

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTUDO GENÉTICO E INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA**

Viviane Formice Vianna
Bióloga

2013

**UNIVERSIDADE ESTADUAL PAULISTA “JÚLIO DE MESQUITA FILHO”
FACULDADE DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E VETERINÁRIAS
CAMPUS DE JABOTICABAL**

**ESTUDO GENÉTICO E INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA
SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA**

Viviane Formice Vianna

Orientadora: Prof.^a Dr.^a Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadora: Prof.^a Dr.^a Janete Aparecida Desidério

Coorientador: Prof. Dr. Antonio Orlando Di Mauro

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

2013

Vianna, Viviane Formice
V617e Estudo genético e influência de caracteres na seleção de
genótipos superiores de soja / Viviane Formice Vianna. – –
Jaboticabal, 2013
xi, 92 p.; 28 cm

Tese (doutorado) - Universidade Estadual Paulista, Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias, 2013

Orientadora: Sandra Helena Unêda-Trevisoli

Coorientadora: Janete Aparecida Desidério

Coorientador: Antonio Orlando Di Mauro

Banca examinadora: Ana Cristina Pinto Juhász, José Baldin
Pinheiro, Ricardo Machado da Silva, Gustavo Vitti Moro

Bibliografia

1. *Glycine Max* (L) Merrill. 2. Univariada. 3. Multivariada. 4.
Produção de grãos. 5. Seleção. I. Título. II. Jaboticabal-Faculdade de
Ciências Agrárias e Veterinárias.

CDU 633.34:631.52

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

DADOS CURRICULARES DA AUTORA

Viviane Formice Vianna – nascida em 28 de setembro de 1975 em Osasco/SP. Ingressou em 1994 no curso de Ciências Biológicas do Centro Universitário de Araraquara (UNIARA), obtendo em 1998 o título de Bacharel. Em 2000 ingressou no curso de mestrado em Biotecnologia pelo Instituto de Química da Universidade Estadual Paulista, Câmpus Araraquara/SP, durante o esse período foi bolsista da Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP), obteve o título de mestre em Biotecnologia em 2002. No mesmo ano, trabalhou como técnica de laboratório no laboratório DNA Consult – Genética e Biotecnologia S/C Ltda, São Carlos/SP. No ano de 2004 assumiu o cargo de encarregada de laboratório de identificação de organismos geneticamente modificados (GMO) na empresa Superinsct Ltda, Santos/SP. Em março de 2009, iniciou o curso de doutorado em Agronomia, com Área de Concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, na Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Câmpus de Jaboticabal/SP. Durante o período de realização do curso foi bolsista da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES).

“Aproveita cada oportunidade para agir de forma elevada.

Há quem espere extraordinários momentos e ocasiões especiais, que possivelmente não chegarão.

Não será o que, faças que te tornará grande e importante, porém como faças cada coisa que te transformará em valioso.

A árvore gigante se origina em pequenina semente.

O Cosmo é resultado de partículas e moléculas invisíveis.

Torna-te grande nas pequeninas coisas, a fim de que não te apeques nas grandiosas.”

Joanna de Ângelis

DEDICO

A meu pai Onaldo (*in memoriam*) pelo exemplo de amor, determinação e honestidade, que são os pilares da minha vida.

A minha mãe Ema, pela dedicação, abnegação, pelos cuidados com a Maria Clara e principalmente por fazer dos meus sonhos seu objetivo de vida.

A Maria Clara, luz da minha vida, razão da minha existência, obrigada por me permitir amar sem limites, por compreender minhas ausências e pelo auxílio na contagem das vagens.

A Neide pelo carinho, por estar sempre ao meu lado me ajudando em todas as minhas dificuldades.

Ao Reginaldo pelo companheirismo, carinho e dedicação para que eu vencesse mais uma etapa.

AGRADECIMENTOS

Aos meus orientadores Sandra Helena Unêda-Trevisoli, Janete Aparecida Desidério e Antonio Orlando Di Mauro, pelos ensinamentos dispensados, incentivo e confiança que foram fundamentais na minha formação profissional e pessoal.

Minha eterna gratidão aos amigos que me auxiliaram na execução desse trabalho, Silviane Santiago, Kauê Charnai, José Arantes Ferreira Junior, Anderson Dallastra, Paulo Selestrino, Rubens (Faro) e Sr. Geraldo.

Aos Professores Rinaldo Cesar de Paula, Antonio Sergio Ferraudó e Gustavo Vitti Moro, pelo conhecimento transmitido para que eu pudesse realizar esse estudo.

As minhas amigas Roberta Borges dos Santos, Nadia Pita Figueiredo, Mariana Rosa Pazeto, Aretha Arcenio, Maria Natália Melloni e Claudia Denise Silva, pelas palavras de incentivo nos momentos mais difíceis dessa jornada.

A Selma (*in memoriam*) meu eterno carinho e agradecimento pela amizade. Essa vitória também é sua.

Aos amigos Daniel Carvalho Leite, Daniel Sordi, Eduardo Bizari, Elise de Matos Pereira, Fabiana Mota, Guilherme Sutil, Gustavo Peron, Guillermo Gomes, Livia, Lilian Cícero, Otavia Vilela, Rafael Finholdt, Renata Trindade, Sybelli Espindola, e Wellington Zanni, pelo apoio, amizade e momentos de alegria.

A Suélen Andrade e Glauconita Bello, assim como os meninos do CTA que me ajudaram na avaliação das plantas.

Ao Marcelo Escatolin e demais funcionários da fazenda pelo importante auxílio durante a execução dos experimentos.

Aos amigos do Departamento de Produção Vegetal, Mônica, Sr. Tito, Mauro, Gabi, Prof. Fornasieri e demais docentes pela assistência nas dificuldades e pelos momentos de descontração.

Ao grupo do Laboratório de Genética de Bactérias e Biotecnologia Aplicada por ter me acolhido e contribuído para minha formação. Agradeço especialmente a Camila Figueiredo, Suzana Marucci e Vivian Boter, pelo empenho em concretizar os objetivos do projeto inicial.

A Regiane Carvalho Lima e Marilena Peixoto que mesmo longe contribuem para a minha evolução pessoal.

Aos estagiários Maria de Lourdes, Chrystian, Maria Lígia, Lucilene e Lau pelo apoio e amizade.

Aos funcionários da seção de pós-graduação pela ajuda, paciência e compreensão das minhas falhas.

Aos funcionários da biblioteca pela disponibilidade em auxiliar sempre que necessário.

À CAPES pelo apoio financeiro.

Enfim a todos que contribuíram para a execução deste trabalho, meus sinceros agradecimentos.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
CAPÍTULO 1. CONSIDERAÇÕES GERAIS	1
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DE LITERATURA	2
2.1. Soja: descrição botânica e morfológica	2
2.2. Origem e expansão da soja.....	3
2.3. Importância econômica.....	4
2.4. Melhoramento Genético da Soja.....	5
2.5. Seleção.....	6
2.6. Caracteres Agronômicos.....	7
2.6.1. Produtividade.....	7
2.6.2. Ciclo.....	8
2.6.3. Altura da planta e da inserção da primeira vagem.....	9
2.6.4. Acamamento.....	9
2.6.5. Resistência a doenças.....	9
2.6.6. Valor agronômico.....	10
2.7. Parâmetros Genéticos.....	10
2.7.1. Herdabilidade.....	10
2.7.2. Ganhos por seleção.....	12
2.8. Análise Multivariada.....	12
2.8.1. Análise de componentes principais.....	13
2.8.2. Análise de agrupamento.....	14
3. REFERÊNCIAS	15
CAPÍTULO 2. ESTUDO GENÉTICO DE POPULAÇÕES DE SOJA COM FONTE DE RESISTÊNCIA Á FERRUGEM ASIÁTICA POR MEIO DE PARÂMETROS GENÉTICOS E FENOTÍPICOS	
RESUMO	21
1. INTRODUÇÃO	22

2. MATERIAL E MÉTODOS.....	23
2.1. Material genético	23
2.2. Local e condução dos experimentos.....	28
2.3. Caracteres avaliados.....	29
2.4. Análise estatística.....	29
2.4.1. Análise de variância.....	30
2.4.2. Herdabilidade.....	34
2.4.3. Ganhos por seleção.....	34
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	35
4. CONCLUSÕES.....	54
5. REFERÊNCIAS.....	54
CAPÍTULO 3. ABORDAGEM MULTIVARIADA E INFLUÊNCIA DE	
CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE	
SOJA	
RESUMO.....	59
1.INTRODUÇÃO.....	60
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	61
2.1. Material genético.....	61
2.2. Local e condução dos experimentos.....	67
2.3. Avaliação dos caracteres agronômicos.....	67
2.4. Análise estatística dos dados.....	68
2.4.1. Cálculo dos componentes principais.....	69
2.4.2. Análise de agrupamento.....	71
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	71
4. CONCLUSÕES.....	88
5. REFERÊNCIAS.....	88
CAPÍTULO 4. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	92

ESTUDO GENÉTICO E INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA

RESUMO - Os programas de melhoramento de soja visam principalmente o incremento na produtividade aliado a resistência a estresses bióticos e abióticos. O objetivo deste trabalho foi a seleção de progênies portadoras de genes de resistência à ferrugem asiática da soja, com caracteres agrônômicos de interesse, através de análises univariadas e multivariadas, e definir quais os principais caracteres que influenciaram no processo de seleção destes genótipos. Os experimentos foram realizados com as gerações F_4 e F_5 de soja conduzidos através do delineamento de blocos aumentados com testemunhas intercalares e a geração F_6 por blocos casualizados com duas repetições. Foram avaliadas as principais características de interesse agrônômico. Os resultados obtidos com os parâmetros genéticos identificaram maior variabilidade entre os genótipos do que dentro deles. A herdabilidade no sentido amplo e restrito entre genótipos também foi superior à herdabilidade dentro deles. A partir do índice de seleção foi possível realizar seleção entre os genótipos com ganhos principalmente nos componentes primários de produção da soja. Na análise de componentes principais na geração F_4 e F_5 três autovalores explicaram 85,17% e 83,82%, respectivamente, da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelas variáveis número de vagens, número de sementes, produção por planta, altura da inserção da primeira vagem, altura da planta na maturação e peso de cem sementes que permitiram a discriminação de genótipos com potencial produtivo. Na geração F_6 quatro autovalores explicaram 71,6% da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelas variáveis número de sementes, número de vagens, produção por planta, número de ramos, produtividade de grãos, altura da planta na maturação e peso de cem sementes permitiram discriminar genótipos com bons atributos agrônômicos com ênfase em produtividade. No dendrograma obtido, os genótipos da geração F_6 selecionados em componentes principais foram agrupados em um mesmo conjunto, com base na homogeneidade existente dentro dos grupos, foi realizada uma segunda seleção onde foram identificados genótipos com potencial produtivo. Concluiu-se com esse trabalho que a variabilidade é maior entre os genótipos, assim como a variância genética, o que permitiu a seleção com base nos caracteres relacionados à produtividade que propiciaram os maiores ganhos genéticos. As análises de componentes principais e de agrupamento permitiram a seleção dos genótipos superiores para caracteres de importância agrônômica em soja, principalmente para os componentes ligados à produção de grãos.

Palavras-chave: *Glycine max* (L). Merrill, análise univariada, análise multivariada, produção de grãos, seleção.

GENETIC STUDY AND INFLUENCE THE SELECTION OF CHARACTERS HIGH GENOTYPES SOYBEAN

ABSTRACT - The soybean breeding programs mainly target the increase in yield coupled with resistance to biotic and abiotic stresses. The objective of this work was the selection of progenies carrying resistance genes to soybean rust with agronomic traits of interest, using univariate and multivariate analyzes, and define what the main characters that influenced the selection process of these genotypes. The experiments were performed with generations F_4 and F_5 soybean conducted through augmented block with check interim F_6 generation and block design with two replications. We evaluated the main characteristics of agronomic interest. The results obtained with the parameters identified greater genetic variability among genotypes than within them. The broad-sense heritability and narrow between genotypes was also higher than the heritability within them. From the index selection was possible selection among genotypes with gains mostly in primary components of soybean production. In principal components analysis to generate F_4 and F_5 three eigenvalues explained 85.17% and 83.82%, respectively, of the variance contained in the original information, which are characterized by variable number of pods, number of seeds produced per plant, height first pod, plant height at maturity and weight of hundred seeds that allowed discrimination of genotypes with productive potential. In F_6 generation four eigenvalues explained 71.6% of the variance contained in the original information, which are characterized by variable number of seeds, number of pods, grain production per plant, number of branches, grain yield, plant height at maturity and weight of hundred seeds allowed to discriminate genotypes with good agronomic attributes with emphasis on yield. In dendrograma, the genotype of the F_6 selected principal components were grouped in the same set, based on the existing homogeneity within groups, there was a second selection where genotypes were identified with productive potential. It was concluded from this work that the variability is higher among genotypes, as well as the genetic variance, which allowed the selection based on traits related to yield that provided the greatest genetic gain. The principal component analysis and cluster analysis allowed the selection of superior genotypes for traits of agronomic importance in soybean, especially for components related to grain production.

Keywords: *Glycine max* (L). Merrill, univariate analyze, multivariate analyze, grain production, selection.

CAPÍTULO 1 - CONSIDERAÇÕES GERAIS

1. INTRODUÇÃO

A soja é o produto mais importante de exportação do agronegócio brasileiro. Na safra 2011/12 a exportação do complexo soja foi de 45.000 toneladas, arrecadando US\$ 23,43 milhões (ABIOVE, 2012). O grande interesse nessa cultura é resultante das diversas finalidades que o grão e seus subprodutos apresentam, sendo utilizada na alimentação humana de forma direta ou indireta, na agroindústria, na indústria química e têxtil e na geração de energia através do biodiesel (MISSÃO, 2006). Para o ano agrícola 2012/13 a área de plantio da soja corresponde a 27,35 milhões de hectares com uma expectativa de produção de 82,68 milhões de toneladas, sendo superior em 24,5% em relação ao ano 2011/12 (CONAB, 2013).

Neste contexto, é imprescindível o desenvolvimento de cultivares de soja com bons atributos agronômicos e que possuam resistência a estresses bióticos e abióticos. Um fator fundamental no processo de obtenção de linhagens de soja superiores consiste na avaliação dos genótipos em ensaios, quando fica caracterizado seu desempenho em relação a cultivares conhecidas com alto potencial produtivo e ampla adaptação (ALLIPRANDINI et al., 1993). Assim, através da seleção dos melhores genótipos de uma população, espera-se superar os patamares de produtividade de grãos das cultivares pré-existentes.

A obtenção de variabilidade para a realização de um processo seletivo que efetivamente resulte em ganhos genéticos significativos, é importante para o desenvolvimento de novas cultivares de soja. Desta forma, a estimativa de parâmetros genéticos assume papel preditivo para o direcionamento de programas de melhoramento em relação ao processo seletivo dos genótipos mais promissores (BÁRBARO, 2006).

O presente estudo possui como objetivo a seleção de progênies de soja superiores para caracteres agronômicos de interesse, através de estratégias de análises univariadas e multivariadas. Além disso, objetiva-se identificar quais os

principais caracteres agronômicos que influenciaram no processo de seleção destas progênies.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1. Soja: descrição botânica e morfológica

A soja pertencente à família *Fabaceae* (*Leguminosae*), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max*, sendo a forma cultivada *Glycine max* (L.) Merrill, é uma planta anual, herbácea, ereta, autógama e que apresenta variabilidade para as características qualitativas e quantitativas. A altura da planta varia de 30 a 200 cm, com número variado de ramificações. Seu desenvolvimento completo pode variar de 75 dias para as cultivares mais precoces a 200 dias para as mais tardias (MÜLLER, 1981).

As folhas primordiais que aparecem no nó acima dos cotilédones são unifoliadas e opostas, enquanto que as demais folhas das plantas são trifoliadas e de disposição alternada. O caule apresenta crescimento determinado ou indeterminado (GANDOLFI et al., 1983).

As flores são tipicamente papilionáceas e nascem em ráceros axiliares ou terminais. O número de flores produzidas é maior do que a quantidade que a planta pode converter efetivamente em vagens. Van Schaik e Probst (1958) reportam que uma planta pode emitir até 800 flores, com uma taxa de fertilização de 13 a 57%, dependendo do genótipo e das condições ambientais. O período total de florescimento também pode durar de três a mais de cinco semanas, dependendo do genótipo e do ambiente.

Para o caráter número de vagens, uma planta pode produzir até 400 vagens, mas em média os cultivares nacionais desenvolvem 30 a 80 vagens por planta (CÂMARA, 1998). O número de sementes por vagem varia de 1 a 4, sendo geralmente de 2 a 3.

Visando aumentar a precisão com que se descreve a planta ao longo do seu crescimento (fase vegetativa) e desenvolvimento (fase reprodutiva), Fehr e Caviness

(1977) estabeleceram os estádios de desenvolvimento para a cultura da soja (Tabela 1).

Tabela 1. Estádios fenológicos de plantas de soja, segundo Fehr e Caviness (1977).

Estádio	Descrição
Fase Vegetativa	
V _c	Da emergência a cotilédones abertos
V ₁	Primeiro nó; folhas unifolioladas abertas
V ₂	Segundo nó; primeiro trifólio aberto
V ₃	Terceiro nó; segundo trifólio aberto
V _n	Enésimo (último) nó com trifólio aberto, antes da floração
Fase reprodutiva	
R ₁	Início da floração
R ₂	Floração plena
R ₃	Início da formação de vagens
R ₄	Vagens completamente desenvolvidas
R ₅	Início da formação das sementes
R ₆	Vagens com granação completa, folhas verdes
R ₇	Início da maturação (50% de amarelecimento de folhas e vagens)
R ₈	Ponto de maturação de colheita

Fonte: Adaptado de Arantes et al., 1998.

2.2. Origem e expansão da soja

O gênero *Glycine* tem várias espécies originárias das regiões como África, Ásia e Austrália. Existem relatos de que a domesticação da soja teve início há cerca de 1.100 a.C. na região nordeste da China, sendo introduzida na Europa em 1740. A primeira referência da soja nos Estados Unidos da América do Norte foi em 1804, sendo até 1941, utilizada somente para alimentação animal (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

No Brasil a soja foi introduzida inicialmente pelo estado da Bahia em 1882, com cultivares originárias dos Estados Unidos da América que não apresentaram boa adaptação. Uma tentativa bem sucedida ocorreu em 1891 no Estado de São Paulo e no mesmo ano foi plantada no Rio Grande do Sul. Nas décadas subsequentes foi se expandindo para Santa Catarina, Minas Gerais e Goiás,

chegando a região Centro-Norte-Nordeste somente a partir da década de 1970 (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Por meio do melhoramento genético, o cultivo da soja se expandiu por todo o território nacional, tornando-se o produto agrícola de maior importância para a economia brasileira.

2.3. Importância econômica

A soja é a oleaginosa mais importante cultivada mundialmente. Atualmente o Brasil é o segundo maior produtor e exportador, sendo superado apenas pelos Estados Unidos. Na safra 2011/2012 a área plantada foi de 25,0 milhões de hectares, com uma produção de 66,37 milhões de toneladas (CONAB, 2012). Com destaque para o Mato Grosso que apesar das adversidades climáticas produziu nessa safra 22 milhões de toneladas, 4,8% superior a 2011, sendo este acréscimo determinado principalmente pelo aumento de áreas cultivadas (IBGE, 2012).

O interesse econômico da soja se deve a composição dos grãos que possuem aproximadamente 38% de proteínas, 19% de óleos e 27% de carboidratos (EMBRAPA, 2012). Essas características conferem à soja diversas aplicações na agroindústria, indústria química e de alimentos.

A soja pode ser utilizada na alimentação humana na forma de grãos inteiros, molho, leite e seus derivados. A lecitina obtida pela extração da goma do óleo de soja bruto é empregada como emulsificador na produção de produtos ricos em gorduras e óleos, como o chocolate, a margarina e os produtos de panificação. Pode também ser usada como agente estabilizador em banhas e como agente umectante para, por exemplo, cosméticos (MISSÃO, 2006).

O óleo de soja é rico em ácidos graxos poliinsaturados podendo ser usado como óleo de cozinha e para produção de maionese e margarinas. O óleo também apresenta aplicações industriais na fabricação de tinta de caneta, formulador de espumas, tinta de pintura em geral, xampu, sabões e detergentes (EMBRAPA, 2012).

O farelo de soja é usado como suplemento alimentar rico em proteína para criação de gado, suínos, aves domésticas e peixes na aquicultura. A farinha e o

concentrado de soja possuem grande importância em rações animais especiais. Na indústria alimentar é um importante ingrediente, na produção de cereais, pães, biscoitos e massas. A proteína texturizada de soja é utilizada como substituto da carne. Os usos técnicos dos ingredientes protéicos e da farinha de soja incluem revestimentos de papel e auxiliares de processos de fermentação (MISSÃO, 2006).

A casca da soja é retirada durante o descascamento inicial dos grãos e contém material fibroso, sendo usada como forragem grossa e também como fonte de fibras dietéticas de cereais matinais e de certos lanches prontos (MISSÃO, 2006). A indústria têxtil tem feito uso da soja como alternativa na produção de fibras biodegradáveis (ALVES; FURTADO; BERGAMIN, 2006).

Outra exploração recente da soja tem sido a utilização do seu óleo na geração de energia, com a produção de biodiesel. A utilização deste combustível resultará em impactos sócio-ambientais favoráveis como a redução nas emissões de CO₂ e de compostos poluentes como o óxido de enxofre e outros gases que contribuem para o efeito estufa (COSTA NETO et al., 2000; MIRAGAYA, 2006).

2.4. Melhoramento Genético da Soja

O melhoramento genético é um processo que procura alterar geneticamente as plantas visando atender às necessidades humanas. Há indícios que seu início tenha ocorrido há 9.000 anos. Tem como objetivo identificar e selecionar genótipos superiores quanto à produção, adaptação às condições ambientais variáveis, aperfeiçoamento de caracteres agrônômicos, resistência a insetos e principalmente resistência a doenças. (BUENO; MENDES; CARVALHO, 2006)

O primeiro passo no melhoramento de plantas é o cruzamento de indivíduos geneticamente divergentes. Várias estratégias de melhoramento podem ser utilizadas, tendo o melhorista que obter o maior ganho em um menor período de tempo e com custos baixos. Em seu auxílio pode fazer uso da genética quantitativa que permite prever o quanto conseguirá de ganho na geração seguinte de acordo com a estratégia escolhida (VENCOVSKY, 1987).

O melhoramento da soja pode ser subdividido em três etapas principais: escolha dos genitores e realização da hibridação; avanço de gerações e seleções

conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas e seleção das linhagens mais promissoras (MATTA, 2008). Para Sedyama; Teixeira e Reis (1999) esses programas devem focar os seguintes caracteres: adaptação quanto ao ciclo; hábito de crescimento; altura da planta e da inserção da primeira vagem; acamamento; deiscência das vagens; qualidade da semente; adaptação quanto ao nível de fertilidade do solo; resistência a doenças e pragas; aspectos qualitativos; tolerância a herbicida; produtividade e período juvenil longo.

Durante anos o melhoramento teve como foco principal o aumento da produtividade e demais características agrônômicas, sem avaliar a resistência a doenças, o que ao longo do tempo, pode eliminar genes de resistência (POLIZEL et al., 2010). Por esse motivo, uma das maiores contribuições do melhoramento da soja tem sido o desenvolvimento de cultivares resistentes a doenças (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 1999).

Um programa que tem como objetivo a resistência a doenças deve inicialmente identificar as fontes de gene de resistência (FERREIRA, 2006). Entretanto, esses alelos de resistência na maioria das vezes são encontrados em genótipos exóticos (PIs), que não apresentam bons atributos agrônômicos, sendo necessária a introdução dos genes de resistência em cultivares que apresentem os caracteres de interesse.

2.5. Seleção

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

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

Dentre os métodos de condução das populações segregantes de plantas autógamas há o genealógico ou “pedigree”, onde a seleção das melhores plantas é iniciada a partir da geração F_2 , nas gerações F_3 e F_4 é praticada a seleção entre e dentro de famílias, uma vez que já existem locos em homozigose, e a partir da geração F_5 ou F_6 , quando as linhagens apresentarem boa uniformidade, intensifica-se a seleção entre famílias (SEDIYAMA et al., 2005).

Outra forma de condução é através do método de seleção massal ou “bulk”, que consiste em selecionar as melhores plantas, com base em caracteres de alta herdabilidade, e colher as sementes em conjunto para produzir a geração seguinte, prosseguindo-se do mesmo modo até F_6 ou F_7 quando o grau de homozigose na população é consideravelmente alto e plantas individuais são selecionadas e suas progêneses passam a ser avaliadas em ensaios (BUENO, 2006).

O método SSD (Single Seed Descent ou Descendente de uma Única Semente), consiste na técnica de avanço de gerações, coletando-se uma semente por planta, sem efetuar seleção nas gerações iniciais de autofecundações. Ao atingir o nível desejado de homozigose, as plantas são colhidas individualmente e as linhas derivadas destas, são avaliadas para os caracteres de interesse (BUENO, 2006).

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

2.6. Caracteres Agronômicos

2.6.1. Produtividade

Um dos principais objetivos nos programas de melhoramento da soja é a seleção de genótipo com elevada produtividade de grãos sendo esta uma

característica quantitativa, controlada por diversos genes. Portanto é um caráter altamente influenciado pelas condições ambientais (REIS et al., 2001).

Os avanços genéticos obtidos e os atuais potenciais de produtividade são resultados do acúmulo progressivo de poligenes, além da avaliação de caracteres morfológicos e fisiológicos essenciais à adaptabilidade agrônômica e ambiental dos genótipos. Todos estes fatores são decisivos para que o potencial genético da produtividade de grãos *per se* seja expresso nos fenótipos (MEDEIROS, 2009).

2.6.2. Ciclo

O número de dias da emergência da plântula até a maturação das vagens é denominado de ciclo da soja, que pode variar de 70 a mais de 200 dias, dependendo do local e da época de semeadura. As cultivares de ciclo precoce geralmente são de porte baixo, ao passo que as de ciclo longo atingem maiores alturas podendo apresentar elevado grau de acamamento, o que dificulta a colheita mecanizada. A maioria das cultivares adaptadas para as condições brasileiras apresentam o ciclo em torno de 90 a 150 dias (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Devido à sensibilidade da soja ao fotoperíodo, a adaptabilidade de cada cultivar é alterada à medida que varia a latitude. Portanto, cada cultivar tem uma faixa limitada de adaptação em função do seu grupo de maturidade (EMBRAPA, 2011).

A classificação das cultivares é baseada na comparação com uma cultivar padrão para cada grupo de maturidade. No Brasil, classifica-se em cinco grupos denominados: precoce, semiprecoce, médio, semitardio e tardio.

Há uma grande diferença nas formas em que cada estado brasileiro tem classificado os grupos de maturidade, por isso atualmente uma nova proposta está sendo sugerida. Neste sistema de classificação de soja os grupos de maturidade variam de 0 a 10, ou seja, quanto maior é o seu número, mais próximo ao Equador será sua região de adaptação. No Brasil os grupos indicados variam de 5.5 a 10, sendo que para cada aumento de número depois do ponto tem-se de 1.5 a 2 dias a mais de ciclo (PENARIOL, 2000, ALLIPRANDI et al., 2009).

2.6.3. Altura da planta e da inserção da primeira vagem

A altura da planta e da inserção da primeira vagem é dependente do genótipo e de condições ambientais como época da sementeira, espaçamento entre e dentro das fileiras de plantas e fertilidade do solo. Essas características são de grande importância uma vez que influenciam na produtividade dos grãos, controle de plantas daninhas e eficiência no rendimento da colheita mecanizada (SEDIYAMA; TEIXEIRA; BARROS, 2009).

Para evitar perdas durante a utilização da colhedora são indicadas plantas com alturas entre 60 e 120 cm (REZENDE; CARVALHO, 2007), enquanto que o ideal para altura de inserção da primeira vagem é que esteja cerca de 10 a 12 cm acima da superfície de solos planos e cerca de 15 cm em solos mais inclinados, para que não ocorram perdas na colheita pela barra de corte (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

2.6.4. Acamamento

O acamamento é uma característica inerente à cultivar e muito influenciada pelo ambiente de cultivo, pela época de sementeira, pela latitude e altitude da região, pela densidade populacional de plantas e pelas condições climáticas. É maior em solos férteis, argilosos e mais úmidos do que em solos pobres e ou arenosos. O acamamento das plantas pode causar perdas de grãos durante a colheita mecanizada. Plantas altas e ou, de caule muito fino, tendem ao acamamento (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 2005).

2.6.5. Resistência a doenças

Diversos fatores influenciam a produtividade da soja, sendo as doenças o principal fator limitante. Com a expansão da cultura para novas fronteiras agrícolas, a intensificação da monocultura, a adoção de práticas inadequadas de manejo e a mudança do quadro de cultivares, têm aumentado o número de doenças e os níveis de danos causados por fungos, bactérias, vírus e nematóides (MEDEIROS, 2009).

Há cerca de 40 doenças que afetam a cultura da soja, da mais diversificada etiologia, podendo causar perdas de até 100%, ou seja, quando todos os órgãos da planta são atacados por algum tipo de patógeno (EMBRAPA, 2005).

A ferrugem asiática é considerada uma das doenças mais destrutivas e a que causa maiores danos em várias espécies de plantas da família Fabaceae, entre as quais se destaca a soja (REIS; BRESOLIN; CARMONA, 2006).

O uso de cultivares com resistência e,ou, tolerância a doenças é o método de controle mais eficiente e de menor custo para os produtores, além de ser o mais adequado às práticas de conservação do ambiente (LIMA et al., 2012).

Por isso, além das diversas características agronômicas, os programas de melhoramento visam cultivares que apresentam resistência a doenças, uma vez que controlados os patógenos, é possível incrementar a produtividade.

2.6.6. Valor agrônômico

O valor agrônômico é uma nota visual subjetiva atribuída pelo melhorista na avaliação fenotípica da planta, onde são considerados diversos caracteres como resistência a deiscência de vagem, resistência a fatores bióticos e abióticos, número de vagens, acamamento, dentre outros (PANDINI; VELO; LOPES, 2001).

2.7. Parâmetros Genéticos

A obtenção de estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos auxiliam na escolha do método de melhoramento mais apropriado para condução do programa. Além disso, também devem ser levados em conta, os caracteres que devem ser selecionados em etapas iniciais e avançadas e também o peso que deve ser atribuído a cada caráter, separadamente ou em conjunto (MEDEIROS, 2009).

2.7.1. Herdabilidade

A herdabilidade pode ser definida segundo três princípios: como medida de semelhança entre pai e filho; como porção genética no sentido amplo e como porção

genética no sentido restrito (JACQUARD, 1983). Ela não é apenas uma propriedade do caráter, mas da população e das condições ambientais a que foram submetidos os indivíduos da população. A herdabilidade fornece a proporção da variância genética presente na variância fenotípica total (RAMALHO; SANTOS; ZIMMERMANN, 1993).

Segundo Falconer e Mackay (1996), no sentido amplo a herdabilidade é definida como a razão da variância genotípica pela variância fenotípica, enquanto no sentido restrito, razão da variância genética aditiva pela variância fenotípica.

O coeficiente de herdabilidade, tanto no sentido amplo como no restrito, pode variar de zero a um. No caso de valor igual a um, as diferenças fenotípicas entre os indivíduos são causadas unicamente por diferenças genéticas entre os mesmos. Quando igual a zero, fornece indícios de que a variabilidade do caráter não tem origem genética. Nesse caso, não existe correlação alguma entre o valor genético e o valor fenotípico da unidade de seleção (ALLARD, 1971).

A herdabilidade varia de acordo com as mais diversas características agrônomicas, sendo os fatores que afetam as estimativas, o método utilizado para estimar o valor da herdabilidade, a diversidade na população, o nível de endogamia da população, o tamanho da amostra avaliada, o número e tipo de ambientes considerados, a unidade experimental considerada e a precisão na condução do experimento e da coleta de dados (BORÉM; MIRANDA, 2009). Uma vez que o valor da herdabilidade depende da magnitude de todos os componentes da variância, uma alteração em qualquer um deles afetará o valor da herdabilidade. Maiores variações das condições ambientais reduzem a herdabilidade, e maiores uniformidades das condições aumentam sua estimativa (FALCONER, 1987).

As estimativas de herdabilidade para caracteres economicamente importantes são necessárias para a escolha de uma estratégia eficaz de melhoramento genético, permitindo definir o momento em que a seleção será mais eficiente e qual a intensidade a ser aplicada (MUNIZ et al., 2002).

2.7.2 Ganhos por seleção

Os aspectos essenciais da maioria dos programas de melhoramento são a seleção dentro de uma população base constituída de indivíduos geneticamente variáveis e a utilização do material selecionado para a formação de novas populações. Assim, através da comparação entre a nova população e a população base, determina-se o avanço obtido com a seleção, dependente da quantidade de variabilidade genética da população base e da magnitude dos efeitos que a mascaram (componentes ambientais e de interação). Calculando-se o ganho com a seleção, obtém-se a diferença entre o valor genotípico médio das plantas selecionadas e o valor genotípico médio da população original, para um determinado caráter (ALLARD, 1971).

Visando aumentar à chance de êxito de um programa de melhoramento deve-se praticar a seleção simultânea de um conjunto de caracteres de importância econômica. Para tal objetivo, a utilização da teoria de índice de seleção é uma alternativa eficiente, pois permite combinar as múltiplas informações contidas na unidade experimental, de modo que seja possível a seleção com base em um complexo de variáveis que reúna vários atributos de interesse econômico. Desse modo, 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 (CRUZ; CARNEIRO, 2006).

2.8. Análise Multivariada

A análise multivariada refere-se às técnicas estatísticas que analisam simultaneamente múltiplas medidas sobre indivíduos ou objetos. As variáveis devem ser aleatórias e inter-relacionadas de tal forma que seus efeitos não podem ser significativamente interpretados em separado. Os métodos multivariados podem ser classificados quanto a relação das suas variáveis em dependentes ou interdependentes. Na técnica de dependência uma variável é identificada como a variável dependente a ser explicada por outras variáveis conhecidas como variáveis independentes, como na análise de regressão. A interdependência é técnica cujo

procedimento envolve a análise simultânea de todas as variáveis no conjunto, sem definir se a variável é independente ou dependente. Um exemplo desta categoria é a análise de componentes principais (HAIR et al., 2009). A análise de componentes principais tem sido utilizada como ferramenta em diversos estudos, dentre eles na avaliação de adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja (PELÚZIO et al., 2008) e na identificação de genótipos de soja resistentes a ferrugem asiática (MARTINS et al., 2007).

2.8.1. Análise de componentes principais

Dentre os métodos multivariados utilizados para reduzir a dimensionalidade dos dados, destaca-se a análise de componentes principais, cujo principal objetivo é explicar a estrutura de variâncias e covariâncias de uma matriz composta por p variáveis (JOHNSON; WICHERN, 2002).

A análise de componentes principais tem a finalidade de substituir um conjunto de variáveis correlacionadas por um conjunto de novas variáveis não correlacionadas, sendo essas combinações lineares das variáveis iniciais (VERDINELLI, 2009).

Para a determinação dos componentes principais, é necessário calcular a matriz de variância-covariância, ou a matriz de correlação (R), encontrar os autovalores e os autovetores e, por fim, escrever as combinações lineares, que serão as novas variáveis independentes entre si e estimadas com o propósito de reter, em ordem de estimação e em termos da variação total, contida nos dados iniciais (CRUZ; REGAZZI, 2001). Os componentes principais são ordenados em ordem decrescente da sua máxima variância, ou seja, o primeiro componente principal detém mais informação estatística que o segundo, que por sua vez tem mais informação estatística que o terceiro componente principal e assim por diante (MOITA NETO; MOITA, 1998).

Os autovetores, chamados de “loadings” (pesos) representam a contribuição com que cada um dos eixos originais entra na composição dos novos eixos, chamados de componentes principais. Os autovalores, por sua vez, representam a quantidade de variância original descrita pelos respectivos autovetores. Assim, o

primeiro autovetor (o primeiro componente principal) representa um eixo no qual os pontos ou objetos, possuem máxima variância, um eixo ao longo do qual os pontos se encontram dispersos de forma máxima. O segundo componente principal é ortogonal ao primeiro, sendo o segundo eixo de maior variância, isto é, o eixo com máxima quantidade de variância não explicada pelo primeiro autovetor. A figura, formada pela projeção dos objetos nas componentes principais, é denominada de gráfico dos escores. Suas coordenadas são obtidas a partir do produto da matriz de dados pela matriz de autovetores. Se os dois ou os três primeiros autovetores explicarem uma quantidade significativa da variância total, um gráfico de escores em que eles são as coordenadas pode providenciar projeções acuradas em poucas dimensões, do espaço original de maior dimensão (SILVA et al., 2005).

2.8.2. Análise de agrupamento

A análise de agrupamento tem como finalidade principal agregar objetos com base nas características que eles possuem, classificando-os de modo que cada objeto é semelhante aos outros no agrupamento. Os agrupamentos resultantes devem exibir elevada homogeneidade dentro dos grupos e elevada heterogeneidade entre os grupos (HAIR et al., 2009).

Há inúmeros métodos de agrupamento, que se distinguem pelo tipo de resultado a ser fornecido e pelas diferentes formas de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo já formado ou entre dois grupos quaisquer (CRUZ; CARNEIRO, 2006). Muitos são os algoritmos desenvolvidos para análise de agrupamentos e as duas abordagens principais são os métodos não hierárquicos e hierárquicos, sendo este último o mais utilizado.

Nos métodos hierárquicos a partir da matriz inicial de dados obtém-se uma matriz simétrica de similaridades e inicia-se a detecção de pares de indivíduos com a mais alta similaridade ou a mais baixa distância; para essa combinação, segundo níveis hierárquicos de similaridade, escolhe-se entre os diversos procedimentos aglomerativos de tal modo que cada ciclo de agrupamento obedeça a uma ordem sucessiva no sentido do decréscimo de similaridade. Na matriz inicial de coeficientes de similaridade estes representam o grau de semelhança entre pares de objetos e

os mesmos deverão ser arranjados de acordo com os respectivos graus de similaridade de modo a ficarem agrupados segundo uma disposição hierárquica. Os resultados quando organizados em gráfico, formam uma estrutura de árvore denominada dendrograma, mostrando as relações dos indivíduos agrupados (LANDIM, 2000).

Há diversos métodos de agrupamento, sendo que, a diferença entre eles está na forma de definir a proximidade entre um indivíduo e um grupo. Os métodos mais utilizados são: ligação simples, ligação completa, método não ponderado de agrupamento aos pares (UPGMA), método de Ward, dentre outros.

3. REFERÊNCIAS

ABIOVE. **Estatística Mensal do Complexo Soja - julho 2012** http://www.abiove.com.br/exporta_br.html. Acesso em 06 agosto de 2012.

ALLARD, R. W. **Princípios do melhoramento genético de plantas**. São Paulo, Edgar Blucer, 1971. 371p.

ALLIPRANDINI, L.F.; TOLEDO, J.F.F.; FONSECA JR, N.S.; KIIHL, R.A. S.; ALMEIDA, L.A. Ganho genético em soja no estado do Paraná, via melhoramento no período de 1985/86 a 1989/90. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.28, n.4, p489-497, 1993.

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

ALVES, S. A. M.; FURTADO, G. Q.; BERGAMIN, A. Influência das condições climáticas sobre a ferrugem da soja. In: ZAMBOLIM, L. *Manejo integrado: ferrugem da soja e doenças quarentenárias dos citros*. **Suprema**, Viçosa, 2006. p.37-59.

ARANTES, N.E.; PENNA, J.C.V.; SILVA, C.M. **Guia técnico de campo: Algodão e Soja**. Belo Horizonte: APSEMG, 1998. 176p.

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

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 5ªed. Viçosa: Viçosa, 2009. 529 p.

BUENO, L. C. S.; MENDES, A. N. G.; CARVALHO, S. P. **Melhoramento Genético de Plantas: princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2006. 319pg.

CÂMARA, G.M.S. **Soja: tecnologia e produção**. Piracicaba: Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Publique, 1998. 293p.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira. Grãos. Safra 2011/2012, Décimo Levantamento**. Disponível em: www.conab.gov.br. Acesso: 17 de julho de 2012.

CONAB. Companhia Nacional de Abastecimento. **Acompanhamento da Safra Brasileira. Grãos. Safra 2012/2013, Quarto Levantamento**. Disponível em: www.conab.gov.br. Acesso: 02 de fevereiro de 2013.

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

COSTA NETO, P.R.; ROSSI, L.F.S.; ZAGONEL, G.F.; RAMOS, L.P. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação de óleo de soja usado em frituras. **Química Nova**, São Paulo, v. 23, n. 4, 2000.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2.ed. Viçosa: UFV, 2006. 585p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001.

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

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil – 2006**. Londrina: Embrapa soja, 2005. 239p.

EMBRAPA. **Composição química média da soja em grão**. Disponível em <http://www.cnpsa.embrapa.br>. Acesso em 17 de julho de 2012.

EMBRAPA. **Cultivares de soja - 2011/2012 Região Centro-Sul do Brasil**. EMBRAPA Soja, Londrina, 2011.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 1987. 279p.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4 ed. New York: Longman, 1996, 464p.

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

FERREIRA, P.V. Melhoramento de plantas visando à resistência a doenças. In: **Melhoramento de plantas: resistência às doenças e aos insetos-praga**. Alagoas: Edufal, 2006. v.6, cap.1, p477-515.

GANDOLFI, V. H.; BÁN, A. D., VILHORDO, B. W.; MÜLLER L. **Soja: Planta, clima, pragas, moléstias e invasoras**. Vol 1 Fundação Cargil 1983. Cap 2. 463pg

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

IBGE. **Estatística da produção agrícola, junho de 2012**. Disponível em www.ibge.gov.br. Acesso em 06 de agosto de 2012.

JACQUARD, A. Heritability one word: three concepts. **Biometrics**, Washington, v.39, n.2, p.465-477, 1983.

JOHNSON, R. A.; WICHERN, D.W. **Applied multivariate statistical analysis**. 5. ed. New Jersey: Prentice Hall, 2002. 767p.

LANDIM, P.M.B. **Análise estatística de dados geológicos multivariados**. Lab. Geomatemática, DGA, IGCE, UNESP/ Rio Claro, Texto Didático 03, 128pp. 2000. Disponível em <http://www.rc.unesp.br/igce/aplicada/textodi.html>. Acesso em 20 de dezembro de 2012.

LIMA, W.F.; PRETE, C.E.C.; RIBEIRO, A.S.; TOLEDO, J.F.F. Resistance of soybean to Asian rust assessed by grain yield analysis. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.38, n.1, p.73-78, 2012.

MARTINS, J. A. S.; JULIATTI, F. C.; SANTOS, V. A.; POLIZEL, A. C.; JULIATTI, F. C. Período latente e uso da análise de componentes principais para caracterizar resistência parcial à ferrugem da soja. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v. 33, n.4, p.364-371, 2007.

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

MATTA, L. B. **Melhoramento genético da soja (*Glycine max* (L) Merrill) para baixo teor de ácido linolênico**. 2008, 58f. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2008.

MEDEIROS, A. G. **Parâmetros genéticos e potencial agrônômico de cruzamentos tipo adaptado x exótico em soja, com ênfase na reação à ferrugem asiática**. 2009, 157f. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2009.

MIRAGAYA, J.C.G. Biodiesel: Tendências no mundo e no Brasil. **Informe Agropecuário**, Belo Horizonte, v. 26, n.229, p. 7-13. 2006.

MISSÃO, M. R. SOJA: origem, classificação, utilização e uma visão abrangente do mercado. **Maringá Management: Revista de Ciências Empresariais**, v. 3, n.1 - p.7-15, 2006.

MOITA NETO, J. M.; MOITA, G. C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**, São Paulo, v.21, n.4, 1998.

MULLER, L. Morfologia, anatomia e desenvolvimento. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J. C. (Ed.). **A soja no Brasil**. Campinas: Instituto de Tecnologia de Alimentos, 1981, p. 73- 104.

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

PANDINI, F.; VELLO, N.A.; LOPES, A.C.A. Heterose para caracteres agronomicos e componentes da produtividade em soja. Piracicaba, 2001, 97p.

PENARIOL, A. **Soja: cultivares no lugar certo**. Informações agrônômicas nº 90. 2000.

PELÚZIO, J.M.; FIDELIS, R. R.; GIONGO, P. R.; SILVA, J. C.; CAPPELLARI, D.; BARROS, H. B. Análise de regressão e componentes principais para estudo da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, p.455-462, 2008.

POLIZEL, A. C.; JULIATTI, F.C. Resistência parcial de genótipos de soja quanto a ferrugem asiática sob inoculação artificial **ENCICLOPÉDIA BIOSFERA**, Centro Científico Conhecer, Goiânia, vol.6, n.11, p. 1, 2010.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M. J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicações no melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: UFG, 1993. 271p.

REIS, E.F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Resposta esperada à seleção correlacionada em uma população F₆ de soja. **Revista Ceres**, v. 48, n. 276, p.169-179, 2001.

REIS, E. M.; REIS, A. C.; CARMONA, M.; DANELLI, A. L. D. D. Ferrugem asiática. In: REIS, E. M., A. C. R. BRESOLIN, E M. CARMONA. **Doenças da soja**. Passo Fundo:Berthier,2012.

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

SEDIYAMA, T., TEIXEIRA, R. C.; REIS, M. S. Melhoramento da soja. In: BORÉM, A. (ed.) **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV. 808p. 1999

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

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

SILVA, J. B. P.; MALVESTITI, I.; HALLWASS, F.; RAMOS, M. N. Aplicação de análise de componentes principais para verificação de atribuições de sinais nos espectros de Rmn ¹H. O caso dos 3-aril (1,2,4)-oxadiazol-5-carboidrazida benzilidenos. **Química Nova**, São Paulo, v. 28, n. 3, p. 492-496, 2005.

VAN SCHAİK, P. H.; PROBST, A. H. Effects of some environmental factors on flower production and reproductive efficiency in soybeans. **Agronomy Journal**, v. 50, p. 192-197, 1958.

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

CAPÍTULO 2 - PARÂMETROS GENÉTICOS EM POPULAÇÕES DE SOJA CONSIDERANDO DIFERENTES GERAÇÕES SEGREGANTES

RESUMO - O presente trabalho foi realizado com o objetivo de avaliar genótipos avançados de soja, através da estimativa de parâmetros genéticos em diferentes anos agrícolas, visando um melhor direcionamento na fase final do processo seletivo. Três gerações de genótipos de soja portadores de resistência a ferrugem asiática foram avaliadas para as principais características agrônômicas. Os experimentos foram conduzidos através do delineamento de blocos aumentados com testemunhas intercalares na geração F_4 e F_5 e por blocos casualizados com duas repetições na geração F_6 . Através dos resultados obtidos verificou-se variabilidade entre os genótipos maximizando a homogeneidade dentro deles a cada geração avançada. A razão entre o coeficiente de variação genética e o coeficiente de variação experimental indicou uma situação favorável à seleção dos genótipos superiores. Nas três gerações a herdabilidade no sentido amplo e restrito entre genótipos foi superior à herdabilidade dentro deles. Os componentes primários de produção de soja foram os principais determinantes na seleção de genótipos a partir do índice de seleção baseado na soma de "ranks". Portanto, a variabilidade existente entre os genótipos permitiu a seleção principalmente com base nos caracteres relacionados à produção de grãos. A variância genética foi mais pronunciada entre os genótipos do que dentro deles. O peso de cem sementes apresentou a maior herdabilidade nas três gerações. Os caracteres produção de grãos por planta, número de vagens e número de sementes foram os que propiciaram o maior ganho genético com a seleção, sendo os maiores ganhos obtidos na geração F_5 .

Palavras-chave: herdabilidade, ganho genético, *Glycine max*, melhoramento genético, componentes de variância

1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de soja visam a obtenção de genótipos com superioridade agronômica, para isso buscam maximizar a variabilidade genética a fim de realizar um processo de seleção efetivo para atingir os seus objetivos.

Com esse intuito, o melhorista utiliza diversas ferramentas para estimar os parâmetros genéticos que vão auxiliá-lo na distinção dos genótipos que apresentam as características desejadas. O conhecimento da magnitude das estimativas de herdabilidade, dos coeficientes de correlação genética e fenotípica, além das estimativas de ganho esperado com a seleção, são de fundamental importância para a condução de um programa de melhoramento e a tomada de decisões (BORÉM; MIRANDA, 2009).

Segundo Vencovsky (1987), em qualquer ensaio, existem os componentes na variação de um caráter e que podem ser considerados essenciais: diferenças ambientais entre e dentro das parcelas e diferenças genéticas entre e dentro das parcelas. Considera-se principalmente as diferenças genéticas entre e dentro das parcelas, procurando minimizar os demais componentes para aumentar a eficiência de seleção.

Por outro lado, a grande variação na magnitude dos valores de herdabilidades encontrados na literatura evidencia a diferença existente entre populações de soja e induzem a necessidade de se obter estimativas de herdabilidade para cada população em particular, principalmente quando o objetivo for eficiência no processo seletivo (UNÊDA-TREVISOLI, 1999). Apesar das diferenças nas herdabilidades de uma característica, as estimativas existentes mostram que cada caráter apresenta uma amplitude de valores que lhe é peculiar (RAMALHO et al., 2000).

Aliado a esses parâmetros, é necessário predizer os avanços genéticos obtidos com o método de seleção adotado, por isso a utilização dos índices de seleção são importantes ferramentas para quantificar esse progresso. Dentre eles destacam-se os índices propostos por Elston (1963) (E-PEP) e Mulamba e Mock (1978), que de acordo com Cruz et al. (1993) citado por Neves et al. (2011), caracterizam-se por eliminar a necessidade de fixar pesos econômicos relativos às várias características e de estimar as variâncias e covariâncias fenotípicas e

genotípicas, que muitas vezes provocam distorções no índice clássico, em função da baixa precisão a que estão associadas.

Sendo assim, o objetivo do presente trabalho foi estimar parâmetros genéticos e fenotípicos em genótipos avançados de soja, visando um melhor direcionamento na fase final do processo seletivo.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético

Os genótipos utilizados no presente estudo foram previamente desenvolvidos a partir de cruzamentos entre genitores resistentes e suscetíveis à ferrugem asiática (COSTA, 2008). Os genitores resistentes ao patógeno correspondem a introduções de plantas (PI's) exóticas e os suscetíveis são cultivares já adaptados às condições brasileiras, com bom desempenho agrônomo para os caracteres relacionados à produção de grãos (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia e cruzamentos realizados entre parentais portadores de resistência à ferrugem asiática da soja (R) e portadores de bons atributos agrônômicos e comerciais (S) em soja, com os respectivos números atribuídos a cada cruzamento. Jaboticabal, SP.

Cruzamentos		Genealogia	
1	PI 200456 (R)	X	MGBR – 46 Conquista (S)
2	PI 200526 Shira Nui (R)	X	COODETEC 205 (S)
5	PI 200456 (R)	X	FT Cometa (S)

Os genótipos de soja resultantes do referido cruzamento, foram conduzidos pelo método genealógico, tendo ocorrido a seleção em gerações precoces dos genótipos resistentes a ferrugem asiática e com bons atributos agrônômicos. Os

Continuação Tabela 2

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
17	1/46-3-1-1	52	2/10-4-1-6	87	1/40-8-2-1	122	2/48-2-1-2
18	1/46-4-2-2	53	1/46-14-1-4	88	1/40-3-1-7	123	2/25-7-3-6
19	1/40-10-3-6	54	1/46-6-3-6	89	1/40-7-2-1	124	1/40-7-3-1
20	1/46-8-3-4	55	1/40-10-3-2	90	1/35-12-3-7	125	1/40-7-3-4
21	1/46-2-2-1	56	1/40-7-3-8	91	2/10-3-2-7	126	2/25-9-2-3
22	1/40-3-2-1	57	2/25-3-1-3	92	1/46-4-2-1	127	2/10-4-2-2
23	1/46-5-1-1	58	1/40-7-2-3	93	1/46-3-1-4	128	2/48-2-2-5
24	1/40-13-2-2	59	2/25-4-3-8	94	2/10-3-2-6	129	1/46-12-1-8
25	1/46-12-2-7	60	2/10-2-2-7	95	1/40-10-3-5	130	2/25-1-1-2
26	1/46-11-3-2	61	1/35-11-3-3	96	2/25-7-3-5	131	2/25-3-2-1
27	2/25-6-2-5	62	2/48-1-2-3	97	2/10-3-1-6	132	2/48-2-1-1
28	2/10-3-2-1	63	1/46-6-3-1	98	2/25-2-3-5	133	1/40-10-1-8
29	1/40-3-2-3	64	2/25-1-1-1	99	1/46-2-3-3	134	2/25-9-2-1
30	1/46-12-3-4	65	2/10-4-2-5	100	2/25-7-3-1	135	1/46-6-3-7
31	2/10-3-2-3	66	1/46-7-3-2	101	1/35-12-2-3	136	2/25-3-2-2
32	1/40-1-2-2	67	2/10-3-1-3	102	1/46-8-3-5	137	2/10-1-1-2
33	1/46-7-2-6	68	1/46-3-1-3	103	2/10-4-2-3	138	Conquista
34	1/46-5-1-3	69	1/46-12-2-2	104	1/46-8-3-2	139	CD-219
35	1/40-8-1-2	70	1/35-11-2	105	1/35-11-1-6		

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento que originou o genótipo (Tabela 1).

Geração F_5 - Ano agrícola 2010/11

O experimento foi realizado com 306 genótipos na geração F_5 (Tabela 3), sendo utilizado o delineamento experimental de famílias com testemunhas intercalares, seguindo o mesmo procedimento descrito para o ano agrícola 2009/10. Na geração anterior, a seleção foi realizada entre e dentro de fileiras, sendo originada uma progênie para cada planta selecionada. As testemunhas foram representadas pelas cultivares MG/BR-46 Conquista e Coodetec 205. No presente ano agrícola também foram avaliadas 8 plantas dentro de cada linha, com seleção das melhores progênies, sendo novamente aplicada uma intensidade de seleção de 10%.

Tabela 3. Identificação das 306 progênies F_5 com seus respectivos códigos e duas testemunhas (Gen.) de soja avaliadas. Jaboticabal, SP.

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
1	2/25-7-2-1-1	78	1/40-8-1-4-2	155	1/46-13-1-2-1	232	1/46-7-3-4-3
2	2/25-7-2-1-2	79	1/40-8-1-4-3	156	1/46-13-1-2-2	233	1/46-7-3-4-4
3	2/25-7-2-1-3	80	1/40-8-1-6-1	157	1/46-13-1-2-3	234	1/46-7-3-4-5
4	2/25-7-2-1-4	81	1/40-8-1-6-2	158	1/46-13-1-2-4	235	1/46-7-3-4-6
5	2/25-7-2-1-5	82	1/40-8-1-6-3	159	1/46-13-1-2-5	236	1/46-8-3-2-1
6	2/25-7-2-1-6	83	1/40-8-1-6-4	160	1/46-13-1-2-6	237	1/46-8-3-2-2

continua...

Continuação Tabela 3

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
7	2/25-7-2-1-7	84	1/40-8-1-6-5	161	1/46-14-1-4-1	238	1/46-8-3-2-3
8	2/25-7-2-1-8	85	1/40-8-3-2-1	162	1/46-14-1-4-2	239	1/46-8-3-2-4
9	1/35-11-1-7-1	86	1/40-8-3-2-2	163	1/46-14-1-4-3	240	1/46-8-3-4-1
10	1/35-11-1-7-2	87	1/40-8-3-2-3	164	1/46-14-1-4-4	241	1/46-8-3-4-2
11	1/35-11-1-7-3	88	1/40-8-3-2-4	165	1/46-14-1-4-5	242	1/46-8-3-4-3
12	1/35-11-1-7-1	89	1/40-8-3-2-5	166	1/46-14-3-1-1	243	1/46-8-3-4-4
13	1/35-11-1-7-5	90	1/40-8-3-2-6	167	1/46-14-3-1-2	244	1/46-8-3-4-5
14	1/35-11-1-7-6	91	1/40-8-3-2-7	168	1/46-14-3-1-3	245	1/46-8-3-4-6
15	1/35-11-1-7-7	92	1/40-8-3-2-8	169	1/46-14-3-1-4	246	1/46-8-3-4-7
16	1/35-11-1-8-1	93	1/46-11-3-2-1	170	1/46-14-3-1-5	247	1/46-8-3-4-8
17	1/35-11-1-8-2	94	1/46-11-3-2-2	171	1/46-14-3-1-6	248	1/46-8-3-5-1
18	1/35-11-1-8-3	95	1/46-11-3-2-3	172	1/46-14-3-1-7	249	1/46-8-3-5-2
19	1/35-11-1-8-4	96	1/46-11-3-2-4	173	1/46-14-3-1-8	250	1/46-8-3-5-3
20	1/35-11-1-8-5	97	1/46-11-3-2-5	174	1/46-2-3-1-1	251	1/46-8-3-5-4
21	1/35-11-1-8-6	98	1/46-12-1-6-1	175	1/46-2-3-1-2	252	1/46-8-3-5-5
22	1/35-11-1-8-7	99	1/46-12-1-6-2	176	1/46-2-3-1-3	253	1/46-8-3-5-6
23	1/35-11-3-1-1	100	1/46-12-1-6-3	177	1/46-2-3-1-4	254	1/81-1-1-1-1
24	1/35-11-3-1-2	101	1/46-12-1-6-4	178	1/46-2-3-1-5	255	1/81-1-3-1-1
25	1/35-11-3-1-3	102	1/46-12-1-6-5	179	1/46-2-3-1-6	256	1/81-5-1-1-1
26	1/35-11-3-1-4	103	1/46-12-1-6-6	180	1/46-2-3-2-1	257	1/81-5-1-5-1
27	1/40-10-3-6-1	104	1/46-12-1-6-7	181	1/46-2-3-2-2	258	1/81-5-1-8-1
28	1/40-10-3-6-2	105	1/46-12-1-8-1	182	1/46-2-3-2-3	259	1/81-5-3-1-1
29	1/40-10-3-6-3	106	1/46-12-1-8-2	183	1/46-2-3-2-4	260	1/81-6-2-7-1
30	1/40-10-3-6.1	107	1/46-12-1-8-3	184	1/46-2-3-2-5	261	1/81-9-3-11-1
31	1/40-10-3-6-5	108	1/46-12-1-8-4	185	1/46-2-3-3-1	262	1/87-18-2-2-1
32	1/40-10-3-6-6	109	1/46-12-2-1-1	186	1/46-2-3-3-2	263	1/87-18-2-6-1
33	1/40-10-3-6-7	110	1/46-12-2-1-2	187	1/46-2-3-3-3	264	1/87-18-3-11-1
34	1/40-1-2-2-1	111	1/46-12-2-1-3	188	1/46-2-3-3-4	265	2/48-2-1-2-1
35	1/40-1-2-2-2	112	1/46-12-2-1-4	189	1/46-2-3-3-5	266	2/48-2-1-2-2
36	1/40-1-2-2-3	113	1/46-12-2-1-5	190	1/46-2-3-3-6	267	2/48-2-1-2-3
37	1/40-1-2-2-4	114	1/46-12-2-1-6	191	1/46-3-1-1-1	268	2/48-2-1-2-4
38	1/40-1-2-2-5	115	1/46-12-2-1-7	192	1/46-3-1-1-2	269	2/48-2-1-2-5
39	1/40-1-2-2-6	116	1/46-12-2-2-1	193	1/46-3-1-1-3	270	2/48-2-1-2-6
40	1/40-1-2-2-7	117	1/46-12-2-2-2	194	1/46-3-1-1-4	271	2/48-2-2-4-1
41	1/40-1-2-2-8	118	1/46-12-2-2-3	195	1/46-3-1-1-5	272	2/48-2-2-4-2
42	1/40-3-3-1-1	119	1/46-12-2-2-4	196	1/46-3-1-1-6	273	2/48-2-2-4-3
43	1/40-3-3-1-2	120	1/46-12-2-2-5	197	1/46-4-2-1-1	274	2/48-2-2-4-4
44	1/40-3-3-1-3	121	1/46-12-2-2-6	198	1/46-4-2-1-2	275	2/48-2-2-4-5
45	1/40-3-3-1-4	122	1/46-12-2-2-7	199	1/46-4-2-1-3	276	2/48-2-2-4-6
46	1/40-3-3-1-5	123	1/46-12-2-3-1	200	1/46-4-2-1-4	277	2/48-2-2-4-7
47	1/40-3-3-1-6	124	1/46-12-2-3-2	201	1/46-4-2-1-5	278	2/48-2-2-5-1
48	1/40-3-3-1-7	125	1/46-12-2-3-3	202	1/46-4-2-1-6	279	2/48-2-2-5-2
49	1/40-3-3-2-1	126	1/46-12-2-3-4	203	1/46-5-1-3-1	280	2/48-2-2-5-3
50	1/40-3-3-2-2	127	1/46-12-2-3-5	204	1/46-5-1-3-2	281	2/48-2-2-5-4
51	1/40-3-3-2-3	128	1/46-12-2-3-6	205	1/46-5-1-3-3	282	2/48-2-2-5-5
52	1/40-3-3-2-4	129	1/46-12-2-5-1	206	1/46-5-1-3-4	283	2/48-2-2-5-6
53	1/40-3-3-2-5	130	1/46-12-2-5-2	207	1/46-5-1-3-5	284	5/136-11-1-10-1

Continua...

Continua Tabela 3

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
54	1/40-3-3-2-6	131	1/46-12-2-5-3	208	1/46-5-1-4-1	285	5/136-11-1-12-1
55	1/40-4-2-3-1	132	1/46-12-2-5-4	209	1/46-5-1-4-2	286	5/136-11-1-9-1
56	1/40-4-2-3-2	133	1/46-12-2-5-5	210	1/46-5-1-4-3	287	5/136-11-3-10-1
57	1/40-4-2-3-3	134	1/46-12-2-5-6	211	1/46-5-1-4-4	288	5/136-11-3-11-1
58	1/40-4-2-3-4	135	1/46-12-2-5-7	212	1/46-5-1-4-5	289	5/136-11-3-12-1
59	1/40-4-2-3-5	136	1/46-12-2-5-8	213	1/46-5-1-4-6	290	5/136-11-3-3-1
60	1/40-4-2-3-6	137	1/46-12-2-6-1	214	1/46-5-1-4-7	291	5/136-11-3-7-1
61	1/40-4-2-3-7	138	1/46-12-2-6-2	215	1/46-5-2-3-1	292	5/136-11-3-8-1
62	1/40-4-2-3-8	139	1/46-12-2-6-3	216	1/46-5-2-3-2	293	5/136-11-3-9-1
63	1/40-7-3-4-1	140	1/46-12-2-6-4	217	1/46-5-2-3-3	294	5/136-13-3-3-1
64	1/40-7-3-4-2	141	1/46-12-2-6-5	218	1/46-5-2-3-4	295	5/136-20-3-1-1
65	1/40-7-3-4-3	142	1/46-12-2-7-1	219	1/46-6-3-2-1	296	5/136-20-3-10-1
66	1/40-7-3-4-4	143	1/46-12-2-7-2	220	1/46-6-3-2-2	297	5/136-20-3-2-1
67	1/40-7-3-4-5	144	1/46-12-2-7-3	221	1/46-6-3-2-3	298	5/136-20-3-4-1
68	1/40-7-3-4-6	145	1/46-12-2-7-4	222	1/46-6-3-2-4	299	5/136-20-3-5-1
69	1/40-7-3-4-7	146	1/46-12-2-7-5	223	1/46-6-3-2-5	300	5/136-20-3-6-1
70	1/40-8-1-2-1	147	1/46-12-2-7-6	224	1/46-6-3-2-6	301	5/136-20-3-8-1
71	1/40-8-1-2-2	148	1/46-12-3-2-1	225	1/46-6-3-2-7	302	5/136-20-3-9-1
72	1/40-8-1-2-3	149	1/46-12-3-2-2	226	1/46-7-3-2-1	303	5/136-5-2-1-1
73	1/40-8-1-2-4	150	1/46-12-3-2-3	227	1/46-7-3-2-2	304	5/136-5-2-5-1
74	1/40-8-1-2-5	151	1/46-12-3-4-1	228	1/46-7-3-2-3	305	5/136-5-3-4-1
75	1/40-8-1-2-6	152	1/46-12-3-4-2	229	1/46-7-3-2-4	306	5/136-5-3-7-1
76	1/40-8-1-2-7	153	1/46-12-3-4-3	230	1/46-7-3-4-1	307	Conquista
77	1/40-8-1-4-1	154	1/46-12-3-4-4	231	1/46-7-3-4-2	308	CD-219

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento do genótipo.

Geração F₆ - Ano agrícola 2011/12

O presente experimento foi constituído por 90 genótipos na geração F₆ (Tabela 4) e duas repetições, sendo avaliados no delineamento experimental de blocos casualizados, sendo que, cada parcela foi constituída por duas linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m.. As duas linhas foram consideradas como área útil, excluindo 0,5 m de cada extremidade. As testemunhas utilizadas foram as cultivares comerciais Coodetec 207, Coodetec 216, Coodetec 219, MG/BR-46 Conquista e V-Max. Foram avaliadas 10 plantas de cada parcela, com seleção das progênes superiores (cerca de 5% de intensidade de seleção).

Tabela 4. Identificação das 90 progênes F₆ com seus respectivos códigos e cinco testemunhas (Gen.) de soja avaliadas. Jaboticabal, SP.

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
1	2/25-7-2-1-2-1	25	1/40-8-3-2-1-1	49	1/46-2-3-2-1-1	73	1/81-1-1-1-1-1
2	2/25-7-2-1-4-1	26	1/46-12-1-8-3-1	50	1/46-2-3-3-1-1	74	1/81-1-3-1-1-1
3	1/35-11-1-7-5-1	27	1/46-12-2-1-4-1	51	1/46-2-3-3-5-1	75	1/81-5-1-1-1-1
4	1/35-11-1-7-4-1	28	1/46-12-2-1-1-1	52	1/46-2-3-3-6-1	76	1/81-5-1-8-1-1
5	1/35-11-1-7-7-1	29	1/46-12-2-1-3-1	53	1/46-2-3-3-2-1	77	1/81-6-2-7-1-1
6	1/35-11-1-8-4-1	30	1/46-12-2-3-6-1	54	1/46-3-1-1-1-1	78	1/81-9-3-11-1-1
7	1/35-11-1-8-1-1	31	1/46-12-2-2-5-1	55	1/46-3-1-1-2-1	79	1/87-18-2-2-1-1
8	1/35-11-3-1-3-1	32	1/46-12-2-3-2-1	56	1/46-5-1-3-5-1	80	1/87-18-3-11-1-1
9	1/40-10-3-6-3-1	33	1/46-12-2-3-5-1	57	1/46-5-1-3-2-1	81	2/48-2-1-2-1-1
10	1/40-10-3-6-1-1	34	1/46-12-2-6-5-1	58	1/46-5-1-4-3-1	82	2/48-2-2-4-5-1
11	1/40-10-3-6-5-1	35	1/46-12-2-6-2-1	59	1/46-5-1-4-1-1	83	2/48-2-2-4-3-1
12	1/40-10-3-6-7-1	36	1/46-12-2-7-6-1	60	1/46-5-1-4-7-1	84	5/136-11-3-11-1-1
13	1/40-1-2-2-7-1	37	1/46-12-2-7-3-1	61	1/46-5-2-3-4-1	85	5/136-11-3-3-1-1
14	1/40-1-2-2-6-1	38	1/46-12-2-7-2-1	62	1/46-6-3-2-2-1	86	5/136-20-3-1-1-1
15	1/40-3-3-1-1-2	39	1/46-12-3-2-3-1	63	1/46-6-3-2-6-1	87	5/136-20-3-2-1-1
16	1/40-4-2-3-2-1	40	1/46-12-3-4-7-1	64	1/46-8-3-2-2-1	88	5/136-20-3-7-1-1
17	1/40-7-3-4-6-1	41	1/46-12-3-4-3-1	65	1/46-8-3-2-1-1	89	5/136-20-3-8-1-1
18	1/40-7-3-4-1-1	42	1/46-14-1-4-4-1	66	1/46-8-3-5-8-1	90	5/136-5-3-7-1-1
19	1/40-7-3-4-7-1	43	1/46-14-1-4-1	67	1/46-8-3-5-3-1	91	CD 207
20	1/40-8-1-2-6-1	44	1/46-14-3-1-2-1	68	1/46-8-3-5-1-1	92	CD 216
21	1/40-8-1-2-3-1	45	1/46-14-3-1-8-1	69	1/46-8-3-5-2-1	93	CD 219
22	1/40-8-1-4-3-1	46	1/46-14-3-1-7-1	70	1/46-8-3-5-4-1	94	CONQ
23	1/40-8-1-6-3-1	47	1/46-2-3-1-4-1	71	1/46-8-3-5-7-1	95	V-Max
24	1/40-8-1-6-5-1	48	1/46-2-3-1-6-1	72	1/46-8-3-5-6-1		

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento do genótipo.

2.2. Local e condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da UNESP/FCAV, situada na cidade de Jaboticabal-SP. O solo predominante do local é do tipo Latossolo Vermelho Eutrófico. O município de Jaboticabal localiza-se na Região Nordeste do Estado de São Paulo, a 21° 15' 22" de latitude sul e 48° 18' 58" de longitude oeste, e a 595 metros de altitude, com índice pluviométrico médio anual de 1451 mm. O clima é subtropical temperado, com verão quente e úmido, inverno seco e temperatura média anual de 22,2° C (KOPPEN, 1948).

A área foi preparada com uma aração profunda e duas gradagens, a semeadura ocorreu manualmente. Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2010).

2.3. Caracteres avaliados

Os genótipos foram avaliados para os principais caracteres agrônômicos observados da cultura da soja, no estágio R₈ de desenvolvimento das plantas, conforme a escala de Fehr e Caviness (1977), a saber:

- Altura da planta na maturidade (APM): distância compreendida entre a superfície do solo, até a extremidade da haste principal, na ocasião da maturação, sendo expressa em cm;
- Altura da inserção da primeira vagem (AIV): distância entre a superfície do solo e a inserção da primeira vagem, expressa em cm;
- Número de vagens (NV): caráter obtido através da contagem das vagens totais presentes em uma planta;
- Número de sementes (NS): caráter obtido através da contagem das sementes totais presentes em uma planta;
- Número de ramos (NR): caráter obtido através da contagem do número de ramos das plantas;
- Peso de cem sementes (PCS): caráter obtido através da contagem de 100 sementes de uma mesma planta com posterior pesagem das mesmas, sendo expresso em gramas;
- Produção de grãos por planta (PP): caráter obtido através do peso dos grãos produzidos por cada planta individual (gramas);

2.4. Análises estatísticas

Todas as análises foram realizadas pelo Programa Genes, versão 2009 (CRUZ, 2009).

2.4.1. Análise de variância

2.4.1.1. Estimativas de variância para avaliações em experimentos de genótipos com testemunhas intercalares

As análises de variâncias foram realizadas para cada caráter de acordo com o modelo estatístico de famílias e testemunhas intercalares, sugerido por Cruz (2001):

$$Y_{ij} = \mu + f_i + e_i + p_{ij} + \delta_{ij}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} é a observação relativa à j -ésima planta do i -ésimo genótipo;

μ é a média geral da geração (testemunha ou genótipo);

f_i é o efeito genético atribuído à i -ésimo genótipo;

e_i é o efeito ambiental entre fileiras (de uma testemunha ou de genótipos);

p_{ij} é o efeito genético atribuído à j -ésima planta do i -ésimo genótipo;

δ_{ij} é o efeito ambiental entre plantas dentro de fileiras (de uma testemunha ou de genótipos).

Os componentes de variância fenotípica, genotípica e ambiental foram estimados a partir dos quadrados médios entre e dentro de parcelas referentes às testemunhas e às linhas segregantes.

A variância ambiental refere-se a estimativa com base na variação fenotípica entre as repetições das testemunhas intercalares, sendo:

Variância ambiental entre (σ_{ae}^2)

$$\sigma_{ae}^2 = \frac{(r1 - 1) QMEp1 + (r2 - 1) QMEp2}{r1 + r2 - 2}$$

Variância ambiental dentro (σ_{ad}^2)

$$\sigma_{ad}^2 = \frac{(r1p - r1) QMDp1 + (r2p - r2) QMDp2}{p(r1 + r2) - r1 - r2}$$

Onde:

r_1 e r_2 : número de repetições das testemunhas 1 e 2, respectivamente;

p_1 e p_2 : número de plantas por testemunhas 1 e 2;

QME: quadrado médio entre repetições das testemunhas;

QMD: quadrado médio entre plantas dentro das repetições das testemunhas.

As variâncias genóticas entre e dentro de genótipos foram estimadas a partir da diferença entre a variância fenotípica e ambiental, de acordo com:

Variância genotípica entre (σ_{ge}^2)

$$\sigma_{ge}^2 = \sigma_{fe}^2 - \sigma_{ae}^2$$

Variância genotípica dentro (σ_{gd}^2)

$$\sigma_{gd}^2 = \sigma_{fd}^2 - \sigma_{ad}^2$$

Onde:

σ_{fd}^2 : variância fenotípica entre plantas dentro de genótipos;

σ_{fe}^2 : variância fenotípica entre genótipos;

σ_{gd}^2 : variância genotípica entre plantas dentro de genótipos;

σ_{ge}^2 : variância genotípica entre genótipos.

A variância genotípica total foi decomposta em variância aditiva (σ_A^2) e variância dominante (σ_D^2), por intermédio das expressões de sua distribuição entre e dentro de genótipos autofecundadas, conforme Falconer e Mackay (1996):

$$\sigma_{ge}^2 = 2F_n \cdot \sigma_A^2 + F_n (1 - F_n) \cdot \sigma_D^2$$

$$\sigma_{gd}^2 = (1 - F_n) \cdot \sigma_A^2 + (1 - F_n) \cdot \sigma_D^2$$

Sendo F_n o coeficiente de endogamia, onde para a geração $F_4 = 3/4$ (75%) e $F_5 = 7/8$ (87,5%).

2.4.1.2. Estimativas de variância para avaliações em experimentos de blocos ao acaso

A análise de variâncias de blocos ao acaso foi realizada segundo o modelo estatístico sugerido por Cruz (2006):

$$Y_{ijk} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij} + \delta_{ijk}, \text{ em que:}$$

Y_{ij} é a observação no k-ésimo indivíduo, avaliado no i-ésimo genótipo da j-ésima repetição;

μ é a média geral do experimento;

g_i é o efeito do genótipo i;

b_j é o efeito do bloco;

ε_{ij} é o efeito da parcela ij;

δ_{ijk} é o efeito do indivíduo k, do i-ésimo genótipo do j-ésimo bloco.

A partir das informações entre e dentro de cada parcela foram estimados os componentes das variâncias, conforme os modelos a seguir:

Variância fenotípica entre (σ^2_{fe})

$$\sigma^2_{fe} = \text{QMT}/rn$$

Variância fenotípica dentro (σ^2_{fd})

$$\sigma^2_{fd} = \text{QMD}, \text{ sendo:}$$

QMT: quadrado médio do tratamento (genótipo);

QMD: quadrado médio dentro das parcelas;

r: número de blocos (repetição);

n: número de plantas avaliadas.

Variância genotípica entre (σ^2_{ge})

$$\sigma^2_{ge} = \text{QMT} - \text{QME}/rn$$

Variância genotípica dentro (σ_{gd}^2)

$$\sigma_{gd}^2 = \sigma_{fd}^2 - \sigma_{ad}^2, \text{ onde:}$$

QMT: quadrado médio do tratamento (genótipo);

QME: quadrado médio entre as parcelas;

r: número de blocos (repetição);

n: número de plantas avaliadas;

σ_{fd}^2 : variância fenotípica dentro de parcelas;

σ_{ad}^2 : variância ambiental dentro de parcelas.

Variância ambiental entre (σ_{ae}^2)

$$\sigma_{ae}^2 = \sigma_{fe}^2 - \sigma_{ge}^2$$

Variância ambiental dentro (σ_{ad}^2)

$$\sigma_{ad}^2 = \sigma_{fd}^2 - \sigma_{gd}^2, \text{ sendo:}$$

σ_{fe}^2 : variância fenotípica entre parcelas;

σ_{ge}^2 : variância genotípica entre parcelas;

σ_{fd}^2 : variância fenotípica dentro de parcelas;

σ_{gd}^2 : variância genotípica dentro de parcelas.

A partir de tais inferências, foi possível estimar as variâncias aditiva (σ_A^2) e causada pelos desvios da dominância (σ_D^2), a partir da decomposição da variância genética total e o coeficiente de endogamia F_n (FALCONER, 1987). Foi considerado F_n na geração F_6 igual a 15/16 (93,75%).

Variância aditiva:

$$\sigma_A^2 = \frac{\sigma_{ge}^2 - F_n \sigma_{gd}^2}{F_n (1 + F_n)}$$

2.4.2. Herdabilidade

A partir dos dados obtidos foram estimados os coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, entre e dentro de parcelas. Como demonstrado a seguir:

a) Herdabilidade no sentido amplo:

- Entre genótipos:

$$h^2_{ae} = \frac{\sigma_{ge}^2}{\sigma_{fe}^2}$$

- Dentro de genótipos:

$$h^2_{ad} = \frac{\sigma_{gd}^2}{\sigma_{fd}^2}$$

b) Herdabilidade no sentido restrito:

- Entre genótipos: $h^2_{re} = \frac{\sigma_{ae}^2}{\sigma_{fe}^2} = \frac{2Fn\sigma_a^2}{\sigma_{fe}^2}$

- Dentro de genótipos: $h^2_{rd} = \frac{\sigma_{ad}^2}{\sigma_{fd}^2} = \frac{(1-Fn)\sigma_a^2}{\sigma_{fd}^2}$

- Total: $h^2_{rt} = \frac{\sigma_{at}^2}{\sigma_{ft}^2} = \frac{(1+Fn)\sigma_a^2}{\sigma_{ft}^2}$

2.4.3. Ganhos por seleção

O índice de seleção utilizado foi o de Mulamba e Mock (1978) que consiste em classificar os genótipos em relação a cada um dos caracteres, em ordem favorável ao melhoramento. A seguir, são somadas as ordens de cada material resultando no índice de seleção, como descrito a seguir $I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$, sendo que I é o valor do índice para determinado indivíduo ou família; r_j é a classificação (ou "rank") de um indivíduo em relação ao j -ésimo caráter e n é o número de caracteres considerado no índice (COSTA et al., 2004).

Para estimar os ganhos entre os genótipos utilizou-se a seguinte expressão (CRUZ, 2006):

$$GS = h_{re}^2 DS \quad \text{e} \quad GS\% = 100GS/\bar{X}_0, \text{ sendo:}$$

GS= ganho de seleção;

DS = $\bar{X}_s - \bar{X}_0$: diferencial de seleção e,

\bar{X}_s : média dos genótipos selecionados;

\bar{X}_0 : média original da população sob seleção;

h_{re}^2 : herdabilidade no sentido restrito, entre genótipos.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Os genótipos de soja analisados na geração F₄ (ano agrícola 2009/10) apresentaram significância apenas para os caracteres AIV e PCS, sendo significativos pelo teste F a 1% de probabilidade (Tabela 5). Nos anos subsequentes todas as características avaliadas foram significativas, demonstrando existir variabilidade entre os genótipos estudados, possibilitando a obtenção de ganhos genéticos. Na geração F₅ (ano agrícola 2010/11), os genótipos apresentaram diferença significativa a 1% de probabilidade para os caracteres APM, AIV, NR, NV e PCS (Tabela 6). Para a geração F₆ (ano agrícola 2011/12) foram observadas diferenças significativas a 1% para APM, AIV, NR, NS, PCS e PP (Tabela 7). Diferenças significativas ao nível de 5% de probabilidade foram obtidas para os caracteres NS e PP na geração F₅ e para NV na geração F₆ (Tabelas 6 e 7).

Tabela 5. Resumo da análise de variância referente aos caracteres altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F₄ de soja. Jaboticabal, ano agrícola 2009/10.

Quadrados Médios								
Fontes de Variação	GL	APM (CM)	AIV (CM)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
Genótipos	136	78,94 ^{ns}	32,01 ^{**}	0,46 ^{ns}	164,48 ^{ns}	608,82 ^{ns}	14,33 ^{**}	15,30 ^{ns}
Testemunhas	1	505,75 [*]	0,003 ^{ns}	8,03 ^{**}	24,14 ^{ns}	1302,89 ^{ns}	0,78 ^{ns}	22,86 ^{ns}
Resíduo	26	7,32	14,32	0,31	131,44	567,83	3,04	12,11
σ^2_f		78,94	32,01	0,46	164,48	608,82	14,33	15,303
σ^2_a		77,32	14,320	0,31	131,44	567,83	3,04	12,11
σ^2_g		1,62	17,693	0,15	33,03	40,98	11,29	3,18
Média Geral		82,80	18,87	2,76	44,70	84,68	13,61	11,42
Média Genótipos		81,81	18,05	2,75	45,31	84,85	14,05	11,77
Média Testemunhas		87,67	22,88	2,82	41,71	83,89	11,43	9,7
CVg (%)		1,55	23,29	14,39	12,68	7,54	23,90	15,15
CVe (%)		10,75	20,96	20,24	25,31	28,15	12,41	29,60
CVg/CVe		0,145	1,11	0,71	0,50	0,26	1,92	0,51

GL= grau de liberdade; σ^2_f =variância fenotípica; σ^2_a =variância ambiental; σ^2_g =variância genotípica; CVg= coeficiente de variação genético; Cve= coeficiente de variação experimental; ^{ns}=não significativo pelo teste F; ** e * significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 6. Resumo da análise de variância referente aos caracteres altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F₅ de soja.

Quadrados Médios								
Fontes de Variação	GL	APM (CM)	AIV (CM)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
Genótipos	305	244,19**	25,98**	0,88**	349,97**	1514,35*	8,38**	27,20*
Testemunhas	1	103,14 ^{ns}	66,22*	28,57**	168,01 ^{ns}	1470,87 ^{ns}	8,09*	2,43 ^{ns}
Resíduo	54	85,64	12,45	0,395	108,26	940,856	1,36	4,28
σ^2_f		244,19	25,98	0,88	349,97	1514,35	8,38	27,20
σ^2_a		85,64	12,45	0,39	108,26	940,85	1,36	4,28
σ^2_g		158,55	13,52	0,48	241,71	573,49	7,02	22,91
Média Geral		69,14	14,16	3,05	57,70	113,32	11,00	12,36
Média Genótipos		65,61	12,22	3,15	58,91	113,81	11,37	12,84
Média testemunhas		88,42	24,81	2,46	51,12	110,62	8,98	9,77
CVg (%)		19,19	30,09	22,10	26,39	21,04	23,30	37,27
CVe (%)		14,11	27,06	19,88	17,66	26,97	10,26	16,12
CVg/CVe		1,36	1,04	1,11	1,49	0,78	2,27	2,31

GL= grau de liberdade; σ^2_f =variância fenotípica; σ^2_a =variância ambiental; σ^2_g =variância genotípica; CVg = coeficiente de variação genético; CVe = coeficiente de variação experimental; ^{ns} = não significativo pelo teste F; ** e * significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

Tabela 7. Resumo da análise de variância referente aos caracteres altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F₆ de soja. Jaboticabal, ano agrícola 2011/12.

Quadrados Médios								
Fontes de Variação	GL	APM (CM)	AIV (CM)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
Blocos	1	43,5	22,09	17,38	1087,5	3789,33	5,06	31,72
Genótipos	94	491,11**	24,19**	4,27**	777,80*	4268,25**	17,68**	80,20**
Resíduo	86	169,01	13,10	2,15	415,17	2458,43	7,15	46,33
σ^2_f		245,55	12,09	2,135	388,90	2134,12	8,84	40,10
σ^2_a		84,50	6,55	1,076	207,58	1229,21	3,57	23,16
σ^2_g		161,04	5,54	1,059	181,31	904,90	5,26	16,93
Média Geral		83,39	14,85	4,70	87,02	168,62	16,27	26,16
Média Genótipos		83,86	14,93	4,59	87,45	169,07	16,23	26,17
Média Testemunhas		72,45	14,02	5,68	80,45	159,05	17,14	26,44
CVg (%)		15,21	15,85	21,85	15,47	17,83	14,09	15,72
CVe (%)		15,59	24,38	31,17	23,44	29,47	16,44	26,03
CVg/CVe		0,97	0,65	0,70	0,66	0,60	0,85	0,60

GL= grau de liberdade; σ^2_f =variância fenotípica; σ^2_a =variância ambiental; σ^2_g =variância genotípica; CVg= coeficiente de variação genético; Cve = coeficiente de variação experimental; ^{NS} = não significativo pelo teste F; ** e * significativo a 1% e 5% de probabilidade pelo teste F, respectivamente.

O coeficiente de variação experimental (CV_e) apresentou diferenças entre as gerações avaliadas (Tabelas 5, 6 e 7). Observa-se que os caracteres APM e PCS possuem os menores valores de CV_e nas três gerações do presente estudo, enquanto NS manteve valores elevados, demonstrando ser altamente influenciado pelo ambiente, provavelmente por esse caráter ser controlado por muitos genes.

Lopes et al. (2002), Rocha (2002) dentre outros também encontraram magnitudes maiores de CV_e para caracteres de natureza quantitativa. Porém, alguns caracteres tiveram variações na magnitude de CV_e , entre eles, o caráter PP que apresentou 29,60% na geração F_4 e 16,12% na geração F_5 , enquanto que NR apresentou CV_e de 31,17% na geração F_6 e 19,88% na geração F_5 .

Segundo Burton (1952) citado por Geraldi (1977) deve-se associar o coeficiente de variação genética (CV_g) com a herdabilidade para comparação da variabilidade genética de diferentes populações e caracteres para auxiliar na predição do ganho genético. Na geração F_4 (Tabela 5), verificou-se baixos valores de CV_g para APM (1,55%) e NS (7,54%), e também baixos valores de herdabilidade APM (14,3%) e NS (19,0%). Os valores de CV_g são inferiores aos relatados na literatura para APM, onde variam de 7,13% a 8,91% (PULCINELLI, 1997) e 6,21% a 29,80% (PRADO, 1999). O CV_g na geração F_5 (Tabela 6) foi elevado para AIV (30,09%) e PP (37,27%), estando este resultado de acordo com o esperado, principalmente levando-se em consideração a alta influência ambiental sobre o caráter PP.

Na geração F_6 (Tabela 7) os valores de CV_g apresentaram magnitudes semelhantes para as características avaliadas, provavelmente por se encontrar em geração mais avançada de endogamia. O maior valor foi para NR (21,85%) e NS (17,83%), sendo este último superior aos valores obtidos em duas populações estudadas por Backes et al. (2002). Neste ano agrícola, destaca-se a relação CV_g/CV_e , com valores próximos à unidade para todos os caracteres, o que indica uma situação favorável à seleção dos genótipos superiores (CRUZ; REGAZZI, 1994).

Como pode ser observado nas gerações F_4 (Tabela 8) e F_5 (Tabela 9,) a variância fenotípica foi maior entre as genótipos para os caracteres APM, AIV, PCS e PP. Na geração F_4 , o caráter NS apresentou maior variância fenotípica dentro dos genótipos e em F_5 a variância foi maior entre os genótipos, conforme esperado. Isto ocorreu em virtude da geração em que se encontram os genótipos, além destes terem sido submetidos a seleção, fato que maximiza em cada geração a homogeneidade dentro dos genótipos.

Tabela 8. Estimativas de variâncias fenotípicas entre e dentro de genótipos (σ^2_{fe} e σ^2_{fd}), variância genotípicas entre e dentro de genótipos (σ^2_{ge} e σ^2_{gd}) e as variâncias aditivas (σ^2_A) nos genótipos de soja na geração F₄.

	APM	AIV	NR	NV	NS	PCS	PP
	(cm)	(cm)				(g)	(g)
σ^2_{fe}	86,61	35,79	0,43	178,70	655,62	6,34	0,46
σ^2_{fd}	33,31	16,46	0,72	199,37	736,40	5,97	0,29
σ^2_{ae}	74,17	14,48	0,32	121,92	530,75	1,21	0,24
σ^2_{ad}	32,82	16,37	0,70	154,99	641,16	2,96	0,23
σ^2_{ge}	12,43	21,30	0,11	56,78	124,87	5,13	0,21
σ^2_{gd}	0,49	0,84	0,02	44,38	95,24	3,01	0,05
σ^2_A	9,19	16,18	0,07	17,89	40,71	2,19	0,13

Altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP)

Tabela 9. Estimativas de variâncias fenotípicas entre e dentro de genótipos (σ_{fe}^2 e σ_{fd}^2), variância genotípicas entre e dentro de genótipos (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2) e as variâncias aditivas (σ_A^2) nos genótipos populações de soja na geração F₅.

	APM	AIV	NR	NV	NS	PCS	PP
	(cm)	(cm)				(g)	(g)
σ_{fe}^2	263,10	28,27	0,99	401,25	1704,01	7,50	29,16
σ_{fd}^2	45,52	19,86	1,28	420,19	1616,27	4,30	26,71
σ_{ae}^2	77,72	10,51	0,25	116,95	441,86	0,88	5,30
σ_{ad}^2	42,02	17,20	0,86	192,76	814,18	1,16	8,86
σ_{ge}^2	185,38	17,75	0,73	284,29	1262,14	6,62	23,86
σ_{gd}^2	3,497	2,65	0,41	227,42	802,09	3,13	17,85
σ_A^2	111,12	9,40	0,22	51,99	341,52	2,36	5,02

Atura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Na geração F₄ a variância aditiva apresentou maiores magnitudes para os caracteres NS, NV e AIV, enquanto na geração F₅ os caracteres NS e NV também apresentaram valores elevados, assim como APM.

Para a geração F₆ (Tabela 10), observamos que a variância fenotípica foi maior dentro de genótipos do que entre, em razão das diferenças terem ocorrido pela influência ambiental, que apresentou os maiores valores obtidos, quando comparado com os outros anos avaliados. Assim sendo, para fins de análise, deve-se considerar as variâncias genotípicas, as quais foram maiores entre os genótipos do que dentro deles. Os caracteres que apresentaram os maiores valores foram APM e NV. A variância aditiva exibiu magnitudes elevadas, demonstrando que nessa geração os componentes genéticos foram mais pronunciados do que os fenotípicos, sendo que os maiores valores foram obtidos pelos caracteres APM, NS e NV.

Tabela 10. Estimativas de variâncias fenotípicas entre e dentro de genótipos (σ_{fe}^2 e σ_{fd}^2), variância genotípicas entre e dentro de genótipos (σ_{ge}^2 e σ_{gd}^2) e as variâncias aditivas (σ_A^2) nos genótipos populações de soja na geração F₆.

	APM	AIV	NR	NV	NS	PCS	PP
	(cm)	(cm)				(g)	(g)
σ_{fe}^2	345,39	14,84	2,12	492,09	49,41	13,61	0,71
σ_{fd}^2	1094,98	56,98	5,52	1660,72	225,38	49,02	1,24
σ_{ae}^2	227,11	13,29	1,71	367,69	37,60	7,25	0,61
σ_{ad}^2	1094,04	56,97	5,52	1659,73	225,28	48,97	1,24
σ_{ge}^2	118,27	1,55	0,41	124,40	11,81	6,36	0,098
σ_{gd}^2	0,94	0,01	0,003	0,98	0,09	0,05	0,0007
σ_A^2	65,43	0,86	0,22	68,98	6,55	3,52	0,05

Altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AI), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP)

Nas gerações F₄, F₅ e F₆ (Tabelas 11, 12 e 13) observou-se que a herdabilidade no sentido amplo e restrito entre genótipos foi superior à herdabilidade dentro de genótipos, evidenciando que a fração genética é mais importante na determinação das diferenças fenotípicas entre os genótipos do que nas diferenças entre indivíduos de uma mesma família, o que condiz com as populações estudadas por BACKES et al. (2002), COSTA et al. (2008) e BÁRBARO et al. (2009).

Na geração F₄ os caracteres PCS, AIV e PP obtiveram as maiores magnitudes de herdabilidade (acima de 40%) tanto em sentido amplo quanto restrito entre genótipos (Tabela 11). Os demais caracteres apresentaram baixos valores de herdabilidade indicando que a porção herdável da variação presente nos genótipos foi pequena para a maioria dos caracteres. Tal fato pode ser justificado pela geração em que as plantas se encontram, onde apresentam segregação e variabilidade entre as plantas, sendo também altamente influenciados pelo ambiente, principalmente nos caracteres de natureza quantitativa. As estimativas de herdabilidade ampla dentro de genótipos apresentaram valores muito baixos, demonstrando que a

superioridade fenotípica entre os indivíduos de uma mesma família não indica a superioridade genotípica.

Muniz et al. (2002) e Campos et al. (2001) também encontraram valores de herdabilidade acima de 50% para o caráter AIV. Mauro et al. (1995) observaram coeficientes de herdabilidade elevados para AIV (38 a 88%) e PCS (78 a 92%). Considerando o caráter PP os valores de herdabilidade ampla e restrita entre genótipos foram próximos aos obtidos por Reis et al. (2002), onde as herdabilidades ampla e restrita foram de 52%. Há muita controvérsia referente ao coeficiente de herdabilidade quanto à produção de grãos, onde diversos autores relatam a baixa herdabilidade para esse caráter em soja, dentre eles, Toledo (2000) e Mauro et al (2000). Em contrapartida, outros observaram estimativas de moderadas à alta como Rossman (2001) e Costa et al. (2004).

Tabela 11. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, entre e dentro de genótipos, para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F₄ de soja.

	APM	AIV	NR	NV	NS	PCS	PP
	(cm)	(cm)				(g)	(g)
h^2Ae	0,143	0,595	0,25	0,317	0,190	0,808	0,471
h^2Ad	0,014	0,005	0,03	0,222	0,129	0,504	0,196
h^2Re	0,159	0,678	0,24	0,150	0,093	0,517	0,430
h^2Rd	0,068	0,245	0,02	0,022	0,013	0,091	0,110
h^2Rt	0,134	0,542	0,11	0,082	0,051	0,311	0,304

h^2Ae = Herdabilidade ampla entre; h^2Ad = Herdabilidade ampla dentro; h^2Re = Herdabilidade restrita entre; h^2Rd = Herdabilidade restrita dentro; h^2Rt = Herdabilidade restrita total.

Na geração F₅ (Tabela 12) o coeficiente de herdabilidade ampla entre genótipos foi superior a 60% para todos os caracteres avaliados, sendo os maiores valores para PCS com 88,10% e PP com 81,80%. A herdabilidade acima de 50% indica que as contribuições das causas genéticas são mais pronunciadas do que as atribuídas a fatores do ambiente, na expressão fenotípica do caráter (FALCONER, 1987). As estimativas de herdabilidade restrita podem ser consideradas as mais confiáveis com relação à hereditariedade dos caracteres, uma vez que expressa a porção da variação aditiva dos caracteres que será transmitida para a próxima geração. Nesse sentido o caráter APM apresentou 73,90%, sendo o maior valor de herdabilidade restrita entre genótipos, estando próximo à estimativa no sentido amplo. Backes (2000), Azevedo (2000) e Mauro et al. (2000), também obtiveram estimativas de moderadas a altas para a altura da planta. Outro caráter que apresentou herdabilidade restrita entre genótipos acima de 50% foi o AIV com 58,2%, estando de acordo com Campos (2001). Esses caracteres considerados secundários da produção de soja apresentam valores mais elevados de herdabilidade restrita, por serem considerados menos complexos, ou seja, governados por um menor número de genes. Assim como na geração F₄ o caráter PCS distinguiu-se das demais características analisadas com herdabilidade restrita

entre genótipos de 55%, embora este valor seja menor do que os obtidos por Mauro et al. (1995) e alguns valores de Backes et al. (2002).

Tabela 12. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, entre e dentro de genótipos, para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AI), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F₅ de soja.

	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PP (g)	PCS (g)
h^2Ae	0,704	0,628	0,741	0,708	0,740	0,818	0,881
h^2Ad	0,076	0,133	0,323	0,541	0,496	0,668	0,729
h^2Re	0,739	0,582	0,399	0,226	0,350	0,301	0,550
h^2Rd	0,305	0,059	0,022	0,015	0,026	0,023	0,068
h^2Rt	0,675	0,366	0,186	0,118	0,192	0,168	0,375

h^2Ae =Herdabilidade ampla entre; h^2Ad = Herdabilidade ampla dentro; h^2Re = Herdabilidade restrita entre; h^2Rd =Herdabilidade restrita dentro; h^2Rt = Herdabilidade restrita total.

Os valores da herdabilidade no sentido amplo e a herdabilidade no sentido restrito são muito próximos na geração F₆ (Tabela 13), em razão dos genótipos se encontrarem em gerações avançadas de endogamia, sendo resultantes de sucessivas autofecundações que conduzem a homozigose (HANSON, 1963). O caráter PCS apresentou o maior valor de herdabilidade (49,1%), confirmando o que foi verificado nos anos anteriores, sendo este valor superior aos encontrados por Backes et al. (2002) nas populações I, II e IV em geração F₅ e F₆ de endogamia em soja. A importância do peso de cem sementes consiste na sua relação com o tamanho do grão, cuja classificação pode ser uma condição para aumento da produtividade, além do tamanho da semente afetar a germinação, o vigor das plantas e a produção de grãos (ÁVILA et al., 2008). Sementes menores de soja produzem plantas com menor altura na colheita e menor produtividade, em relação às sementes maiores (PÁDUA et al., 2010). Além disso, sementes de tamanho uniforme aumentam a precisão da semeadura mecânica (KRZYŻANOWSKI;

FRANÇA NETO; COSTA, 1991). Outro caráter que se destacou nesse ano agrícola foi APM com 35,2% de herdabilidade. A menor magnitude da herdabilidade foi de 14,0% para PP, que, de acordo com o verificado por Mauro et al, (2000), Backes (2000) e Toledo et al (2000), essa baixa herdabilidade ocorre em virtude da produção de grãos ser um caráter quantitativo, controlado por um grande número de genes, com maior influência ambiental.

Tabela 13. Estimativas dos coeficientes de herdabilidade nos sentidos amplo e restrito, entre e dentro de genótipos, para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP) em genótipos F_6 de soja.

	APM	AIV	NR	NV	NS	PCS	PP
	(cm)	(cm)				(g)	(g)
h^2Ae	0,349	0,106	0,197	0,257	0,239	0,476	0,14
h^2Ad	0,0009	0,0002	0,0005	0,0006	0,0004	0,001	0,0006
h^2Re	0,352	0,107	0,198	0,261	0,246	0,481	0,140
h^2Rd	0,004	0,001	0,003	0,003	0,002	0,005	0,003
h^2Rt	0,043	0,010	0,021	0,028	0,024	0,065	0,014

h^2Ae =Herdabilidade ampla entre; h^2Ad = Herdabilidade ampla dentro; h^2Re = Herdabilidade restrita entre; h^2Rd =Herdabilidade restrita dentro; h^2Rt = Herdabilidade restrita total.

Para a predição dos ganhos com seleção, foi utilizado o índice de Mulamba e Mock (1978), que, de acordo com diversos trabalhos, como o de Costa et al, (2004) com soja e Gonçalves et al. (2007) com maracujá, possui boa eficácia nas estimativas e superioridade com relação a vários outros utilizados.

Nas gerações F_4 os caracteres que apresentaram maiores valores de ganhos por seleção (Tabela 14) foram PP (17,92%), NV (5,6%) e NS (3,61%), sendo estes resultados concordantes com Costa et al, (2004) que obtiveram maiores ganhos totais pela seleção direta nestes caracteres. Estes caracteres são componentes primários da produção de soja, por isso selecionar genótipos com superioridade nesta característica sugere a obtenção de maior produtividade indireta. Vinte e sete genótipos apresentaram bons atributos agrônômicos principalmente os relacionados

ao aumento da produção (Tabela 15), considerando uma intensidade de seleção de 20%, sendo eles: 6, 7, 17, 19, 24, 25, 34, 36, 37, 38, 39, 49, 50, 52, 53, 54, 56, 74, 75, 77, 86, 87, 98, 99, 106, 125 e 136.

Tabela 14. Estimativas do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978), em genótipos F₄ de soja, para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
X₀	82	18	3	45	85	14	12
X_s	85	15	3	63	118	14	17
h²Re	0,159	0,678	0,24	0,150	0,093	0,517	0,430
DS	3	-3	0	17	33	0	5
GS	0,48	-2,034	0	2,55	3,07	0	2,15
GS%	0,58	-11,3	0	5,6	3,61	0	17,92

X₀: média original; X_s: média selecionada; h²Re = Herdabilidade restrita entre; DS: diferencial de seleção.

Tabela 15. Médias dos genótipos da geração F₄, selecionados através do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978) para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Genótipo	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
6	78	11	3	68	136	12,5	16,9
7	73	8	2	55	106	16,3	17,2
17	98	15	3	67	98	14,7	14,3
19	90	16	2	47	95	16,6	15,8
24	94	12	3	42	89	26,8	23,8
25	85	14	3	49	103	13,6	14,0
34	84	10	3	44	87	14,8	12,9
36	82	10	3	65	117	13,1	15,3
37	102	15	3	63	109	17,1	18,7
38	98	18	3	75	141	15,9	22,4
39	76	14	4	89	173	12,5	21,6
49	75	13	3	54	113	14,0	15,8
50	82	19	3	60	101	14,5	14,6
52	70	13	3	69	128	13,9	17,7
53	88	20	3	68	120	16,4	19,8
54	91	14	3	54	106	12,9	13,6
56	73	11	3	65	135	13,3	17,9
74	90	13	3	77	146	13,7	20,0
75	90	17	3	62	119	13,1	15,7
77	82	12	3	74	145	12,7	18,4
86	87	16	3	53	101	13,9	14,1
87	80	18	3	75	149	10,6	15,8
98	81	19	5	80	143	12,6	18,0
99	86	21	3	67	123	12,9	15,8
106	91	23	4	62	106	12,6	13,3
125	90	22	3	55	102	13,2	13,5
136	84	18	3	51	89	15,8	14,1

Os caracteres NS (16,27%), PP (16,20%) e NR (13,3%) mantiveram os ganhos de seleção na geração F₅ (Tabela 16), sendo que estes valores foram mais elevados do que os obtidos por Reis et al. (2001) em uma população F₆ onde o ganho para NS foi de 1,74 e NV 5,87. Nesta geração, considerando uma intensidade

de 20%, sessenta e um genótipos apresentaram superioridade agrônômica com ênfase em produção de grãos (Tabela 17), sendo eles: 16, 19, 31, 36, 37, 38, 63, 67, 68, 72, 76, 77, 84, 89, 107, 112, 113, 121, 127, 147, 150, 152, 153, 161, 182, 184, 185, 191, 197, 204, 209, 210, 212, 214, 224, 228, 249, 253, 254, 255, 256, 257, 258, 259, 260, 261, 262, 264, 268, 276, 277, 285, 287, 290, 291, 295, 296, 298, 300, 301e 302.

Tabela 16. Estimativas do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978), em genótipos F₅ de soja, para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
X₀	66	12	3	59	114	11	13
X_s	66	10	4	84	167	12	20
h²Re	0,739	0,582	0,399	0,226	0,35	0,55	0,301
DS	0	-2	1	25	53	1	7
GS	0	-1,164	0,399	5,65	18,55	0,55	2,107
GS%	0	-9,7	13,3	9,57	16,27	5,0	16,20

X₀: média original; X_s: média selecionada; h²_{Re} = Herdabilidade restrita entre; DS: diferencial de seleção.

Tabela 17. Médias dos genótipos da geração F₅, selecionados através do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978) para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Genótipo	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS	PP
16	52	6,5	3	82	148	11,67	17,24
19	46	7,3	4	88	187	12,37	23,19
31	72	11,3	4	89	176	8,78	15,41
36	62	7,6	4	86	157	12,24	19,21
37	71	7,1	4	97	194	13,91	26,97
38	55	5,6	4	89	177	14,50	25,59
63	56	7,0	3	80	153	12,77	19,51
67	69	7,9	4	129	242	8,98	21,77
68	58	6,2	4	88	159	13,41	21,28
72	110	9,6	4	75	131	10,64	13,92
76	83	12,0	4	80	173	10,33	17,84
77	96	10,4	3	72	136	11,17	15,24
84	77	9,8	4	100	174	11,87	20,68
89	46	6,5	4	68	151	9,83	14,83
107	63	7,3	4	87	179	11,91	21,26
112	87	13,5	3	85	161	13,44	21,59
113	74	16,8	3	87	156	14,13	22,00
121	49	8,3	4	80	166	12,80	21,29
127	53	6,4	3	88	174	11,35	19,72
147	81	10,1	4	77	140	11,63	16,24
150	66	6,2	5	100	202	8,29	16,78
152	60	9,3	4	74	142	10,12	14,38
153	58	8,4	3	70	162	9,31	15,11
161	58	6,8	6	115	244	10,66	26,00
182	44	5,8	4	66	123	12,70	15,60
184	56	7,6	4	80	167	10,66	17,85
185	51	8,0	4	74	139	12,53	17,46
191	58	9,3	4	71	154	12,83	19,76
197	53	5,4	5	84	148	11,95	17,72
204	82	16,3	4	78	145	9,55	13,86
209	70	9,9	5	79	144	10,49	15,15
210	88	13,0	4	110	209	9,12	19,01
212	76	9,8	4	82	140	8,26	11,55
214	73	9,4	4	107	200	8,10	16,21

Continua...

Continuação Tabela 17

Genótipo	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS	PP
224	72	5,8	4	76	178	11,60	20,62
228	40	4,8	5	95	179	12,74	22,81
249	65	13,4	5	110	185	19,06	35,27
253	55	6,1	4	96	184	11,99	21,99
254	58	6,0	6	83	184	11,27	20,73
255	46	5,6	4	75	164	12,88	21,10
256	75	15,0	5	78	218	10,37	22,60
257	69	7,6	3	63	144	11,71	16,89
258	76	11,4	4	67	146	11,30	16,54
259	53	8,0	4	86	179	11,23	20,08
260	61	11,1	6	81	181	11,77	21,27
261	44	7,2	5	99	196	10,94	21,46
262	64	5,8	5	66	144	9,40	13,57
264	70	8,5	5	72	150	10,67	15,95
268	55	13,3	4	60	125	23,30	29,04
276	87	19,6	4	68	127	11,54	14,61
277	90	16,6	5	141	221	13,42	29,65
285	43	15,1	5	87	184	11,44	20,98
287	59	9,6	5	84	151	13,41	20,21
290	50	9,0	5	94	180	18,88	33,96
291	53	12,1	4	67	119	21,88	25,99
295	92	20,3	4	76	126	14,68	18,56
296	90	11,1	4	89	152	16,62	25,19
298	74	12,9	5	68	108	14,76	16,00
300	65	14,3	4	73	126	13,10	16,54
301	75	10,6	4	94	353	7,40	26,10
302	67	16,4	4	76	125	15,78	19,76

A geração F₆ (Tabela 18), confirmou o ganho por seleção para alguns dos caracteres citados anteriormente, sendo os de maiores valores : NV (6,62%), NS (6,08%) e PP (3,77%). Contudo os ganhos obtidos foram menores para NS e principalmente para PP, provavelmente pelo fato dos genótipos de soja deste estudo serem mais homogêneos em relação a produção de grãos (Tabela 19), uma vez que ao realizar a seleção dos genótipos prioriza-se a elevada produtividade. Foram dezenove genótipos que propiciaram os maiores ganhos com uma intensidade de seleção de 20%, sendo eles: 1, 11, 13, 15, 18, 22, 28, 35, 37, 38, 42, 44, 46, 57, 59, 65, 67, 78 e 86.

Tabela 18. Estimativas do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978), em genótipos F₆ de soja, para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
X₀	83	15	5	88	170	16	26
X_s	86	13	6	110	212	16	33
h²Re	0,359	0,109	0,202	0,265	0,246	0,491	0,14
DS	3	-2	1	22	42	0	7
GS	1,07	-0,22	0,20	5,83	10,33	0	0,98
GS%	1,30	-1,46	4,0	6,62	6,08	0	3,77

X₀: média original; X_s: média selecionada; h²Re = Herdabilidade restrita entre; DS: diferencial de seleção.

O ganho com seleção para o caráter APM foi menor do que os descritos por diversos autores como Prado (1994), Rossmann (2001), isso pode ter ocorrido em virtude das plantas terem sofrido uma forte pressão de seleção no sentido do aumento da produção, desfavorecendo tal caráter em algumas situações.

Tabela 19. Médias dos genótipos da geração F₆, selecionados através do ganho de seleção (GS) obtidos pelo método de Mulamba e Mock (1978) para os caracteres: altura da planta na maturação (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Genótipos	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
1	97	16	8	114	254	15,5	36,7
11	103	13	6	134	228	14,6	24,7
13	101	8	5	98	205	15,7	31,8
15	57	12	5	107	169	16,6	34,5
18	71	14	5	111	231	17,2	38,5
28	88	18	6	106	237	19,8	26,5
35	78	11	7	125	195	15,6	40,5
37	103	22	4	104	189	17,4	36,4
38	103	10	5	105	202	17,4	33,8
42	80	11	5	86	240	16,6	29,9
44	82	11	4	127	168	13,7	40,8
46	90	14	5	110	197	15,0	30,5
57	95	13	7	111	185	13,7	26,9
59	90	12	5	112	208	14,6	28,3
65	108	17	7	110	195	15,9	26,8
67	69	11	8	124	239	16,4	37,9
78	67	9	6	106	296	15,1	35,9
86	74	15	8	95	168	17,7	30,8

4. CONCLUSÕES

Os parâmetros genéticos avaliados foram eficientes em identificar a variabilidade existente entre os genótipos, sendo possível realizar a seleção baseada principalmente nos caracteres relacionados à produção de grãos.

A variância genética foi mais pronunciada entre os genótipos do que dentro dos mesmos nas três gerações avaliadas, conforme esperado.

O peso de cem sementes apresentou a maior herdabilidade nas gerações F₄, F₅ e F₆.

Os caracteres produção de grãos por planta, número de vagens e número de sementes foram os que propiciaram o maior ganho com a seleção.

Os maiores ganhos por seleção foram obtidos na geração F₅, devido às maiores herdabilidades.

5. REFERÊNCIAS

ÁVILA, W.; PERIN, A.; GUARESCHI, R. F.; GAZOLLA, P. R. Influência do tamanho da semente na produtividade de variedades de soja. **Agrarian**, v.1, n.2, p.83-89, 2008.

AZEVEDO, V. H. **Herança da resistência da soja ao *Diaporthe phaeseolorum* f. *SP. Meridionalis* e eficiência na seleção de caracteres agronômicos**. 2000. 102p. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2000.

BACKES, R. L.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; TEIXEIRA, R. C. Estimativas de parâmetros genéticos em populações F₅ e F₆ de soja. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 49, n. 282, p.201-216, 2002.

BÁRBARO, I. M.; DI MAURO, A. O.; CENTURION, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BÁRBARO JÚNIOR, L. S. Análises genéticas em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas canavieiras. **Colloquim Agrarie**, Presidente Prudente, v. 5, n.1, p. 07-24, 2009.

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

CAMPOS, F.L.; MAURO, A.O.Di.; OLIVEIRA,R.C.; UNÊDA-TREVISOLI, S.H. Análises genéticas em genótipos de soja na região de Jaboticabal-SP. **Ciências Agrárias**, v. 10, n. 1, p. 81-89, 2001.

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

COSTA, M. M., **Herança quali-quantitativa e marcadores moleculares para seleção assistida de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática**. 2008. 77f. (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal, 2008.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 1994. 390p.

CRUZ, C. D.; VENCOSKY, R.; SILVA, S. O. ; TOSELLO, G. A. Comparison of gains from selection among corn progenies, based on different criteria. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 16, n. 1, p. 79-89, 1993.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: versão Windows; aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: UFV, 2001. 648p.

CRUZ, C.D. **Biometria**. Viçosa:UFV, 2006. 382p.

ELSTON, R. C. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. **Biometrics**, Washington, v. 19, p. 85-97, 1963.

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja-Região Central do Brasil 2011**. Sistema de Produção 14. Embrapa, Londrina, 2010, 255p.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa:UFV, 1987. 279p.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4th ed. Harlow: Longman, 1996. p. 464.

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

GERALDI, I. O. **Estimação de parâmetros genéticos de caracteres do pendão em milho (*Zea mays* L.) e perspectivas de melhoramento**. 1977. 103p. Dissertação. (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz". Piracicaba, 1977.

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.

HANSON, W. D. Heritability. In: HANSON, W. D.; ROBINSON, H. f. **Statistical genetics and plant breeding**. Washington: NAS-NCR, 1963, p.125-139.

KRZYZANOWSKI, F.C.; FRANÇA NETO, J.B.; COSTA, N.P. Efeito da classificação de sementes de soja por tamanho sobre sua qualidade e a precisão de semeadura. **Revista Brasileira de Sementes**, v.13, p.59-68, 1991.

KÖPPEN, W. **Climatologia**. México: Fondo de Cultura Econômica, 1948.478p.

LOPES, A.C.A.; VELLO, N.A.; PANDINI, F.; MOURA, R.M.M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MAURO, A. O.; SEDIYAMA, T.; SEDIYAMA, C.S. Estimativas de parâmetros genéticos em diferentes tipos de parcelas experimentais de soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.5, p.667-672,1995.

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

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.

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

NEVES, L.G.; BRUCKNER, C. H.; CRUZ, C. D.; VIANA, A. P.; BARELLI, M. A. A. Predição de ganhos, com diferentes índices de seleção, para características de frutos do maracujazeiro- amarelo. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, n. 4, p. 1322-1330, 2011.

PÁDUA, G. P.; ZITO, R. K.; ARANTES, N. E.; FRANÇA NETO, J. B. Influência do tamanho da semente na qualidade fisiológica e na produtividade da cultura da soja. **Revista Brasileira de Sementes**, vol. 32, nº 3 p. 009-016, 2010.

PRADO, L. C. **Perspectivas para o melhoramento de linhagens homozigóticas de soja, com ênfase em produção de grãos e teor de proteína**. 1994. 128p. Dissertação (Mestrado em Genética e melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1994.

PRADO, L. C. **Estratégias de seleção em soja com base na avaliação em vários anos**. 1999. 112p. Tese (Doutorado em Genética e melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1999.

PULCINELLI, C. E. **Avaliação de cruzamentos dialélicos de soja em gerações avançadas de endogamia**. 1997, 165p. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Piracicaba, 1997.

Programa Genes - **Aplicativo computacional em genética e estatística**, versão 2009. www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm

RAMALHO, G.; SANTOS, J. B.; PINTO, C. B. **Genética na agropecuária**. 7 ed. São Paulo: Globo, 2000. 359p.

REIS, E.F.; REIS, M. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Resposta esperada à seleção correlacionada em uma população F_6 de soja. **Revista Ceres**, v. 48, n. 276, p.169-179, 2001.

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

ROCHA, M. M. **Seleção de linhagens experimentais de soja para adaptabilidade e estabilidade fenotípica**. 2002. 173p. Tese (Doutorado em Agronomia) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 2002.

ROSSMANN, H. **Estimativas de parâmetros genéticos e fenotípicos de uma população de soja avaliada em quatro anos**. 2001. 80 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2001.

TOLEDO, J. F. F.; ARIAS, C. A.A; OLIVEIRA, M. F.; TRILLER, C.; MIRANDA, Z. F.S. Genetical and environmental analyses of yield in six biparental soybean crosses. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.35, n.9, p.1783-1796, 2000.

UNÊDA-TREVISOLI, S. H. **Estabilidade fenotípica e potencialidade de progênies obtidas por cruzamentos óctuplos em soja**. 1999.228p. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Piracicaba, 1999.

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

CAPÍTULO 3 - ABORDAGEM MULTIVARIADA E INFLUÊNCIA DE CARACTERES NA SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES DE SOJA

RESUMO - O presente estudo objetivou a utilização de análises multivariadas para a seleção de genótipos de soja que possuam bons atributos agronômicos, com ênfase em produtividade, assim como definir quais os principais caracteres que influenciam no processo de seleção destes genótipos. Para tanto, foram analisados genótipos de soja nas gerações F_4 e F_5 conduzidos através do delineamento de blocos aumentados com testemunhas intercalares e na geração F_6 por blocos casualizados com duas repetições. Foram avaliados os caracteres agronômicos de interesse, sendo os dados submetidos à análise de componentes principais e na geração F_6 aplicou-se também a análise de agrupamento pelo método hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de Ward. Na análise de componentes principais na geração F_4 três autovalores explicaram 85,17% da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelas variáveis número de vagens, número de sementes, produção de grãos por planta, altura da inserção da primeira vagem, altura da planta na maturidade e peso de cem sementes que permitiram discriminar vinte genótipos. Na geração F_5 83,82% da variância original foram explicadas por três autovalores, que foram caracterizados pelas variáveis produção de grãos por planta, número de vagens, número de sementes, número de ramos, altura da inserção da primeira vagem, altura da planta na maturidade e peso de cem sementes, discriminando cinquenta genótipos. Na geração F_6 quatro autovalores explicaram 71,6% da variância contida nas informações originais, sendo caracterizados pelas variáveis número de sementes, número de vagens, produção de grãos por planta, número de ramos, produtividade de grãos, altura da planta na maturidade e peso de cem sementes que permitiram discriminar dezessete genótipos com bons atributos agronômicos com ênfase em produtividade. No dendrograma obtido os genótipos da geração F_6 selecionados em componentes principais foram agrupados em um mesmo conjunto, com base na homogeneidade existente dentro dos grupos, foi realizada uma segunda seleção onde foram identificados sete genótipos com potencial produtivo. Portanto, as análises multivariadas permitiram a seleção dos genótipos superiores para caracteres de importância agronômica em soja, principalmente para os componentes ligados à produção de grãos.

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

1. INTRODUÇÃO

Os programas de melhoramento de soja tem como objetivo principal a obtenção de genótipos resistentes à pragas e doenças, aliados à elevada produtividade, os quais podem ser alcançados através dos processos de seleção e multiplicação dos indivíduos de melhor desempenho durante o avanço das gerações (COSTA et al., 2004). Por isso, esses programas podem ser subdivididos em três etapas principais: escolha dos genitores e realização da hibridação artificial; avanço de gerações e seleções conduzidas por métodos tradicionais de melhoramento de plantas autógamas e avaliação das linhagens promissoras (LOPES et al., 2002).

Tradicionalmente, o melhoramento de soja tem abordado os seguintes aspectos: adaptação quanto ao ciclo; hábito de crescimento; altura da planta e da inserção da primeira vagem; acamamento; deiscência das vagens; qualidade da semente; adaptação quanto ao nível de fertilidade do solo; resistência a doenças e pragas; aspectos qualitativos; tolerância a herbicida; produtividade e plantas com período juvenil longo (SEDIYAMA; TEIXEIRA; REIS, 1999).

Avaliar as características agronômicas da soja e analisar todos os parâmetros ao mesmo tempo em função das informações coletadas durante o ensaio, se torna interessante quando o objetivo é selecionar genótipos superiores, uma vez que muitos fatores estão relacionados de maneira que seus diferentes efeitos são melhor interpretados se estudados em conjunto. Neste sentido, os métodos multivariados têm oferecido contribuições efetivas na identificação de genótipos para serem utilizados em programas de melhoramento genético de diversas culturas como o amendoim e aveia (SANTOS et al., 2000; BENIN et al., 2003).

Dentre as técnicas de análise multivariada, a análise de componentes principais constitui-se em importante ferramenta, a qual apresenta o intuito de transformar um conjunto de variáveis originais em outro conjunto de dimensão equivalente, onde cada componente principal é uma combinação linear de todas as variáveis originais, sendo independentes entre si e estimadas com o propósito de reter, em ordem de estimativa, o máximo de informações, em termos da variação total contida nos dados iniciais (CRUZ, 2006). Uma das finalidades dessa análise é determinar quais as variáveis originais que possuem maior peso (*loadings*) na

combinação linear dos primeiros componentes principais, sendo as mais importantes do ponto de vista estatístico (MOITA NETO; MOITA, 1998), além de agrupar aquelas com maior similaridade (VALLADARES, 2008).

A análise de componentes principais tem diversas aplicações, como o estudo de divergência genética entre genótipos, por permitir a identificação e seleção dos mais promissores para cultivo e melhoramento, além de possibilitar a avaliação da importância do caráter sobre a variação total disponível entre os genótipos avaliados (MOREIRA et al., 2009). Sendo também empregada nos estudos de adaptabilidade e estabilidade onde é possível identificar genótipos com potencial para cultivo em condições específicas de ambientes favoráveis (PELUZIO et al., 2008).

A análise de agrupamento, por sua vez, permite classificar indivíduos em grupos de forma a maximizar sua homogeneidade dentro dos grupos e discriminar a heterogeneidade entre os grupos. O método hierárquico interliga as amostras por suas associações, produzindo um dendrograma onde as amostras semelhantes, são agrupadas entre si (MOITA NETO; MOITA, 1998). Por essa razão, essa análise tem sido utilizada de forma eficiente para seleção de genótipos, demonstrando ser complementar à análise de componentes principais (PITTA et al., 2010).

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho consistiu na seleção de genótipos de soja, portadores de bons atributos agrônômicos com ênfase em produtividade, por meio de análises multivariadas, bem como definir quais os principais caracteres que influenciaram no processo de seleção destes genótipos.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1. Material genético

Os genótipos utilizados no presente estudo foram previamente desenvolvidos a partir de cruzamentos entre genitores resistentes e suscetíveis à ferrugem asiática (COSTA, 2008). Os genitores resistentes ao patógeno correspondem a introduções de plantas (PI's) exóticas e os suscetíveis são cultivares já adaptados às condições

brasileiras, com bom desempenho agrônômico para os caracteres relacionados à produção de grãos (Tabela 1).

Tabela 1. Genealogia e cruzamentos realizados entre parentais portadores de resistência à ferrugem asiática da soja (R) e portadores de bons atributos agrônômicos e comerciais (S) em soja, com os respectivos números atribuídos a cada cruzamento. Jaboticabal, SP.

Cruzamentos			Genealogia
1	PI 200456 (R)	X	MGBR – 46 Conquista (S)
2	PI 200526 Shira Nui (R)	X	COODETEC 205 (S)
5	PI 200456 (R)	X	FT Cometa (S)

Os genótipos resultantes do referido cruzamento, foram conduzidos pelo método genealógico, com seleção em gerações precoces dos genótipos resistentes a ferrugem asiática da soja e com bons atributos agrônômicos. Os genótipos oriundos do cruzamento 5 foram mantidos em casa de vegetação até a geração F_4 , devido a dificuldades na germinação, sendo que, a partir de F_5 foram incluídos nos experimentos do campo.

As gerações avaliadas nesse estudo podem ser caracterizadas em relação aos anos agrícolas da seguinte forma:

Geração F_4 - Ano agrícola 2009/10

O experimento foi composto por 137 genótipos de geração F_4 (Tabela 2), originados de uma planta selecionada na geração anterior, foram avaliados no delineamento experimental de famílias com testemunhas intercalares, onde a cada 15 genótipos plantou-se duas testemunhas. Os genótipos foram dispostos em uma linha de 5m de comprimento, espaçadas de 0,5m entre si, numa densidade de plantio de 20 sementes por metro linear. As testemunhas foram representadas pelas cultivares MG/BR-46 Conquista e Coodetec 205. Foram avaliadas 8 plantas por linha por ocasião da maturidade, com relação aos caracteres de importância agrônômica,

sendo aplicada uma intensidade de seleção de cerca de 10%. Sendo assim, cada planta selecionada nesta geração, originou uma nova linha na geração seguinte (F_5).

Tabela 2. Identificação das 137 progênies F_4 com seus respectivos códigos e duas testemunhas (Gen.) de soja avaliadas. Jaboticabal, SP.

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
1	1/46-12-1-6	36	1/46-12-2-1	71	1/46-12-3-2	106	2/25-6-3-2
2	1/40-4-2-1	37	1/40-8-3-2	72	2/48-2-2-4	107	2/25-6-3-4
3	2/10-3-1-4	38	2/25-7-2-1	73	1/46-6-2-1	108	1/35-12-3-4
4	1/40-8-2-5	39	1/46-5-2-3	74	1/40-7-2-6	109	1/40-7-2-4
5	1/35-11-3-2	40	1/46-5-2-2	75	1/46-2-3-2	110	1/46-7-3-4
6	1/46-10-3-5	41	2/10-3-2-4	76	2/10-1-1-1	111	1/46-15-3-1
7	1/46-14-3-1	42	2/25-6-1-4	77	2/10-3-2-5	112	1/46-6-3-2
8	2/25-6-2-4	43	1/46-12-3-2	78	1/35-11-1-8	113	2/25-4-3-3
9	2/10-4-1-2	44	2/10-2-2-1	79	1/46-13-3-2	114	2/10-2-2-3
10	2/10-3-1-8	45	1/46-3-3-1	80	1/35-11-3-1	115	2/25-6-1-2
11	1/40-8-1-6	46	1/46-13-3-1	81	2/10-3-1-5	116	2/25-2-3-1
12	1/40-3-3-1	47	1/40-8-1-4	82	1/40-3-1-2	117	2/10-1-1-6
13	1/46-12-2-6	48	1/46-5-1-4	83	1/35-12-3-3	118	2/10-4-2-1
14	1/46-12-2-5	49	1/46-12-2-3	84	1/40-4-2-3	119	1/46-11-1
15	1/35-11-1-7	50	1/46-4-2-4	85	1/40-1-2-1	120	2/25-9-2-2
16	1/40-13-2-1	51	1/46-2-3-1	86	1/46-13-1-2	121	1/40-3-3-2
17	1/46-3-1-1	52	2/10-4-1-6	87	1/40-8-2-1	122	2/48-2-1-2
18	1/46-4-2-2	53	1/46-14-1-4	88	1/40-3-1-7	123	2/25-7-3-6
19	1/40-10-3-6	54	1/46-6-3-6	89	1/40-7-2-1	124	1/40-7-3-1
20	1/46-8-3-4	55	1/40-10-3-2	90	1/35-12-3-7	125	1/40-7-3-4
21	1/46-2-2-1	56	1/40-7-3-8	91	2/10-3-2-7	126	2/25-9-2-3
22	1/40-3-2-1	57	2/25-3-1-3	92	1/46-4-2-1	127	2/10-4-2-2
23	1/46-5-1-1	58	1/40-7-2-3	93	1/46-3-1-4	128	2/48-2-2-5
24	1/40-13-2-2	59	2/25-4-3-8	94	2/10-3-2-6	129	1/46-12-1-8
25	1/46-12-2-7	60	2/10-2-2-7	95	1/40-10-3-5	130	2/25-1-1-2
26	1/46-11-3-2	61	1/35-11-3-3	96	2/25-7-3-5	131	2/25-3-2-1
27	2/25-6-2-5	62	2/48-1-2-3	97	2/10-3-1-6	132	2/48-2-1-1
28	2/10-3-2-1	63	1/46-6-3-1	98	2/25-2-3-5	133	1/40-10-1-8
29	1/40-3-2-3	64	2/25-1-1-1	99	1/46-2-3-3	134	2/25-9-2-1
30	1/46-12-3-4	65	2/10-4-2-5	100	2/25-7-3-1	135	1/46-6-3-7
31	2/10-3-2-3	66	1/46-7-3-2	101	1/35-12-2-3	136	2/25-3-2-2
32	1/40-1-2-2	67	2/10-3-1-3	102	1/46-8-3-5	137	2/10-1-1-2
33	1/46-7-2-6	68	1/46-3-1-3	103	2/10-4-2-3	138	Conquista
34	1/46-5-1-3	69	1/46-12-2-2	104	1/46-8-3-2	139	CD-219
35	1/40-8-1-2	70	1/35-11-2	105	1/35-11-1-6		

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento que originou o genótipo (Tabela 1).

Geração F₅ - Ano agrícola 2010/11

O experimento foi realizado com 306 genótipos na geração F₅ (Tabela 3), sendo utilizado o delineamento experimental de famílias com testemunhas intercalares, seguindo o mesmo procedimento descrito para o ano agrícola 2009/10. Na geração anterior, a seleção foi realizada entre e dentro de fileiras, sendo originada uma progênie para cada planta selecionada. As testemunhas foram representadas pelas cultivares MG/BR-46 Conquista e Coodetec 205. No presente ano agrícola também foram avaliadas 8 plantas dentro de cada linha, com intensidade de seleção de cerca de 10%..

Tabela 3. Identificação das 306 progênies F₅ com seus respectivos códigos e duas testemunhas (Gen.) de soja avaliadas. Jaboticabal, SP.

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
1	2/25-7-2-1-1	78	1/40-8-1-4-2	155	1/46-13-1-2-1	232	1/46-7-3-4-3
2	2/25-7-2-1-2	79	1/40-8-1-4-3	156	1/46-13-1-2-2	233	1/46-7-3-4-4
3	2/25-7-2-1-3	80	1/40-8-1-6-1	157	1/46-13-1-2-3	234	1/46-7-3-4-5
4	2/25-7-2-1-4	81	1/40-8-1-6-2	158	1/46-13-1-2-4	235	1/46-7-3-4-6
5	2/25-7-2-1-5	82	1/40-8-1-6-3	159	1/46-13-1-2-5	236	1/46-8-3-2-1
6	2/25-7-2-1-6	83	1/40-8-1-6-4	160	1/46-13-1-2-6	237	1/46-8-3-2-2
7	2/25-7-2-1-7	84	1/40-8-1-6-5	161	1/46-14-1-4-1	238	1/46-8-3-2-3
8	2/25-7-2-1-8	85	1/40-8-3-2-1	162	1/46-14-1-4-2	239	1/46-8-3-2-4
9	1/35-11-1-7-1	86	1/40-8-3-2-2	163	1/46-14-1-4-3	240	1/46-8-3-4-1
10	1/35-11-1-7-2	87	1/40-8-3-2-3	164	1/46-14-1-4-4	241	1/46-8-3-4-2
11	1/35-11-1-7-3	88	1/40-8-3-2-4	165	1/46-14-1-4-5	242	1/46-8-3-4-3
12	1/35-11-1-7-1	89	1/40-8-3-2-5	166	1/46-14-3-1-1	243	1/46-8-3-4-4
13	1/35-11-1-7-5	90	1/40-8-3-2-6	167	1/46-14-3-1-2	244	1/46-8-3-4-5
14	1/35-11-1-7-6	91	1/40-8-3-2-7	168	1/46-14-3-1-3	245	1/46-8-3-4-6
15	1/35-11-1-7-7	92	1/40-8-3-2-8	169	1/46-14-3-1-4	246	1/46-8-3-4-7
16	1/35-11-1-8-1	93	1/46-11-3-2-1	170	1/46-14-3-1-5	247	1/46-8-3-4-8
17	1/35-11-1-8-2	94	1/46-11-3-2-2	171	1/46-14-3-1-6	248	1/46-8-3-5-1
18	1/35-11-1-8-3	95	1/46-11-3-2-3	172	1/46-14-3-1-7	249	1/46-8-3-5-2
19	1/35-11-1-8-4	96	1/46-11-3-2-4	173	1/46-14-3-1-8	250	1/46-8-3-5-3
20	1/35-11-1-8-5	97	1/46-11-3-2-5	174	1/46-2-3-1-1	251	1/46-8-3-5-4
21	1/35-11-1-8-6	98	1/46-12-1-6-1	175	1/46-2-3-1-2	252	1/46-8-3-5-5
22	1/35-11-1-8-7	99	1/46-12-1-6-2	176	1/46-2-3-1-3	253	1/46-8-3-5-6
23	1/35-11-3-1-1	100	1/46-12-1-6-3	177	1/46-2-3-1-4	254	1/81-1-1-1-1
24	1/35-11-3-1-2	101	1/46-12-1-6-4	178	1/46-2-3-1-5	255	1/81-1-3-1-1
25	1/35-11-3-1-3	102	1/46-12-1-6-5	179	1/46-2-3-1-6	256	1/81-5-1-1-1
26	1/35-11-3-1-4	103	1/46-12-1-6-6	180	1/46-2-3-2-1	257	1/81-5-1-5-1
27	1/40-10-3-6-1	104	1/46-12-1-6-7	181	1/46-2-3-2-2	258	1/81-5-1-8-1
28	1/40-10-3-6-2	105	1/46-12-1-8-1	182	1/46-2-3-2-3	259	1/81-5-3-1-1
29	1/40-10-3-6-3	106	1/46-12-1-8-2	183	1/46-2-3-2-4	260	1/81-6-2-7-1
30	1/40-10-3-6.1	107	1/46-12-1-8-3	184	1/46-2-3-2-5	261	1/81-9-3-11-1

continua...

Continuação Tabela 3

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
31	1/40-10-3-6-5	108	1/46-12-1-8-4	185	1/46-2-3-3-1	262	1/87-18-2-2-1
32	1/40-10-3-6-6	109	1/46-12-2-1-1	186	1/46-2-3-3-2	263	1/87-18-2-6-1
33	1/40-10-3-6-7	110	1/46-12-2-1-2	187	1/46-2-3-3-3	264	1/87-18-3-11-1
34	1/40-1-2-2-1	111	1/46-12-2-1-3	188	1/46-2-3-3-4	265	2/48-2-1-2-1
35	1/40-1-2-2-2	112	1/46-12-2-1-4	189	1/46-2-3-3-5	266	2/48-2-1-2-2
36	1/40-1-2-2-3	113	1/46-12-2-1-5	190	1/46-2-3-3-6	267	2/48-2-1-2-3
37	1/40-1-2-2-4	114	1/46-12-2-1-6	191	1/46-3-1-1-1	268	2/48-2-1-2-4
38	1/40-1-2-2-5	115	1/46-12-2-1-7	192	1/46-3-1-1-2	269	2/48-2-1-2-5
39	1/40-1-2-2-6	116	1/46-12-2-2-1	193	1/46-3-1-1-3	270	2/48-2-1-2-6
40	1/40-1-2-2-7	117	1/46-12-2-2-2	194	1/46-3-1-1-4	271	2/48-2-2-4-1
41	1/40-1-2-2-8	118	1/46-12-2-2-3	195	1/46-3-1-1-5	272	2/48-2-2-4-2
42	1/40-3-3-1-1	119	1/46-12-2-2-4	196	1/46-3-1-1-6	273	2/48-2-2-4-3
43	1/40-3-3-1-2	120	1/46-12-2-2-5	197	1/46-4-2-1-1	274	2/48-2-2-4-4
44	1/40-3-3-1-3	121	1/46-12-2-2-6	198	1/46-4-2-1-2	275	2/48-2-2-4-5
45	1/40-3-3-1-4	122	1/46-12-2-2-7	199	1/46-4-2-1-3	276	2/48-2-2-4-6
46	1/40-3-3-1-5	123	1/46-12-2-3-1	200	1/46-4-2-1-4	277	2/48-2-2-4-7
47	1/40-3-3-1-6	124	1/46-12-2-3-2	201	1/46-4-2-1-5	278	2/48-2-2-5-1
48	1/40-3-3-1-7	125	1/46-12-2-3-3	202	1/46-4-2-1-6	279	2/48-2-2-5-2
49	1/40-3-3-2-1	126	1/46-12-2-3-4	203	1/46-5-1-3-1	280	2/48-2-2-5-3
50	1/40-3-3-2-2	127	1/46-12-2-3-5	204	1/46-5-1-3-2	281	2/48-2-2-5-4
51	1/40-3-3-2-3	128	1/46-12-2-3-6	205	1/46-5-1-3-3	282	2/48-2-2-5-5
52	1/40-3-3-2-4	129	1/46-12-2-5-1	206	1/46-5-1-3-4	283	2/48-2-2-5-6
53	1/40-3-3-2-5	130	1/46-12-2-5-2	207	1/46-5-1-3-5	284	5/136-11-1-10-1
54	1/40-3-3-2-6	131	1/46-12-2-5-3	208	1/46-5-1-4-1	285	5/136-11-1-12-1
55	1/40-4-2-3-1	132	1/46-12-2-5-4	209	1/46-5-1-4-2	286	5/136-11-1-9-1
56	1/40-4-2-3-2	133	1/46-12-2-5-5	210	1/46-5-1-4-3	287	5/136-11-3-10-1
57	1/40-4-2-3-3	134	1/46-12-2-5-6	211	1/46-5-1-4-4	288	5/136-11-3-11-1
58	1/40-4-2-3-4	135	1/46-12-2-5-7	212	1/46-5-1-4-5	289	5/136-11-3-12-1
59	1/40-4-2-3-5	136	1/46-12-2-5-8	213	1/46-5-1-4-6	290	5/136-11-3-3-1
60	1/40-4-2-3-6	137	1/46-12-2-6-1	214	1/46-5-1-4-7	291	5/136-11-3-7-1
61	1/40-4-2-3-7	138	1/46-12-2-6-2	215	1/46-5-2-3-1	292	5/136-11-3-8-1
62	1/40-4-2-3-8	139	1/46-12-2-6-3	216	1/46-5-2-3-2	293	5/136-11-3-9-1
63	1/40-7-3-4-1	140	1/46-12-2-6-4	217	1/46-5-2-3-3	294	5/136-13-3-3-1
64	1/40-7-3-4-2	141	1/46-12-2-6-5	218	1/46-5-2-3-4	295	5/136-20-3-1-1
65	1/40-7-3-4-3	142	1/46-12-2-7-1	219	1/46-6-3-2-1	296	5/136-20-3-10-1
66	1/40-7-3-4-4	143	1/46-12-2-7-2	220	1/46-6-3-2-2	297	5/136-20-3-2-1
67	1/40-7-3-4-5	144	1/46-12-2-7-3	221	1/46-6-3-2-3	298	5/136-20-3-4-1
68	1/40-7-3-4-6	145	1/46-12-2-7-4	222	1/46-6-3-2-4	299	5/136-20-3-5-1
69	1/40-7-3-4-7	146	1/46-12-2-7-5	223	1/46-6-3-2-5	300	5/136-20-3-6-1
70	1/40-8-1-2-1	147	1/46-12-2-7-6	224	1/46-6-3-2-6	301	5/136-20-3-8-1
71	1/40-8-1-2-2	148	1/46-12-3-2-1	225	1/46-6-3-2-7	302	5/136-20-3-9-1
72	1/40-8-1-2-3	149	1/46-12-3-2-2	226	1/46-7-3-2-1	303	5/136-5-2-1-1
73	1/40-8-1-2-4	150	1/46-12-3-2-3	227	1/46-7-3-2-2	304	5/136-5-2-5-1
74	1/40-8-1-2-5	151	1/46-12-3-4-1	228	1/46-7-3-2-3	305	5/136-5-3-4-1

continua...

Continuação Tabela 3

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
75	1/40-8-1-2-6	152	1/46-12-3-4-2	229	1/46-7-3-2-4	306	5/136-5-3-7-1
76	1/40-8-1-2-7	153	1/46-12-3-4-3	230	1/46-7-3-4-1	307	Conquista
77	1/40-8-1-4-1	154	1/46-12-3-4-4	231	1/46-7-3-4-2	308	CD-219

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento do genótipo.

Geração F_6 - Ano agrícola 2011/12

O presente experimento foi constituído por 90 genótipos na geração F_6 (Tabela 4) e duas repetições, sendo avaliados no delineamento experimental de blocos casualizados, sendo que, cada parcela foi constituída por duas linhas de 5 m de comprimento, espaçadas de 0,5 m.. As duas linhas foram consideradas como área útil, excluindo 0,5 m de cada extremidade. As testemunhas utilizadas foram as cultivares comerciais Coodetec 207, Coodetec 216, Coodetec 219, MG/BR-46 Conquista e V-Max. Foram avaliadas 10 plantas de cada parcela, com seleção das progênes superiores (intensidade de seleção de aproximadamente 5%).

Tabela 4. Identificação das 90 progênes F_6 com seus respectivos códigos e cinco testemunhas (Gen.) de soja avaliadas. Jaboticabal, SP.

GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
1	2/25-7-2-1-2-1	25	1/40-8-3-2-1-1	49	1/46-2-3-2-1-1	73	1/81-1-1-1-1-1
2	2/25-7-2-1-4-1	26	1/46-12-1-8-3-1	50	1/46-2-3-3-1-1	74	1/81-1-3-1-1-1
3	1/35-11-1-7-5-1	27	1/46-12-2-1-4-1	51	1/46-2-3-3-5-1	75	1/81-5-1-1-1-1
4	1/35-11-1-7-4-1	28	1/46-12-2-1-1-1	52	1/46-2-3-3-6-1	76	1/81-5-1-8-1-1
5	1/35-11-1-7-7-1	29	1/46-12-2-1-3-1	53	1/46-2-3-3-2-1	77	1/81-6-2-7-1-1
6	1/35-11-1-8-4-1	30	1/46-12-2-3-6-1	54	1/46-3-1-1-1-1	78	1/81-9-3-11-1-1
7	1/35-11-1-8-1-1	31	1/46-12-2-2-5-1	55	1/46-3-1-1-2-1	79	1/87-18-2-2-1-1
8	1/35-11-3-1-3-1	32	1/46-12-2-3-2-1	56	1/46-5-1-3-5-1	80	1/87-18-3-11-1-1
9	1/40-10-3-6-3-1	33	1/46-12-2-3-5-1	57	1/46-5-1-3-2-1	81	2/48-2-1-2-1-1
10	1/40-10-3-6-1-1	34	1/46-12-2-6-5-1	58	1/46-5-1-4-3-1	82	2/48-2-2-4-5-1
11	1/40-10-3-6-5-1	35	1/46-12-2-6-2-1	59	1/46-5-1-4-1-1	83	2/48-2-2-4-3-1
12	1/40-10-3-6-7-1	36	1/46-12-2-7-6-1	60	1/46-5-1-4-7-1	84	5/136-11-3-11-1-1
13	1/40-1-2-2-7-1	37	1/46-12-2-7-3-1	61	1/46-5-2-3-4-1	85	5/136-11-3-3-1-1
14	1/40-1-2-2-6-1	38	1/46-12-2-7-2-1	62	1/46-6-3-2-2-1	86	5/136-20-3-1-1-1
15	1/40-3-3-1-1-2	39	1/46-12-3-2-3-1	63	1/46-6-3-2-6-1	87	5/136-20-3-2-1-1
16	1/40-4-2-3-2-1	40	1/46-12-3-4-7-1	64	1/46-8-3-2-2-1	88	5/136-20-3-7-1-1
17	1/40-7-3-4-6-1	41	1/46-12-3-4-3-1	65	1/46-8-3-2-1-1	89	5/136-20-3-8-1-1

continua...

Continuação Tabela 4

EN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*	GEN.	CÓDIGO*
18	1/40-7-3-4-1-1	42	1/46-14-1-4-4-1	66	1/46-8-3-5-8-1	90	5/136-5-3-7-1-1
19	1/40-7-3-4-7-1	43	1/46-14-1-4-1	67	1/46-8-3-5-3-1	91	CD 207
20	1/40-8-1-2-6-1	44	1/46-14-3-1-2-1	68	1/46-8-3-5-1-1	92	CD 216
21	1/40-8-1-2-3-1	45	1/46-14-3-1-8-1	69	1/46-8-3-5-2-1	93	CD 219
22	1/40-8-1-4-3-1	46	1/46-14-3-1-7-1	70	1/46-8-3-5-4-1	94	CONQ
23	1/40-8-1-6-3-1	47	1/46-2-3-1-4-1	71	1/46-8-3-5-7-1	95	V-Max
24	1/40-8-1-6-5-1	48	1/46-2-3-1-6-1	72	1/46-8-3-5-6-1		

* O primeiro dígito refere-se ao número do cruzamento do genótipo.

5.1. Local e condução dos experimentos

Os experimentos foram conduzidos na área experimental do Departamento de Produção Vegetal da UNESP/FCAV, situada na cidade de Jaboticabal-SP. O solo predominante do local é do tipo Latossolo Vermelho Eutrófico. O município de Jaboticabal localiza-se na Região Nordeste do Estado de São Paulo, a 21° 15' 22" de latitude sul e 48° 18' 58" de longitude oeste, e a 595 metros de altitude, com índice pluviométrico médio anual de 1451 mm. O clima é subtropical temperado, com verão quente e úmido, inverno seco e temperatura média anual de 22,2° C (KOPPEN, 1948).

A área foi preparada com uma aração profunda e duas gradagens, a semeadura ocorreu manualmente. Os tratos culturais seguiram as recomendações para a cultura da soja (EMBRAPA, 2010).

2.3. Avaliação dos caracteres agronômicos

Os genótipos foram avaliados e selecionados para os principais caracteres agronômicos observados da cultura da soja, no estágio R₈ de desenvolvimento das plantas, conforme a escala de Fehr e Caviness (1977), a saber:

- Número de dias para a maturidade (NDM): compreendendo o período entre a data de emergência e a data em que aproximadamente 95% das vagens apresentam-se maduras, sendo expresso em dias;

- Altura da planta na maturidade (APM): distância desde a superfície do solo, até a extremidade da haste principal, sendo expressa em cm;
 - Altura da inserção da primeira vagem (AIV): distância compreendida entre a superfície do solo e a inserção da primeira vagem, expressa em cm;
 - Valor agrônômico (VA): escala de notas visuais, a qual varia de 1 (plantas ruins) a 5 (plantas ótimas), sendo a nota atribuída representativa de um conjunto de caracteres visuais: arquitetura, quantidade de vagens cheias, vigor e sanidade, debulha prematura das vagens, acamamento e retenção foliar na maturidade;
 - Acamamento (Ac): escala de notas visuais, variando de 1 (todas as plantas da parcela eretas) a 5 (todas as plantas da parcela acamadas);
 - Número de ramos (NR): caráter obtido através da contagem do número de ramos das plantas;
 - Número de vagens (NV): obtido através da contagem das vagens totais presentes em uma planta;
 - Número de sementes (NS): caráter obtido através da contagem das sementes totais presentes em uma planta;
 - Peso de cem sementes (PCS): caráter obtido através da contagem de 100 sementes de uma mesma planta com posterior pesagem das mesmas, sendo expresso em gramas;
 - Produção de grãos por planta (PP): caráter obtido através do peso dos grãos produzidos por cada planta individual (gramas);
 - Produtividade de grãos (PG)- obtido a partir da debulha total das plantas de cada parcela útil sendo corrigido para 13% de umidade, e convertido em kg ha^{-1} .
- Os caracteres NDM, VA, Ac e PG foram avaliados apenas na geração F₆.

2.4. Análise estatística dos dados

Devido à estrutura de dependência contida no conjunto original das variáveis, duas abordagens exploratórias, componentes principais e análise de agrupamento pelo método hierárquico de Ward, foram utilizadas no processamento das análises, realizadas pelo software Statistica, versão 10 (STATSOFT, 2010).

Os dados foram padronizados resultando em média nula e variância unitária para todas as variáveis, segundo a função:

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

Onde:

$j=1, 2, \dots, p$ variáveis;

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

X_j e S_j = média e o desvio padrão da coluna j .

2.4.1. Cálculo dos componentes principais

No processamento da análise de componentes principais, os autovalores foram extraídos a partir da matriz de covariância que geraram os autovetores denominados de componentes principais, que são determinados a partir da equação característica da matriz (FERRAUDO, 2010).

$AX - \lambda X = 0$, onde:

onde A é a matriz de coeficientes A_{ij} (matriz de covariâncias);

X é um vetor desconhecido formado por cada X_i ,

λ constante (autovalor).

Substituindo cada λ (autovalor) no sistema de equações simultâneas são obtidos os autovetores. Os coeficientes da equação foram normalizados para a obtenção de solução única, isto é, para os autovetores serem unitários e ortogonais entre si.

2.4.1.1. Cálculo da variância contida em cada componente principal

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

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

Onde:

C é a matriz de covariâncias dos dados originais padronizados.

λ_h a h-ésima raiz característica (autovalor) da matriz C.

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

Foram considerados os autovalores superiores à unidade, pois estes preservam uma quantidade relevante de informação original (KAISER, 1958).

2.4.1.2. Correlação das características com os componentes principais

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

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

Sendo:

S_j = desvio padrão da variável j;

A_{jh} = coeficiente da variável j no h-ésimo componente principal;

λ_h = h-ésima raiz característica (autovalor) da matriz de covariância.

2.4.2. Análise de agrupamento

A organização dos genótipos em grupos com padrões semelhantes foi possível com a análise de agrupamento pelo método hierárquico. A semelhança

entre os genótipos foi medida pela distância Euclidiana e a ligação entre os grupos foi feita pelo método de Ward (HAIR et al., 2005).

3.RESULTADOS E DISCUSSÃO

Na análise de componentes principais da geração F₄, do total de sete autovalores gerados, os três primeiros foram superiores a um, explicando 85,17% da variância contida nas sete variáveis originais (Tabela 5).

Tabela 5. Matriz de correlação de autovalores e estatística

Número do autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	2,92	41,85	2,93	41,85
2	1,76	25,14	4,69	66,99
3	1,27	18,18	5,96	85,17
4	0,60	8,57	6,56	93,75
5	0,34	4,96	6,56	98,72
6	0,07	1,10	6,99	99,82
7	0,01	0,17	7,0	100,0

O primeiro componente principal (CP1) reteve 41,85% da variância original. Conforme observado na Tabela 6, as principais variáveis que explicaram essa retenção da variância foram: NV, NS e PP com os valores de correlações com os componentes principais de -0,944, -0,933 e -0,862, respectivamente. Foram consideradas importantes apenas as correlações acima de 0,6.

O segundo componente principal (CP2) reteve 25,14% da variância, explicada pelas variáveis AIV e APM com correlação de 0,884 e 0,765, respectivamente. A variável PCS com correlação de -0,950, explicou a retenção de 18,18% da variância do terceiro componente principal (CP3).

Tabela 6. Correlação entre as variáveis e os componentes principais (CP) dos genótipos de soja na geração F₄. Altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS); produção de grão por planta (PP).

	CP1	CP2	CP3
APM (cm)	-0,266	0,765	-0,262
AIV (cm)	0,092	0,884	-0,157
NR	-0,582	0,489	0,051
NV	-0,944	-0,062	0,216
NS	-0,933	-0,105	0,263
PCS (g)	-0,084	-0,263	-0,950
PP (g)	-0,862	-0,265	-0,398

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (41,85%) e CP2 (25,14%) reteve no total 66,99% da variância original (Figura 1A) e ficou caracterizado pelas variáveis NV, NS, PP, AIV e APM, sendo possível discriminar os genótipos: 1, 6, 7, 17, 24, 36, 37, 38, 39, 52, 53, 56, 74, 75, 77, 87, 98, 99, 106 e 109, para tais caracteres, cujas médias são apresentadas na Tabela 7. O plano bidimensional formado pelos componentes CP1(41,85%) e CP3 (18,18%) reteve 60,03% da variância remanescente (Figura 1 B) e discriminou os mesmos genótipos do gráfico CP1 e CP2, pois o genótipo 1 que se destacou para o CP3 caracterizado pela variável PCS, já havia sido selecionado anteriormente.

Tabela 7. Médias dos genótipos da geração F₄, selecionados através da análise de componentes principais para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Genótipo	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS(g)	PP(g)
1	79	18	3	35	65	43,6	28,2
6	78	11	3	68	136	12,5	16,9
7	73	8	2	55	106	16,3	17,2
17	98	15	3	67	98	14,7	14,3
24	94	12	3	42	89	26,8	23,8
34	84	10	3	44	87	14,8	12,9
36	82	10	3	65	117	13,1	15,3
37	102	15	3	63	109	17,1	18,7
38	98	18	3	75	141	15,9	22,4
52	70	13	3	69	128	13,9	17,7
53	88	20	3	68	120	16,4	19,8
56	73	11	3	65	135	13,3	17,9
74	90	13	3	77	146	13,7	20,0
75	90	17	3	62	119	13,1	15,7
77	82	12	3	74	145	12,7	18,4
87	80	18	3	75	149	10,6	15,8
98	81	19	5	80	143	12,6	18,0
99	86	21	3	67	123	12,9	15,8
106	91	23	4	62	106	12,6	13,3
109	88	28	5	56	103	12,6	13,0

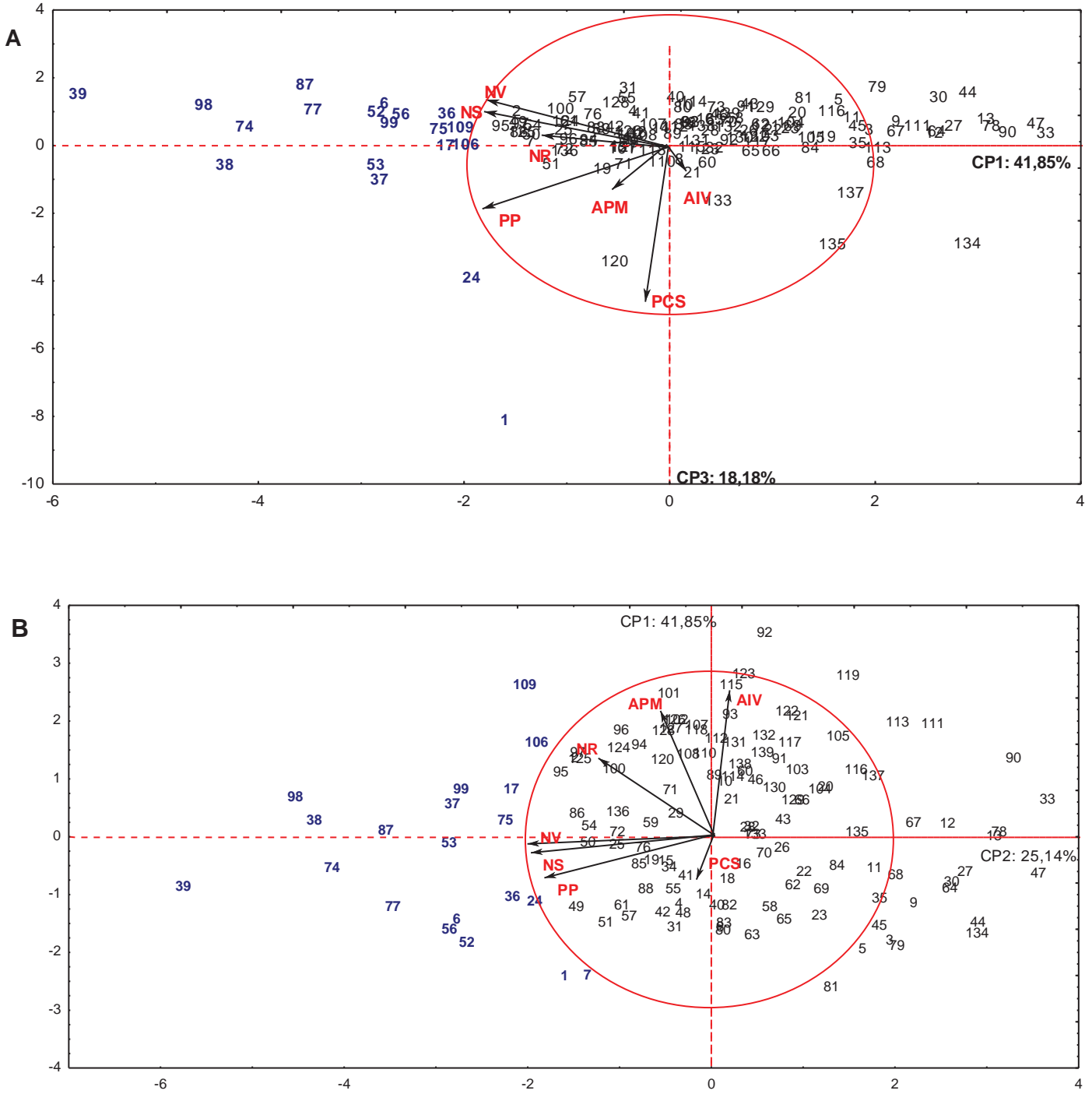


Figura 1. Gráfico biplot com dispersão dos 139 genótipos de soja em função dos componentes principais: CP1 x CP2 **(A)**; CP1 x CP3 **(B)** e projeção dos vetores das variáveis: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP). Os genótipos selecionados em CP1 x CP2 estão em azul.

Na geração F₅ três autovalores explicaram 83,82% da variância contida nas sete variáveis originais (Tabela 8).

Tabela 8. Matriz de correlação de autovalores e estatística

Número do autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	3,11	44,54	3,11	44,54
2	1,52	23,16	4,632	67,7
3	1,14	16,12	5,77	83,82
4	0,64	7,77	6,41	91,59
5	0,44	6,33	6,85	97,93
6	0,12	1,76	6,98	99,69
7	0,02	0,30	7,0	100,0

O primeiro componente principal (CP1) reteve 44,54% da variância original as variáveis que explicaram essa retenção da variância foram: PP, NV, NS, e NR com os valores de correlações de -0,922, -0,906, -0,875 e -0,701, respectivamente (Tabela 9).

Tabela 9. Correlação entre as variáveis e os componentes principais (CP) dos genótipos de soja na geração F₅. Altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS); produção de grão por planta (PP).

	CP1	CP2	CP3
APM (cm)	0,090	0,880	0,186
AIV (cm)	0,296	0,741	0,405
NR	-0,701	-0,022	-0,017
NV	-0,906	0,249	-0,152
NS	-0,875	0,271	-0,280
PCS (g)	-0,299	-0,397	0,858
PP (g)	-0,922	-0,032	0,298

O segundo componente principal (CP2) reteve 23,16% da variância, explicada pelas variáveis APM e AIV com correlação de 0,880 e 0,741, respectivamente. O terceiro componente principal (CP3) reteve 16,12% da variância e foi explicado pela variável PCS com correlação de 0,858 (Tabela 9).

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (44,54%) e CP2 (23,16%) reteve no total 70,7% da variância original (Figura 2A) e ficou caracterizado pelas variáveis PP, NV, NS, NR, AIV e APM, sendo possível discriminar os indivíduos 6, 13,16, 19, 31, 36, 37, 38, 63, 67, 68, 76, 84, 89, 107, 112, 113, 121, 127, 141, 150, 161, 184, 185, 191,197, 209, 210, 214, 224, 228, 249, 253, 254, 256, 259, 260, 261, 264, 268, 277, 285, 287, 290, 291, 295, 296, 301, 302 e 305, para tais caracteres, com as médias apresentadas na Tabela 10. O plano bidimensional formado pelos componentes CP1(44,54%) e CP3 (16,12%) reteve 60,66% da variância remanescente (Figura 2B) e discriminou o genótipo 306 para a característica PCS.

Tabela 10. Médias dos genótipos da geração F₅, selecionados através da análise de componentes principais para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP).

Genótipos	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
6	100	23,4	4	87	144	10,97	15,84
13	42	5,3	3	83	173	10,30	17,84
16	52	6,5	3	82	148	11,67	17,24
19	46	7,3	4	88	187	12,37	23,19
31	72	11,3	4	89	176	8,78	15,41
36	62	7,6	4	86	157	12,24	19,21
37	71	7,1	4	97	194	13,91	26,97
38	55	5,6	4	89	177	14,50	25,59
63	56	7,0	3	80	153	12,77	19,51
67	69	7,9	4	129	242	8,98	21,77
68	58	6,2	4	88	159	13,41	21,28
76	83	12,0	4	80	173	10,33	17,84
84	77	9,8	4	100	174	11,87	20,68
89	46	6,5	4	68	151	9,83	14,83
107	63	7,3	4	87	179	11,91	21,26
112	87	13,5	3	85	161	13,44	21,59
113	74	16,8	3	87	156	14,13	22,00
121	49	8,3	4	80	166	12,80	21,29
127	53	6,4	3	88	174	11,35	19,72
141	65	12,8	3	65	118	26,44	31,07
150	66	6,2	5	100	202	8,29	16,78
161	58	6,8	6	115	244	10,66	26,00
184	56	7,6	4	80	167	10,66	17,85
185	51	8,0	4	74	139	12,53	17,46
191	58	9,3	4	71	154	12,83	19,76
197	53	5,4	5	84	148	11,95	17,72
209	70	9,9	5	79	144	10,49	15,15
210	88	13,0	4	110	209	9,12	19,01
214	73	9,4	4	107	200	8,10	16,21
224	72	5,8	4	76	178	11,60	20,62
228	40	4,8	5	95	179	12,74	22,81
249	65	13,4	5	110	185	19,06	35,27
253	55	6,1	4	96	184	11,99	21,99
254	58	6,0	6	83	184	11,27	20,73

continua...

Continuação Tabela 10

Genótipos	APM (cm)	AIV (cm)	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)
256	75	15,0	5	78	218	10,37	22,60
259	53	8,0	4	86	179	11,23	20,08
260	61	11,1	6	81	181	11,77	21,27
261	44	7,2	5	99	196	10,94	21,46
264	70	8,5	5	72	150	10,67	15,95
268	55	13,3	4	60	125	23,30	29,04
277	90	16,6	5	141	221	13,42	29,65
285	43	15,1	5	87	184	11,44	20,98
287	59	9,6	5	84	151	13,41	20,21
290	50	9,0	5	94	180	18,88	33,96
291	53	12,1	4	67	119	21,88	25,99
295	92	20,3	4	76	126	14,68	18,56
296	90	11,1	4	89	152	16,62	25,19
301	75	10,6	4	94	353	7,40	26,10
302	67	16,4	4	76	125	15,78	19,76
305	65	13,6	4	72	125	21,87	27,25
306	61	20,6	3	45	79	22,95	18,10

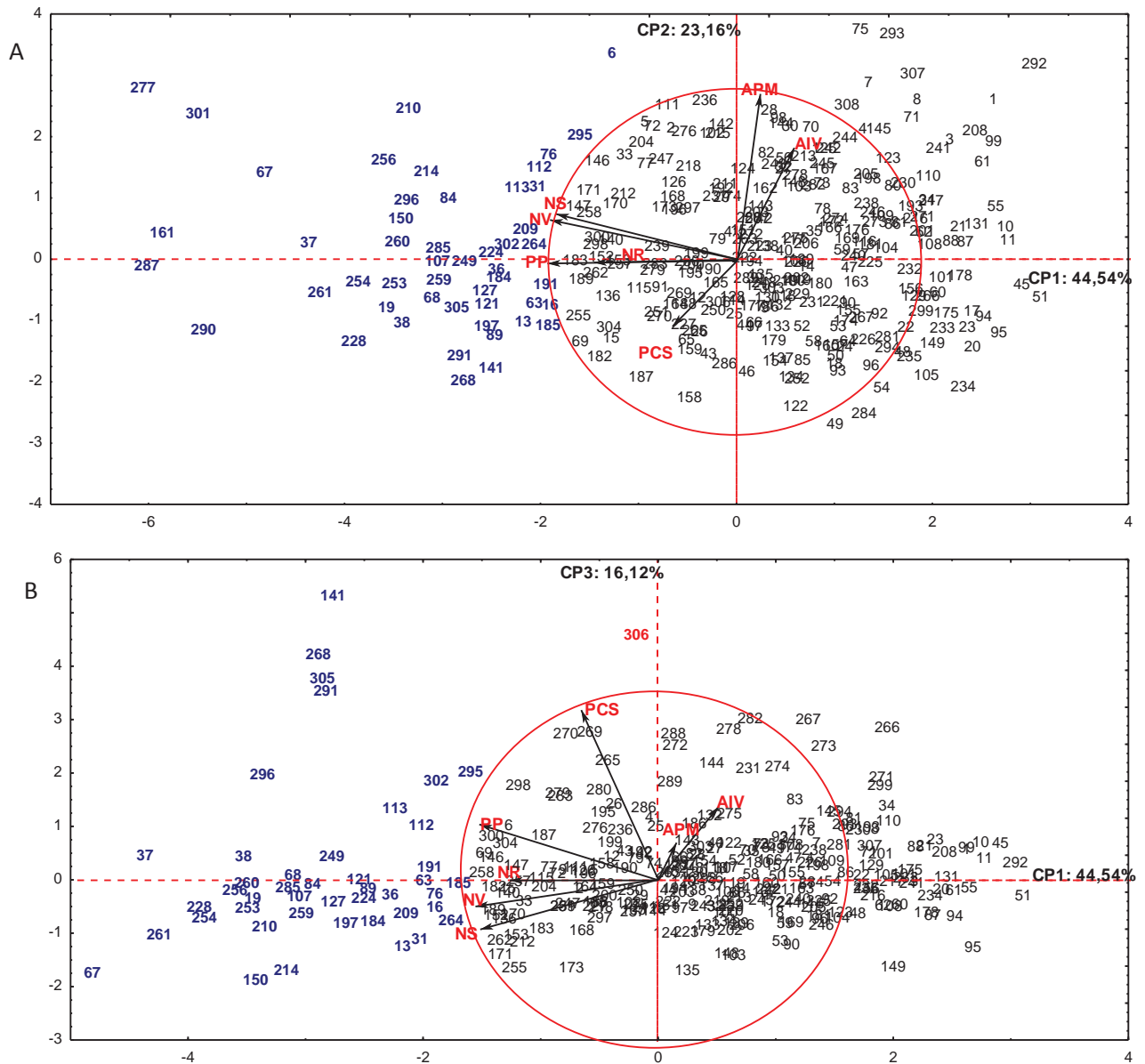


Figura 2. Gráfico biplot com dispersão dos 308 genótipos de soja em função dos componentes principais: **(A)**; CP1 x CP2 e projeção dos vetores das variáveis: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS) e produção de grãos por planta (PP). Os genótipos selecionados em CP1 x CP2 estão em azul e os genótipos selecionados em CP1 x CP3 estão em vermelho.

Na análise de componentes principais da geração F₆, quatro autovalores foram superiores a 1, explicando 71,6% da variância contida nas dez variáveis originais (Tabela 11).

Tabela 11. Matriz de correlação de autovalores e estatística

Número do autovalor	Autovalor	Variância Total (%)	Autovalor acumulado	Variância acumulada (%)
1	3,24	29,44	3,24	29,44
2	2,08	18,93	5,32	48,37
3	1,42	12,91	6,74	61,29
4	1,13	10,28	7,87	71,57
5	0,88	7,98	8,75	79,54
6	0,83	7,58	9,58	87,12
7	0,68	6,15	10,26	93,27
8	0,42	3,84	10,68	97,11
9	0,21	1,90	10,89	99,01
10	0,10	0,91	10,99	99,92
11	0,008	0,07	11,00	100,0

O primeiro componente principal (CP1) reteve 29,44% da variância original. Conforme observado na Tabela 12, as principais variáveis que explicaram essa retenção da variância foram: NS, NV, PP e NR com os valores de correlações com os componentes principais de -0,882, -0,866, -0,801 e -0,603, respectivamente.

Tabela 12. Correlação entre as variáveis e os componentes principais (CP). Sendo as variáveis: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); valor agrônômico (VA); acamamento (Ac); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS); produção de grão por planta (PP); produtividade de grãos (PG).

	CP1	CP2	CP3	CP4
APM (cm)	0.104	0.168	-0.864	-0.065
AIV (cm)	0.445	0.204	-0.498	-0.286
Ac	0.390	-0.155	-0.232	-0.348
VA	-0.482	0.125	0.122	0.167
NR	-0.603	-0.127	-0.192	-0.351
NS	-0.882	-0.011	-0.098	0.031
NV	-0.866	0.000	-0.308	-0.097
PCS (g)	0.333	0.134	0.422	-0.761
PP (g)	-0.801	0.095	0.184	-0.422
PG (g)	-0.024	0.982	0.042	0.047

O segundo componente principal (CP2) reteve 18,94% da variância remanescente, explicada essencialmente pela variável PG com correlação de 0,982. A variável APM com correlação de -0,864, explicou o terceiro componente principal (CP3) que a reteve 12,92% da variância. O quarto componente principal reteve 10,28% da variância sendo explicado principalmente pela variável PCS com correlação de -0,761.

O plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (29,44%) e CP2 (18,94%) reteve no total 48,38% da variância original (Figura 3A) e ficou caracterizado pelas variáveis NS, NV, PP, NR e PG, sendo possível discriminar os indivíduos 1, 6, 15, 18, 35, 41, 44, 46, 54, 67, 78, 81, 91 e 93, para tais caracteres. O genótipo 45 com 103 cm de APM foi discriminado no plano bidimensional formado pelos componentes CP1 (29,44) e CP3 (12,92) responsável por 42,36% da variância original remanescente (Figura 3B). Os componentes CP1 (29,44) e CP4 (10,28), por

sua vez, foram responsáveis por 39,72% da variância remanescente (Figura 3C), sendo assim, os genótipos 24 e 84 também podem ser selecionados, uma vez que ficaram discriminados pela variável PCS no plano bidimensional. As médias dos genótipos selecionados encontram-se na Tabela 13.

Tabela 13. Médias dos genótipos da geração F6, selecionados através da análise de componentes principais e de agrupamento para os caracteres: altura da planta na maturidade (APM), altura da inserção da primeira vagem (AIV), número de ramos (NR), número de vagens (NV), número de sementes (NS), peso de cem sementes (PCS), produção de grãos por planta (PP) e produtividade de grãos (PG).

Genótipos	APM (cm)	AIV (cm)	Ac	Va	NR	NV	NS	PCS (g)	PP (g)	PG (g)
1	97	16	1,3	1,8	8	114	239	15,5	36,7	1628,5
6	49	9	1,2	1,9	6	98	210	14,3	29,9	690,2
15	57	12	1,2	1,9	5	107	208	16,6	34,5	862,5
18	71	14	1,2	1,9	5	111	228	17,2	38,5	910,3
24	103	17	1,4	1,7	5	92	168	22,2	26,2	1274,0
31	69	17	1,3	1,9	5	96	199,0	15	29,9	797,6
38	103	10	1,3	1,8	5	105	195	17,4	33,8	1528,5
35	78	11	1,2	1,7	7	125	254	15,6	40,5	787,6
41	63	9	1,3	1,9	5	123	284	12,4	35,9	287,5
43	19	93	1,4	1,7	6	107	13,2	229	30,1	767,5
44	82	11	1,2	1,9	4	127	296	13,7	40,8	1511,0
45	103	20	1,4	1,8	6	122	241	12,2	29,3	714,0
46	90	14	1,2	1,8	5	110	205	15,0	30,5	1979,0
50	66	10	1,2	1,9	5	91	190	15,8	29,8	879,7
54	84	15	1,2	1,9	4	85	240	15,1	36,3	1573,2
59	90	12	1,3	1,7	5	112	197	14,6	28,3	1445,5
62	79	10	1,3	1,9	5	106	207	13,9	28,4	1101,1
67	69	11	1,3	1,9	8	124	231	16,4	37,9	708,9
74	85	9	1,3	1,8	4	105	212	14,1	30,1	710,9
78	67	9	1,3	1,8	6	106	237	15,1	35,9	585,2
81	80	17	1,4	1,7	4	82	145	28,5	48,6	2995,2
84	74	19	1,3	1,8	4	68	97	32,5	25,1	1218,4
91	74	15	1,2	1,9	7	115	14,3	197	28,4	839,4
93	49	9	1,2	1,7	6	89	18,5	190	35,4	2731,0

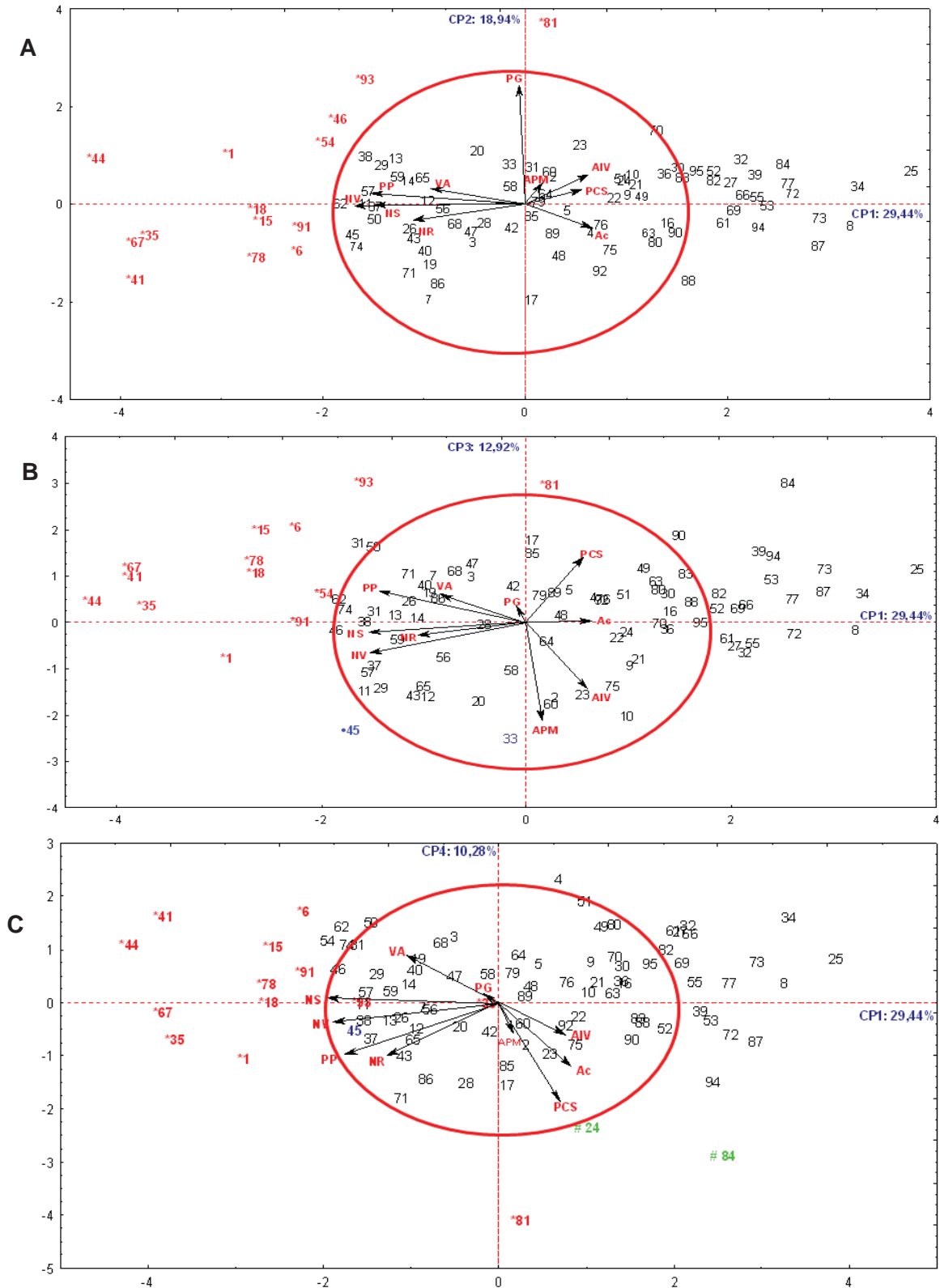


Figura 3. Gráfico biplot com dispersão dos 95 genótipos de soja em função dos componentes principais: CP1 x CP2 (A); CP1 x CP3 (B); CP1 x CP4 (C) e projeção dos vetores das variáveis: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); valor agrônômico (VA); acamamento (Ac); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS); produção de grãos por planta (PP) e produtividade de grãos (PG). (* selecionado em CP1 x CP2, • CP1 x CP3, # CP1 x CP4).

Nos três anos agrícolas foram selecionados os genótipos que se encontravam mais afastados da origem do eixo apresentando, portanto, características específicas em relação as variáveis que definiram o componente. As variáveis NS, NV, PP, NR e PG são consideradas importantes componentes de produção da soja, tendo em vista que o caráter produtividade de grãos é a principal característica abordada em um programa de melhoramento que visa o desenvolvimento de novos genótipos comerciais (FEHR, 1987). Muitos autores, dentre eles, Peluzio et al. (2005) e Alcantara Neto et al. (2011), verificaram que o caráter número de vagens por planta contribui efetivamente para o aumento da produtividade da soja, uma vez que apresenta as maiores correlações com a produção de grãos. Segundo Garcia et al. (2007), o número de grãos por planta também está diretamente relacionado com o rendimento final da soja. Em trabalho realizado por Navarro Junior e Costa (2002), com a cultura da soja, detectou-se uma expressiva relação entre a produção de grãos e o maior número de ramos, comprovando a relação entre o número de ramos e o potencial produtivo da planta, uma vez que os mesmos representam maior superfície fotossintetizante e também maior área para o surgimento de flores e conseqüentemente de vagens produtivas.

A altura da planta da soja possui grande efeito indireto sobre o número de vagens, por isso seleciona-se plantas mais altas e com altura de inserção da primeira vagem adequada, uma vez que existe uma tendência dessas plantas apresentarem maior número de vagens, e conseqüentemente serem mais produtivas (PELUZIO et al., 2005). Entretanto ao se realizar a seleção para este caráter deve-se levar em consideração a colheita mecanizada, para a qual são indicadas plantas de soja com alturas entre 60 e 120 cm (REZENDE; CARVALHO, 2007).

De acordo com Gubiani (2005), o peso de 100 sementes é um dos componentes que influenciam no rendimento da soja. Esta característica também é importante na escolha da cultivar, uma vez que a aquisição de sementes de menor peso resultará em um menor custo de produção por área no plantio, em razão do maior volume de sementes por unidade comercializada (SOUZA, 2006).

A variável NDM só foi avaliada no ultimo ano agrícola do referente estudo, mas não foi utilizada na análise de componentes principais por apresentar baixas

correlações em CP1 (-0,010) não sendo possível discriminar os genótipos, através deste caráter. Por isso, foram utilizados os dados originais na classificação dos genótipos selecionados quanto ao grupo de maturidade. Nas condições edafoclimáticas de realização desse estudo, o genótipo 15 foi o mais precoce com ciclo da planta de 117 dias, seguido dos indivíduos 1, 6, 18, 24, 41, 44, 45, 54, 78, 91 e 93 que apresentaram entre 121 a 130 dias para completar o ciclo da planta. Os genótipos 35, 46, 67, 81, 84 foram os que apresentaram maior ciclo variando entre 131 a 137 dias.

O conhecimento do número de dias para a maturidade é fundamental, uma vez que a utilização de cultivares com menor ciclo pode reduzir a incidência de pragas e doenças, principalmente quando os ataques ocorrem no final do ciclo da cultura, em função de escapes. Além disso, confere a estes genótipos a possibilidade de utilização no sistema de rotação com a cana-de-açúcar, já que para atender ao cronograma desta cultura, necessariamente, o genótipo de soja precisa apresentar ciclo de maturidade reduzido (MAURO; COSTA; PERECIN, 1999).

A análise de agrupamento foi realizada apenas com os genótipos que permaneceram após dois ciclos de seleção, ou seja, os que apresentavam melhores performances fenotípicas e que se encontravam na geração F₆ de endogamia. No dendrograma obtido (Figura 4), pode-se observar que a maioria dos genótipos discriminados pela análise de componentes principais ficou agrupada em um mesmo conjunto, indicando a semelhança entre os resultados das análises. Por isso, com base na homogeneidade existente dentro dos grupos foi viável realizar uma segunda seleção visando produtividade. Para essa finalidade, foi utilizado como critério aleatório a distância Euclidiana máxima de 2,4 entre uma progênie selecionada em componentes principais e outra pertencente ao mesmo grupo no método de agrupamento. Assim, foram selecionados os genótipos 31, 38, 43, 50, 59, 62 e 74 como os mais similares aos selecionados em componentes principais. Quanto ao número de dias para a maturidade, os genótipos com menores ciclos foram 31 (119 dias) e 50 (120 dias), seguidas pelos genótipos 43, 74 e 59 com ciclo de 123, 126 e 129 dias, respectivamente. Os genótipos com maiores ciclos de maturidade foram 62 e 38 com ciclo de 133 e 134 dias, respectivamente.

Dentre os genótipos selecionados pela análise de componentes principais para produtividade, os indivíduos 91 (CD 207) e 93 (CD 219) são cultivares comerciais, que foram utilizadas como testemunha. No dendrograma obtido essas cultivares estão agrupadas com os melhores genótipos avaliados, o que denota a eficiência e precisão dos métodos utilizados para seleção, assim como a superioridade dos genótipos discriminadas em relação as demais cultivares comerciais, indicando a necessidade de manutenção destes genótipos dentro do programa de melhoramento, os quais possuem indicativos de no futuro serem lançados como cultivares comerciais promissores.

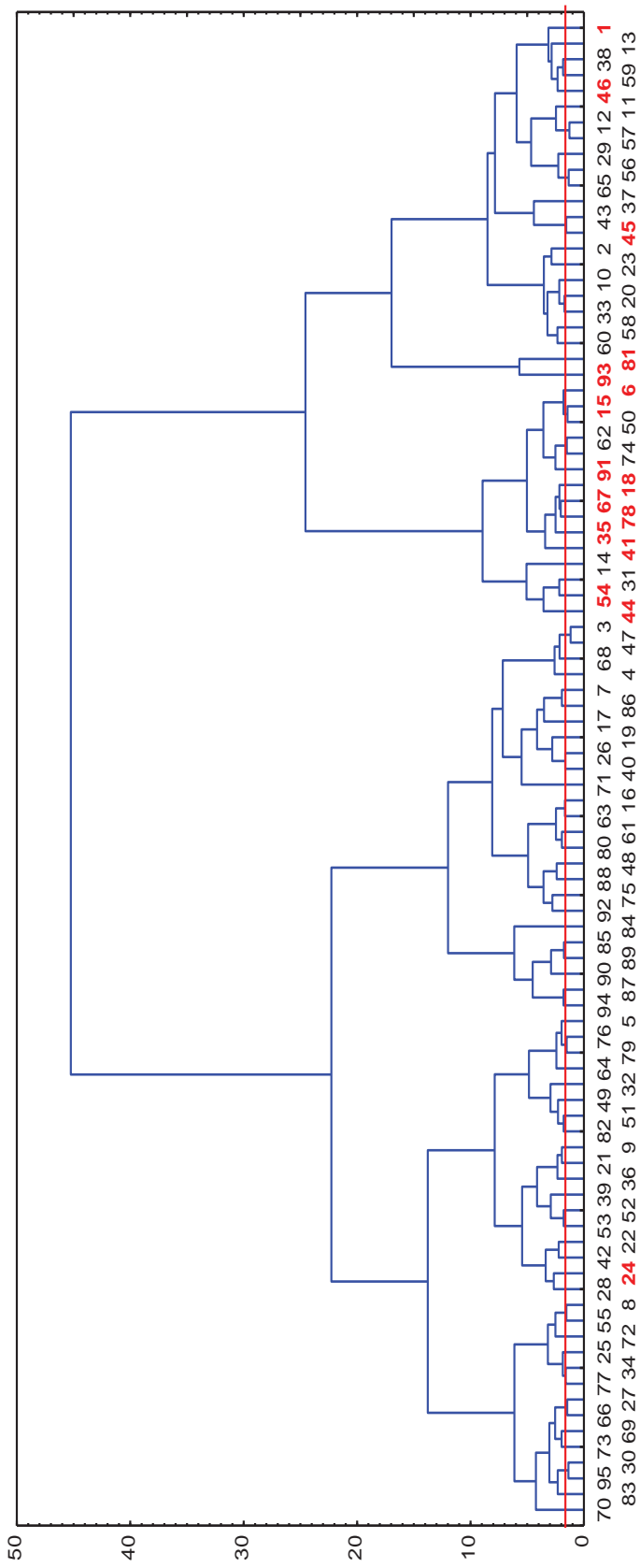


Figura 4. Dendrograma da análise de agrupamento hierárquico utilizando a distância Euclidiana e a ligação entre os grupos pelo método de Ward, para os caracteres agronômicos: altura da planta na maturidade (APM); altura da inserção da primeira vagem (AIV); valor agronômico (VA); acamamento (Ac); número de ramos (NR); número de vagens (NV); número de sementes (NS); peso de cem sementes (PCS); produção de grãos por planta (PP) e produtividade de grãos (PG). Os genótipos discriminados na análise de componentes principais encontram-se em vermelho.

Os genótipos de soja selecionados nesta fase final, além de apresentarem bons atributos agronômicos com ênfase na produtividade possuem resistência a ferrugem asiática, visto que para este caráter foram feitas seleções em gerações iniciais, em condições de casa-de-vegetação. Vale lembrar que, em um programa de melhoramento para obtenção de genótipos avançados superiores, a incorporação dessas características de resistência auxiliam na estabilização da produção e minimizam os custos relacionados ao controle, principalmente para esta importante doença. Tais medidas ainda auxiliam na sustentabilidade da cultura em função da redução do uso de defensivos durante seu cultivo (MAIA et al., 2009).

4.CONCLUSÕES

As análises multivariadas permitiram a seleção dos genótipos superiores para caracteres de importância agronômica em soja, principalmente para os componentes ligados à produção de grãos.

Os caracteres que permitiram discriminar os genótipos foram número de sementes, número de vagens, produção de grãos por planta, número de ramos, produtividade de grãos, altura da planta na maturidade e peso de cem sementes.

5.REFERÊNCIAS

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

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

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

COSTA, M. M., **Herança quali-quantitativa e marcadores moleculares para seleção assistida de genótipos de soja resistentes à ferrugem asiática**. 2008. 77f. (Doutorado em Agronomia) - Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Jaboticabal , 2008.

CRUZ, C. D. **Programa Genes: análise multivariada e simulação**. Viçosa: UFV, 2006.175p.

EMBRAPA. **Tecnologias de produção de soja-Região Central do Brasil 2011**. Sistema de Produção 14. Embrapa, Londrina, 2010, 255p.

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

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

FERRAUDO, A. S. Técnicas de análise multivariada – uma introdução. Apostila, 2010. 72p.

GARCIA, A.; PÍPOLO, A. E.; LOPES, I. O. N.; PORTUGAL, F. A. F. **Instalação da lavoura de soja: época, cultivares, espaçamento e população de plantas**. EMBRAPA, 2007. (Circular Técnica, n.51).

GUBIANI, E. I. **Crescimento e rendimento da soja em resposta a épocas de semeadura e arranjo de plantas**. 2005. 77p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia), Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2005.

HAIR, J.F.; ANDERSON, R.E.; TATHAM, R.L.; BLACK, W. **Análise Multivariada de dados**. Porto Alegre: Bookman. 2005.

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

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

LOPES, A. C. A.; VELLO, N. A.; PANDINI, F.; ROCHA, M. M.; TSUTSUMI, C. Y. Variabilidade e correlações entre caracteres em cruzamentos de soja. **Scientia Agrícola**, Piracicaba, v.59, n.2, p.341-348, 2002.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ROCHA, M. M. FONSECA JÚNIOR, N.S.; LAVORANTE, O. J.; JOSÉ BALDIN PINHEIRO, J. B.; DIAS, C. T. S.; ASSIS, G. M. L. Seleção de linhagens experimentais de soja para características agrônômicas e tolerância a insetos. **Bragantia**, Campinas, v.68, n.1, p.85-97, 2009.

MAURO DI, A. O.; COSTA, L. C.; PERECIN, D. Análises Genéticas no desenvolvimento de variedades de soja para cultivo em áreas de reforma de canalial. **Revista Ceres**, Viçosa, v.46, p.423-433, 1999.

MOITA NETO, J. M.; MOITA, G. C. Uma introdução à análise exploratória de dados multivariados. **Química Nova**, São Paulo, v.21, n.4, 1998.

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

NAVARRO JÚNIOR, H.; COSTA, J. A. Contribuição relativa dos componentes do rendimento para produção de grãos em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.3, p.269-274, 2002.

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

PELÚZIO, J.M.; FIDELIS, R. R.; GIONGO, P. R.; SILVA, J. C.; CAPPELLARI, D.; BARROS, H. B. Análise de regressão e componentes principais para estudo da

adaptabilidade e estabilidade em soja. **Scientia Agraria**, Curitiba, v.9, p.455-462, 2008.

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

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

SEDIYAMA, T.; TEIXEIRA, R.C.; REIS, M. S. Melhoramento de soja. *In*: BORÉM, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa : UFV, 1999. p.487-534.

SOUZA, E. L. **Qualidade de sementes de soja comercializadas pela cooperativa agroindustrial COPAGRIL no Paraná**. 2006. 34f. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de sementes) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2006.

STATSOFT, Inc. (2010). **STATISTICA**, versão 10. www.statsoft.com.

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

CAPÍTULO 4 – CONSIDERAÇÕES FINAIS

As análises de ganho por seleção e componentes principais foram concordantes quanto aos resultados dos genótipos selecionados, evidenciando a superioridade agronômica dos mesmos. Por serem linhagens de geração avançada de endogamia, após a conclusão do processo de seleção, poderão ser direcionadas para testes regionais em múltiplos ambientes, visando futuros lançamentos de cultivares comerciais.