanhamento da adoção de biotecnologia agrícola no Brasil**. 3º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Julho 2015. Disponível em: <http://www.celeres.com.br/docs/biotecnologia/IB1501_150611.pdf>. Acesso em: 02 dez. 2015.

CHANDEL, K. K.; PATEL; N. B., PATEL, J. B. Correlation coefficients and path analysis in soybean (*Glycine max* L. merrill). **AGRES – An International e-Journal**, v. 3, n. 1, p. 25-31, 2014.

CONAB (Companhia Nacional de Abastecimento). **Acompanhamento da safra brasileira de grãos**. 12º Levantamento Grãos Safra 2014/15 - Setembro 2015. Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/15_09_11_08_57_48_boletim_graos_setembro_2015.pdf>. Acesso em: 01 dez. 2015.

COSTA, M. M.; MAURO, A. O.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ARRIEL, N. H. C.; BÁRBARO, I. M.; SILVEIRA, G. D.; MUNIZ, F. R. S. Heritability estimation in early generations of two-way crosses in soybean. **Bragantia**, Campinas, v. 67, n. 1, p. 101-108, 2008.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicado no melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. p. 390.

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

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, 2013. 262 p. Disponível em: <<http://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/95489/1/SP-16-online.pdf>>. Acesso em: 29 nov. 2015.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Tradução de Silva M. A. e Silva J. C. Universidade Federal de Viçosa. Viçosa: Imprensa Universitária, 1987. p. 279.

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

FERREIRA JUNIOR, J. A.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; ESPINDOLA, S. M. C. G.; VIANNA, V.F., MAURO, A. O. Diversidade genética em linhagens avançadas de soja oriundas de cruzamentos biparentais, quádruplos e óctuplos. **Revista Ciência Agronômica**, Fortaleza, v. 46, n. 2, p. 339-351, 2015.

FONSECA, P. R. B.; FERNANDES, M. G.; JUSTINIANO, W.; CAVADA, L. H.; SILVA, J. A. N. Leaf Chlorophyll Content and Agronomic Performance of Bt and Non-Bt Soybean. **Journal of Agricultural Science**, v. 5, n. 12, p. p117, 2013.

HAGHI, Y., BOROOMANDAN, P., MORADIN, M., HASSANKHALI, M., FARHADI, P., FARSAEI, F., DABIRI, S. Correlation and path analysis for yield, oil and protein

content of Soybean [*Glycine max* (L.) Merrill] genotypes under different levels of nitrogen starter and plant density. **Biharean Biologist**, v. 6, n. 1, p. 32-37, 2012.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; FEITOSA, F. S.; OLIVEIRA, C. B. Estimativas de parâmetros genéticos e correlações entre caracteres agronômicos em genótipos de soja. **Nativa**, v. 3, n. 4, p. 241-245, 2015.

LIMA, W. F.; PÍPOLO, A. E.; MOREIRA, J. U. V.; CARVALHO, C. D.; PRETE, C. E. C.; ARAIS, C. A. A.; OLIVEIRA, M. F.; SOUZA, G. E.; TOLEDO, J. D. Interação genótipo-ambiente de soja convencional e transgênica resistente a glifosato, no Estado do Paraná. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 6, p. 729-736, 2008.

LIMA, I. P.; BRUZI, A. T.; BOTELHO, F. B. S.; ZAMBIAZZI, E. V.; SOARES, I. O.; ZUFFO, A. M. Performance of Conventional and Transgenic Soybean Cultivars in the South and Alto Paranaíba Regions of Minas Gerais, Brazil. **American Journal of Plant Sciences**, v. 6, n. 09, p. 1385, 2015.

MACHIKOWA, T.; LAOSUWAN, P. Path coefficient analysis for yield of early maturing soybean. **Sonklanakarin Journal of Science and Technology**, v. 33, n. 4, p. 365, 2011.

MALIK, M. F. A.; ASHRAF, M.; QURESHI, A. S.; GHAFOR, A. Assessment of genetic variability, correlation and path analyses for yield and its components in soybean. **Pakistan Journal of Botany**, v. 39, n. 2, p. 405-413, 2007.

MARCELINO, F. C.; GUIMARÃES, M. F. M.; BARROS, E. G. Detecção e quantificação de alimentos geneticamente modificados: o panorama brasileiro. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 54, n. 313, p. 239-249, 2007.

MARQUES, M. C.; ROCHA, J. E. S.; HAMAWAKI, O. T. Avaliação do teor de óleo de cultivares de soja da UFU visando a produção de biodiesel. **Horizonte Científico**, Uberlândia, v. 2, n. 1, p. 207-219, 2008.

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

NEVES, J. A.; SILVA, J. A. L.; RAFAEL, D.; BARBOSA, S.; SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; ROCHA, R. S. Agronomic performance of soybean genotypes in

low latitude in Teresina-PI, Brazil. **Journal of Agricultural Science**, v. 5, n. 3, p. 243-253, 2013.

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

PORTO, W. S.; CARVALHO, C. G. P.; PINTO, R. J. B. Adaptabilidade e estabilidade como critérios para seleção de genótipos de girassol. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 4, p. 491-499, 2007.

RAMTEKE, R.; KUMAR, V.; MURLIDHARAN, P.; AGARWAL, D. K. Research Note Study on genetic variability and traits interrelationship among released soybean varieties of India [*Glycine max* (L.) Merrill]. **Electronic Journal of Plant Breeding**, v. 1, n. 6, p. 1483-1487, 2010.

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.

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

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: BORÉM, A. (Ed.). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: Editora UFV, 2005. p.553-603.

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R. C.; BARROS, H. B. – **Cultivares in: Tecnologia de produção de usos de soja**. Londrina: Mecenas, 2009. p. 314.

SILVA, A. F.; SEDIYAMA, T.; SILVA, F. C. S.; BEZERRA, A. R. G.; FERREIRA, L. V. Correlation and path analysis of soybean yield components. **International Journal of Plant, Animal and Environmental Sciences**, v. 5, n. 1, p. 177-179, 2015.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H.; CARDOSO, G. K. R.; MAURO, A. O.; BLAT, S. F.; BÁRBARO, I. M.; PINHEIRO, J. B.; NASCIMENTO, A. F. Avaliação de cultivares de soja precoces para cultivo em áreas de reforma de cana-de-açúcar. **Ciência & Tecnologia**, Jaboticabal, v. 1, n. 1, p. 50-57, 2010.

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

XAVIER, T. F.; ARAÚJO, A. S. F.; SANTOS, V. B. Comportamento fenotípico em casa-de-vegetação de cultivares de soja na região norte do Piauí. **Caatinga**, Mossoró, v. 21, n. 04, p. 05-08, 2008.

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